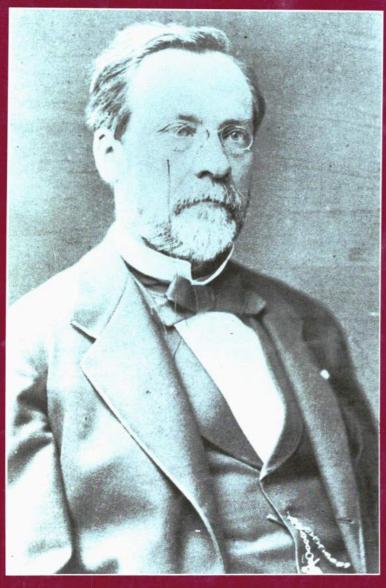
VOLUMEN 9 NUMERO 1, 2003 ISSN 0717-0246

ACTA MICROBIOLOGICA



XXV CONGRESO CHILENO DE MICROBIOLOGÍA

Dr. Juan Noé Crevani (1877 - 1947)

Antofagasta, 6 - 8 de Noviembre de 2003

RESUMENES:

Simposios

Conferencias

Trabajos de Incorporación

Presentaciones de Trabajos

Louis Pasteur

"La ciencia es el alma de la prosperidad de los pueblos y la fuente viva de todo progreso"

Publicación Oficial de La Asociación Chilena de Microbiología Santiago - Chile

MARCELA WILKENS A.

XXV CONGRESO CHILENO DE MICROBIOLOGÍA Antofagasta, 6,7 y 8 de Noviembre 2003 PROGRAMACION

-	,			,								
SABADO 8 DE NOVIEMBRE		Conferencia 6. Gran Salón	Café. Visitas Stands Sector Terraza-Piscina	Simposio 4. Gran Salón Simposio 5. Salón Baquedano.	Acto de Clausura y Premiación. Gran Salón.	Almuerzo de camaradería (Por adhesión).	Tour por la ciudad de Antofagasta (Gratuito).					
S		10:00-11:00	11:00-11:30	11:30-13:00	13:15	13:45	15:30					
VIERNES 7 DE NOVIEMBRE	Conferencia 3. Gran Salón.	Café. Visitas Stands Sector Terraza-Piscina.	Simposio 3. Gran Salón	Conferencia 4. Gran Salón.	Almuerzo. Salón Baquedano	Sesión Posters IV, V y VI. Sector Terraza-Piscina	Café. Visitas Stands Sector Terraza-Piscina	Conferencia 5. Gran Salón	Incorporaciones. Gran Salón.	Asamblea de Socios. Gran Salón.		Peña Folklórica -Bailable Gran Salón
VIE	9:00-10:00	10:00-10:30	10:30-12:00	12:00-13:00	13:15-14:30	14:30-16:00	16:00-16:30	16:30-17:00	17:00-19:00	19:00-20:00		21:30
JUEVES 6 DE NOVIEMBRE	9:00-11:00 Inscripciones. Salón Baquedano	11:00-13:00 Simposio 1. Gran Salón.			Almuerzo. Salón Baquedano	14:30-16:00 Sesión Posters I, II y III. Sector Terraza-Piscina	16:00-16:30 Café. Visitas Stands Sector Terraza-Piscina	16:30-17:15 Conferencia 1. Gran Salón. Conferencia 2. Gran Salón	17:15-18:45 Simposio 2. Gran Salón.	19:00.20:00 Acto Inaugural. Gran Salón	Cóctel de Bienvenida. Salón Baquedano - Terraza Piscina	
UC	9:00-11:00	11:00-13:00			13:15-14:30	14:30-16:00	16:00-16:30	16:30-17:15	17:15-18:45	19:00.20:00	20:00	



XXV CONGRESO CHILENO DE MICROBIOLOGIA

"Dr. Juan Noé Crevani (1877 – 1947)"

6, 7 y 8 de Noviembre de 2003

Hotel Antofagasta, Antofagasta, Chile

Comité Científico

Hernán Sagua F. (Presidente)
Carlos Riquelme S.
Jorge Araya R.
Nelson Herrera A.
Michael Seeger P.
Heriberto Fernández J.
Carlos González C.

Comité Organizador

Juan Silva A. (Presidente)
Jorge González C. (Vice Presidente)
Carmen Aravena M. (Secretaria)
Catherine Lizama J. (Tesorera)
Rodolfo Urdanivia P. (Director)
Benito Gómez S. (Director)

Antofagasta, puerta del desierto, ventana al mar...

PATROCINIO

UNIVERSIDAD DE ANTOFAGASTA AMERICAN SOCIETY FOR MICROBIOLGY NASA MINERA ESCONDIDA LIMITADA

AUSPICIO

DEPARTAMENTO TECNOLOGIA MEDICA
PROGRAMA DE MAGISTER EN CIENCIAS BIOMEDICA
FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD
DIRECCION DE EXTENSION Y COMUNICACIONES
CREA-Proyecto MECESUP Ant 0003
UNIVERSIDAD DE ANTOFAGASTA

ISAPRE NORMEDICA
ARQUIMED
CIENTEC
LINSAN
MEDICATEC
MERCK QUÍMICA CHILENA
PROMEDAR
P.V. EQUIP
SUDELAB

JUEVES 6 DE NOVIEMBRE DE 2003

09:00 - 11:00 Inscripciones en Secretaría del Congreso. Salón Baquedano.

11:00 - 13:00 SIMPOSIO 1: Aspectos celulares y moleculares de la biología de los microorganismos. Gran Salón.

LA INTERACCIÓN DE Salmonella CON SU CÉLULA HUÉSPED. (The interaction of Salmonella with it host cell).

Galan, JE

Section of Microbial Pathogenesis, Boyer Center for Molecular Medicine, Yale School of Medicine, New Haven, CT06536, USA. jorge.galan@yale.edu

EXPORTACIÓN DEL ANTÍGENO O DEL LIPOPOLISÁCARIDO.

(Export of O specific lipopolysaccharide).

Valvano, MA.

Departament of Microbiology and Immunology. University of Western Ontario, Canada. (mvlvano@uwo.ca)

COMPORTAMIENTO PRIÓNICO in vivo E in vitro DE LA MICROCINA E492. (Microcin E492 behaves as a prion in vivo and in vitro).

Lagos R., Baeza M, Strahsburger E, Hertz C, Soto C y Monasterio O.

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Chile. (rolagos@uchile.cl)

Coordinador: Dr. Jorge Araya Rojas

13:15 Almuerzo. Salón Baquedano.

14:30 - 16:00 SESIÓN DE POSTERS I, II, III. Sector Terraza-Piscina.

Coordinadora: Dra. Catherine Lizama Jimenéz

16:30 - 17:15 CONFERENCIA 1. Gran Salón.

PROBIOTICS - FACTS OR FICTION?

Möllby, R.

Karolinska Institutet, MTC, Stockholm, Sweden.(roland.mollby@mtc.ki.se)

CONFERENCIA 2. Gran Salón.

GENÓMICA Y METABOLISMO DE MICROORGANISMOS BIOLIXIVIANTES.

Holmes D.

Laboratorio de Bioinformática y Biología Genómica, USACH, Santiago, Chile.

17:15 - 18:45 SIMPOSIO 2. Vida en ambientes extremos. Gran Salón.

ASTROBIOLOGY.

Mckay, Ch P.

Space Science Division, NASA Ames Research Center, Moffett Field, CA 94035, USA. (cmckay@mail.arc.nasa.gov).

MARS-LIKE SOILS IN THE ATACAMA DESERT, CHILE.

Navarro-González R.¹, Rainer FA.², Molina P.¹, Bagaley DR.², Hollen BJ.², de la Rosa J.¹, Small AM.², Quinn RC, Grunthaner FJ.⁴, Cáceres L.⁵, Gomez-Silva B.⁶, Mckay Ch P⁷.

1. Laboratorio de Química de Plasmas y Estudios Planetarios , Instituto de Ciencias Nucleares, Universidad Nacional Autónoma de México, Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Apartado Postal 70-543, México D.F. 04510, México; 2. Department of Biological Science, 202 Life Science Building, Louisiana State University, Baton Rouge, LA 70803,USA; 3. SETI Institute, NASA Ames Research Center, Moffett Field, CA 94035-1000, USA; 4. Jet Propulsion Laboratory, Pasadena CA, 91109, USA; 5. Instituto del Desierto y Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de Antofagasta, PO BOX 170, Antofagasta, Chile; 6. Instituto del Desierto y Unidad de Bioquímica, Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, PO BOX 170, Antofagasta, Chile; and 7. Space Science Division, NASA Ames Research Center, Moffett Field, CA 94035-1000, USA.

MICROBIOLOGY OF EXTREME ARID SOILS. (Microbiología de suelos áridos extremos).

Rainey, FA.

Department of Biological Science, Louisiana State University, Baton Rouge, LA 70803,USA (frainey@lsu.edu)

Coordinador: Dr. Benito Gómez-Silva.

19:00 - 20:00 ACTO INAUGURAL. Gran Salón.

PALABRAS DE BIENVENIDA.

Ingeniero Pedro Córdova Mena

Rector de la Universidad de Antofagasta

HOMENAJE A DR. JUAN NOÉ CREVANI, 1877-1947. (Homage to Dr. Juan Noé Crevani, 1877-1947).

Dr. Juan Silva Avalos

Presidente Comité Organizador XXV Congreso Chileno de Microbiología.

INAUGURACIÓN DEL CONGRESO.

Dra. Inés Contreras

Presidenta de la Asociación Chilena de Microbiología.

CONFERENCIA INAUGURAL:

BIOTERRORISMO.

Dr. Walter Ledermann

Unidad de Segunda Infancia, Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, Santiago, Chile. (nmayor11@hot mail.com).

CÓCTEL DE BIENVENIDA. Sector Terraza-Piscina.

VIERNES 7 DE NOVIEMBRE DE 2003

09:00 - 10:00 CONFERENCIA 3. Gran Salón.

MECANISMOS DE VIRULENCIA BACTERIANOS SISTEMAS DE SECRECIÓN TIPO III.

Galan, JE.

Section of Microbial Pathogenesis, Boyer Center for Molecular Medicine, Yale School of Medicine, New Haven, CT06536, USA. jorge.galan@yale.edu

10:00 - 10:30 Café. Stands Laboratorios. Sector Terraza-Piscina.

10:30 - 12:00 SIMPOSIO 3: Epidemiología de la Resistencia a los Antibacterianos. Gran Salón.

ENTEROCOCCAL RESISTANCE IN ENVIRONMENT AND MAN. (Resistencia de enterococcos en el medio ambiente y en humanos).

Möllby R, Kühn I, Iversen A.

Karolinska Institutet, MTC, Stockholm, Sweden.(roland.mollby@mtc.ki.se)

RESISTENCIA BACTERIANA FENOTÍPICA A LOS AGENTES ANTIBACTERIANOS.

Zemelman, R.

Facultad de Ciencias y Tecnología, Universidad San Sebastián, Concepción, Chile.(rzemelman@uss.cl).

RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN BACTERIAS GRAM NEGATIVAS AMBIENTALES. (Antibiotic resistance among environmental Gram-negative bacteria).

González-Rocha G.

Grupo de Investigación en Resistencia a Antibióticos (GIRA). Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción, Concepción, Chile.(ggonzal@udec.cl)

Coordinador: Dr. Juan Silva Avalos

12:00 - 13:00 CONFERENCIA 4. Gran Salón.

Bulkholderia cepacia: UN PATÓGENO OPORTUNISTA. (Bulkholderia cepacia: an opportunistic pathogen).

Valvano, MA.

Department of Microbiology and Immunology. University of Western Ontario, Canada.(mvlvano@uwo.ca)

13:15 Almuerzo. Salón Baquedano.

14:30 - 16:00 SESIÓN DE POSTERS IV, V, VI. Sector Terraza-Piscina. Coordinador: Rodolfo Urdanivia Porcel.

16:00 - 16:30 Café. Vistas Stands de Laboratorios. Sector Terraza-Piscina.

16:30 - 17:00 CONFERENCIA 5. Gran Salón.

INGRESO DE CHILE A LA UNIÓN EUROPEA: UNA OPORTUNIDAD PARA LA INVESTIGACIÓN EN EL ÁREA DE LOS ALIMENTOS.

Figueroa, G.

Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile, Santiago, Chile. gfiguero@uchile.cl

17:00 - 19:00 PRESENTACIÓN TRABAJOS DE INCORPORACIÓN. Gran Salón.

19:00 - 20:00 ASAMBLEA DE SOCIOS. Gran Salón.

22:00 PEÑA FOLKLÓRICA – BAILABLE. Gran Salón.

SÁBADO 8 DE NOVIEMBRE DE 2003

10:00 - 11:00 CONFERENCIA 6. Gran Salón.

ATRAPADOS EN LA RED: GENÓMICA FUNCIONAL DE LA DIVISIÓN CELULAR.

Álvarez J, Ferrero L, Mingorance J, Vicente M.

Centro Nacional de Biotecnología, CSIC, Campus de Cantoblanco 28049 Madrid, España.

- 11:00 11:30 Café. Vistas Stands Laboratorios. Sector Terraza-Piscina.
- 11:30 13:00 SIMPOSIO 4: Ecología microbiana y ambiental. Gran Salón

ACTIVIDADES MICROBIANAS EN LOS CICLOS OCEÁNICOS DEL AZUFRE Y DEL CARBONO ESTUDIADAS DESDE SATÉLITES. (Microbial activities in the oceanic sulfur and carbon cycles studied by remote sensing).

Simó R.(a), Vallina, S.(a), Dachs, J.(b) y Pedrós-Alió, C.(a)

Institut de Ciències del Mar (a) o Institut d'Investigación i Desenvolupament.(b), CSIC, Barcelona, España. (cpedros@icm.csic.es)

THE USE OF MULTICOLOR IMAGE ANAL YSIS TOOLS FOR THE STUDY OF MICROBIAL COMMUNITIES.

Ogawa, M.

Genome Information Research Center, Osaka. Suita, Osaka 565-0871 Japan.

OPTIMIZACIÓN DEL CULTIVO DE MOLUSCOS MEDIANTE EL USO DE MICROORGANISMOS MARINOS. (Optimization of mollusk culture by the use of marine microorganisms).

Riquelme C, Rojas A, Silva F, Araya R, Avendaño R, Zapata M, Infante C, Lody M. Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Acuicultura, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile. (criquelme@uantof.cl)

Coordinador: Dr. Carlos Riquelme Salamanca.

SIMPOSIO 5. Traducción de señales en Trypanosoma cruzi. Salón Baquedano.

MECHANISMS OF INFECTION BY Trypanosoma cruzi.

Yoshida, N.

Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Escola Paulista de Medicina, Universidade Federal de Sao Paulo.

ESTUDIOS SOBRE EL CONTROL DEL CICLO CELULAR DE Trypanosoma cruzi.

Téllez-Iñon, MT.

INGEBI-CONICET; CFE y N-UBA. Vta Obligado 2490, 2do. Piso 1428. Buenos Aires, Argentina.(mtellez@dna.uba.ar)

PAPEL DE LA FOSFATASA 2A EN EL REMODELAMIENTO DE *Trypanosoma cruzi*. (Role of protein phosphatase 2Ain *Trypanosoma cruzi* remodeling).

González, J.

13:15

Unidad de Parasitología, Departamento de Tecnología Médica, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.(jgonzalez@uantof.cl)

Coordinador: Dr. Jorge González Cortes.

ACTO DE CLAUSURA Y PREMIACIÓN. Gran Salón.

- 13:45 Almuerzo de Camaradería. Inscripciones en Secretaría. (Por adhesión).
- 15:30 Tour por la ciudad de Antofagasta, Inscripciones en Secretaría. (Gratuito).

PROGRAMA DE TRABAJOS DE INCORPORACIÓN

VIERNES 7 DE NOVIEMBRE DE 2003

17:00 - 19:00 PRESENTACIÓN TRABAJOS DE INCORPORACIÓN
Gran Salón.

1. UTILIZACIÓN DE LA HIBRIDACIÓN IN SITU EN LA IDENTIFICACIÓN Y RECUENTO ESPECÍFICO DE LA FLORA BACTERIANA ADHERENTE A VIDRIO DEL SALAR DE COPOSA (I REGIÓN). Fluorescent in situ hibridization in specific count and identification of bacterian biofilms formed on glass in Coposa Saltlake (I Región Chile). González C. y Cotoras D.

Universidad. Arturo Prat, Iquique y Universidad de Chile. nancaguino@hotmail.com

- 2. ACTIVIDAD CROMO-REDUCTORA DE UNA UNA BIOPELICULA DE Serratia marcescens AISLADA DESDE UN EFLUENTE DE CURTIEMBRE (Activity chromate reducing by biofilm Serratia marcescens isolated from tannery effluent)

 Moraga R. (1), Mondaca M.A., Campos V. (2), Zaror C. (3), Yañes J. (4), Dpto. Cs. del Mar (1), U. Arturo Prat. Dpto. Microbiología (2), Fac. Cs. Biológicas. Dpto. Ingeniería Química (3), Fac. Ingeniería. Dpto. Química Analítica e Inorgánica (4), Fac. Cs. Químicas. U. de Concepción. Email: rmoraga m@hotmail.com. Fono: 57-394521. Fax: 57-380393.
- 3. UTILIZACIÓN DE MÉTODOS MOLECULARES PARA LA IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DEL PATÓGENO DE PECES Tenacibaculum maritimum Avendaño-Herrera R., Magariños B, Romalde JL, Toranzo AE.

 Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Biología & Instituto de Acuicultura. Universidad de Santiago. 15782 Santiago de Compostela, España.
- 4. ANÁLISIS DE FACTORES MICROBIOLÓGICOS QUE PARTICIPAN EN EL CONTROL DE LA CONCENTRACIÓN, DISTRIBUCIÓN EN ESPECIES Y MOVILIDAD DEL ARSÉNICO (AS) EN AGUAS SUPERFICIALES DE LA REGIÓN DE ANTOFAGASTA. Demergasso C¹, Escudero L¹, Galleguillos P¹, Zepeda V¹, Chong G².
- 1. Laboratorio de Microbiología Técnica, Departamento de Química, Universidad Católica del Norte, Avda. Angamos 0610, Antofagasta, Chile; cdemerga@ucn.cl. 2. Departamento de Ciencias Geológicas, Universidad Católica del Norte. Antofagasta, Chile .gchong@ucn.cl
- 5. AISLAMIENTO, EVALUACIÓN COMPARARTIVA DE LA EFECTIVIDAD DE INOCULACIÓN DE CEPAS DE Azotobacter sp Y FERTILIZACIÓN QUÍMICA EN CULTIVO DE "PAPA" (Solanum tuberosum var perriccholi) EN LA ESTACION EXPERIMENTAL ANDENES INIA CUZCO. Isolation, comparative evaluation of the effectiveness of inoculation of stumps of Azotobacter sp and chemical fertilization in cultivation of "potato" (Solanum tuberosum var perricholi) in the station experimental Andenes INIA Cusco.

Flores D, Mamani F, Lastra G.

Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco – Perú. darielaflores@hotmail.com, franklinguillen@hotmail.com, lastragy@hotmail.com

6. ANÁLISIS FUNCIONAL DE WbaP, ENZIMA ESENCIAL PARA LA SÍNTESIS DE ANTÍGENO O EN Salmonella (Functional analysis of WbaP an essential enzyme for the synthesis of the O-antigen in Salmonella) ¹Saldías, S., ¹Bittner, M., ¹Contreras, I. y ²Valvano M. ¹Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. ²Department of Microbiology and Immunology, University of Western Ontario, London, Ontario, C

PROGRAMA DE SESIONES DE POSTERS

Jueves 6 de Noviembre de 2003

14:30 – 16:00 HORAS SESION DE POSTERS I, II, III. Coordinadora Dra Catherine Lizama J.

SESION DE POSTERS I : Ecología Microbiana, Microbiología Molecular, Helicobacterpylori.

Presidente : Michael Seeger Secretario : Apolinaria García

- 1. PRODUCCIÓN DE METABOLITOS SECUNDARIOS CON ACTIVIDAD BIOLÓGICA EN BACTERIAS AISLADAS DE ORGANISMOS MARINOS. (Production of secondary metabolites with biological activity in isolated bacterial of marine organisms).

 Fernández C, Villanueva J, San Martín A, Rovirosa J. clfernandez@udec.cl. Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Casilla 653, Santiago, Chile.
- 2. BACTERIAS MARINAS AUTÓCTONAS CON ACTIVIDAD INHIBITORIA SOBRE HONGOS OSCUROS Y HIALINOS. (Native seawater bacterial strains with inhibitory activity against dematiaceous and hyaline fungi). García-Quintana H.G., Mancilla C., Mansilla A., Zaror L. y Leiva S. Inst. Microbiología, Fac. Ciencias e Inst. Microbiología Clínica, Fac. Medicina; Casilla 567, Universidad Austral de Chile, Valdivia. hgarcia.@uach.cl
- 3. DESARROLLO DE BIOPELÍCULAS MICROALGA-BACTERIA ESTIMULADORAS DEL ASENTAMIENTO DE A. purpuratus EN SUSTRATOS ARTIFICIAL. (Development of microalgae-bacteria biofilms slimulating of the settlement of A. purpuratus on artificial susbtrate) Lody, M.¹, Leyton, Y.¹, Riquelme, C.¹, Araya, R.¹
 Universidad de Antofagasta, Facultad Recursos del Mar, Laboratorio de ecología Microbiana (LEM)¹. criquelme@uantof.cl
 - 4. BACTERIOPLANCTON Y SU RELACIÓN CON LA TEMPERATURA Y BIOMASA PIGMENTARIA EN UN ÁREA DE SURGENCIA FRENTE A LAS COSTAS DE IQUIQUE. Santander E. y López F. Departamento de Ciencias del Mar, Universidad Arturo Prat; esantan@unap.cl.
- 5. OPTIMIZACIÓN DEL ASENTAMIENTO LARVAL DE Argopecten purpuratus MEDIANTE PRODUCTOS EXTRACELULARES DE MICROORGANISMOS MARINOS. (Optimization of larvae settlement of A. purpuratus using extracellular products of marine microorganism)

Silva F, Infante CD y Riquelme C. Laboratorio de Ecología Microbiana, Universidad de Antofagasta, Avenida Jaime Guzmán s/n, Antofagasta, Chile. e-mail: probiot@uantof.cl

- 6. INHIBICIÓN DE LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS MICROALGALES POR BACTERIAS MARINAS (Inhibition of microalgal biofilms by marine bacteria). Tapia, C; Riquelme, C. (criquelme@uantof.cl) Laboratorio de Ecología Microbiana. Universidad de Antofagasta.
 - 7. EFECTO DE LA OXITETRACICLINA EN LAS COMUNIDADES BACTERIANAS DE SEDIMENTOS BAJO LOS CENTROS DE CULTIVOS DE SALMONIDOS. (Effect of the oxytetracycline in the bacterial community of the sediments under salmons farm). Valenzuela, C¹, Mondaca, M. A.¹ Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias. Biológicas, Universidad de Concepción. Casilla 160-C E-mail: crvalenz@udec.cl
- X 8. AISLAMIENTO DE HONGOS MARINOS PRODUCTORES DE COMPUESTOS ANTIBACTERIANOS (Isolation of marine fungi which produce antibacterial compounds). Zaldívar, M.¹, López L.¹, Barrales. I.², San Martín A². Universidad de Chile, ¹Fac Ciencias Químicas y Farmacéuticas, ²Facultad de Ciencias. (mzaldiva@uchile.cl)
- Y 9. DETECCIÓN DE BIOPELICULAS BACTERIANAS MARINAS INHIBIDORAS DEL ASENTAMIENTO LARVAL DE Ciona intestinalis. (Marine bacterial biofilm inhibitory of Ciona intestinalis) larval settlement).

Zapata M.¹, Riffo C.¹, Luza Y.¹, Clarke M.² y Riquelme C.¹

¹ Laboratorio de Ecología Microbiana, Universidad de Antofagasta, Chile.

² Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Universidad de Antofagasta, Chile.

E-mail: microal@uantof.cl

- X 10. INHIBICIÓN IN VITRO DE Helicobacter pylori POR EXTRACTOS DE MATICO Y LLANTÉN (In vitro inhibitory activity of "matico" and "llantén" extracts over H. pylori strains). Adriazola P., Morales ME., Figueroa G. Lab. Microbiología, INTA, Universidad de Chile.
 - 11. ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE LIPOPOLISACARIDOS DE CEPAS DE Helicobacter pylori SOBRE MUCOSA GÁSTRICA DE RATÓN. ANÁLISIS HISTOPATOLÓGICO (Biological activity of lipopolysaccharide from Helicobacter pylori strains upon mice gastric mucouse. Histopathological analysis). ¹García A., ¹Quilodrán S., ²Delgado C., ¹González C. y ³Kawaguchi F. ¹Depto. Microbiología, Fac. Ciencias Biológicas. ²Depto. Especialidades y ³Depto. Medicina Interna, Facultad de Medicina. Universidad de Concepción. apgarcia@udec.cl
 - 12. VIGILANCIA EPIDEMIOLOGICA DE LA RESISTENCIA EN Helicobacter pylori: DETECCIÓN DE CEPAS CON RESISTENCIA TRANSITORIA A AMOXICILINA (Antibiotic resistance surveillance among Helicobacter pylori: Isolation of strains with transient resistance to amoxicillin). ¹González C., ¹García A., Rivera N. y ^{2,3}Kawaguchi F. ¹Depto. Microbiología, Fac. Ciencias Biológicas. ²Depto. Medicina Interna, Fac. Medicina. Universidad de Concepción. ³Hospital del Trabajador (ACHS) de Concepción.
 - 13. UTILIZACIÓN DEL CARBOXILO TERMINAL DEL PRECURSOR DE LA TOXINA VacA DE Helicobacter Pylori COMO PRESENTADOR DE LA PROTEÍNA HpaA DE H. pylori EN LA SUPERFICIE DE Escherichia coli. (Use the carboxi-terminal precursor domain from Helicobacter pylori VacA toxin as carrier to present the HpaA protein on the surface of E. coli cells). Martínez P. y Venegas A. Depto. Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias

- Biológicas, P. Universidad Católica de Chile, Alameda 340, Santiago. e-mail: pmartine@genes.bio.puc.cl.
- 14. PERFIL GENETICO Y FENOTIPICO DE CEPAS DE Helicobacter pylori AISLADAS EN SAN LUIS-ARGENTINA. (Genetic and fenotipic profiles of strains of H. pylori isolates in San Luis-Argentina).

Mattana C, Escobar F, Vega A, Sabini L. Microbiología. UNSL. Virología. UNRC. San Luis, Argentina. cmmattan@unsl.edu.ar

15. CLONAMIENTO DEL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO IV DE HELICOBACTER PYLORI J99 Y SU EXPRESIÓN EN ESCHERICHIA COLI. (Cloning of the H. PYLORI type IV secretion system and expression in E. COLI.)

Palacios JL., Venegas A.

Departamento de Genética Molecular y Microbiología, P. Universidad Católica de Chile. jpalacio@puc.cl

- 16. ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE Larrea divaricata EN CEPAS DE Helicobacter pylori. (Antimocrobial Activity of Larrea divaricata on Helicobacter pylori Strains). Vega AE¹., Davicino R²., Stege PW¹., Casali Y²., Micalizzi B². Area Microbiología. Area Bromatología y Ensayo y Valoración de Medicamentos. UNSL. Chacabuco y Pedernera. 5700. San Luis. E-mail: aevega@unsl.edu.ar.
- 17. EL GENOTIPO s1b m1 DE vacA DE CEPAS CHILENAS DE Helicobacter pylori TIENE UNA DISTRIBUCIÓN PREFERENCIAL EN PACIENTES DE CIUDADES AL NORTE DE SANTIAGO MIENTRAS QUE LA DISTRIBUCIÓN DE ALTERACIONES DEL GEN cagA ES GEOGRÁFICAMENTE DISPERSA. (The s1bm1 vacA genotype from Chilean H. pylori strains has a biased distribution in infected patients from cities located Northern to Santiago, whereas the alterations of cagA have a scattered geographic distribution). Venegas, A, Diaz, M.I, Valdivia, A, Palacios J.L, Martínez, P, Harris, P. Facultades de Ciencias Biológicas y Medicina, Pontificia Universidad Católica. Alameda 340, Santiago. avenegas@genes.bio.puc.cl.
- 18. RESISTENCIA A TELURITO DE POTASIO (K₂TeO₃) EN Escherichia coli: PARTICIPACION DE DOS METILTRANFERASAS DE Geobacillus stearothermophilus V EN EL PROCESO. (Resistance to potassium tellurite in Escherichia coli: participation of two methyltranferases from Geobacillus stearothermophilus V in the process). Araya M.A., Tantaleán J.C., Saavedra C., Fuentes D., Calderón I., Pérez J.M., Navarro C. and Vásquez C. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile).
- 19. CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE UN NUEVO SISTEMA INVOLUCRADO EN EL TRANSPORTE DE ADENOSINA EN Salmonella typhi. (Functional characterization of a new system involved in adenosine transport present in Salmonella typhi). Bucarey S, Trombert N y Mora G. Unidad de Microbiología, Facultad de Ciencias Biologicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. sabucare@puc.cl.
- 20. ESCISIÓN PRECISA DE LA ISLA MAYOR DE PATOGENICIDAD DE Salmonella enterica sv. TYPHI (Precise excision of the large pathogenicity island of Salmonella enterica serovar Typhi). Bueno S.¹, Fuentes J.², Trombert N.², Murillo A.², Youderian P.³ y Mora G.² ICBM, U. de Chile¹, Laboratorio de Microbiología, Facultad de Cs. Biológicas, P.Universidad Católica de Chile² y Department of Biology, Texas A&M University³. E-mail: su_bueno@yahoo.com

- 21. ROL DE LAS BOMBAS SMR DE Salmonella typhimurium EN EL EFLUJO DE TÓXICOS Y SU EVENTUAL PARTICIPACIÓN EN COMPLEJOS MULTIPROTEICOS. (Role of the SMR pumps of Salmonella typhimurium in the efflux of toxic substances and their eventual participation in multiprotein complexes). Calderón I., Navarro C., Fuentes D., Pérez J.M, Rojas D., Araya M., Saavedra C., y Vásquez C. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
- 22. EXPRESIÓN DEL ANTÍGENO PORA DE Neisseria meningitidis EN LA CEPA VACUNA Salmonella enterica SEROVAR TYPHIMURIUM χ4550 Y EVALUACIÓN DE RESPUESTA INMUNE EN RATONES VACUNADOS ORALMENTE. (Expression of the Neisseria meningitidis PorA antigen in S. enterica serovar Typhimurium and evaluation of the immune response in oral vaccined mice). Canales A.¹; Bruce E.¹; García V.¹; Vásquez A.², Maldonado A.² & Venegas¹ A.¹ Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad Ciencias Biológicas. P. Universidad Católica de Chile. Alameda 340. Santiago. ¹Instituto de Salud Pública, Marathón 1000, Santiago.
- 23. REGULACIÓN FASE-DEPENDIENTE DE RfaH, UN ACTIVADOR DE LA SÍNTESIS DEL LIPOPOLISACÁRIDO EN Salmonella enterica SEROVAR TYPHI. (Growth-dependent regulation of RfaH, an activator of lipopolysaccharide synthesis in Salmonella enterica Serovar Typhi). Carter J., Bittner M., Zaldívar M. y Contreras I. Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. javjacar@icaro.dic.uchile.cl
- 24. LOS FACTORES SIGMA RPOS Y RPON PARTICIPAN EN LA REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL DE rfaH Y EN LA EXPRESIÓN DEL ANTÍGENO O EN Salmonella enterica SEROVAR TYPHI (RpoS and RpoN are involved in the regulation of rfaH transcription and O antigen expression in Salmonella enterica Serovar Typhi). Bittner M., Saldías S., Altamirano F. y Contreras I. Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.
- 25. REGULACIÓN DE LA EXPRESIÓN TRADUCCIONAL DE LOS PRODUCTOS GÉNICOS IMPLICADOS EN LA INMUNIDAD Y MADURACIÓN DE LA MICROCINA E492 (Regulation of the translational expression of the genetic products involved in immunity and maturation of microcin E492). Corsini G.*, Mercado G. y Lagos R. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. gcorsini@codon.ciencias.uchile.cl
- 26. CARACTERIZACION MOLECULAR DE Flavobacterium psychrophilum MEDIANTE ANALISIS DE ADN PLASMIDIAL (Molecular characterization of Flavobacterium psychrophilum by plasmid DNA analysis).
- Collado L., Ortiz E., Mancilla M., Bustamante F., Romero A. y Farías C. Laboratorio de Biotecnología e Inmunología Acuática, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia. cfarias@uach.cl.
- 27. MUTAGÉNESIS DIRIGIDA EN EL LOOP 4 DE PORA DE Neisseria meningitidis SUGIERE LA PARTICIPACIÓN DE UNA HISTIDINA EN LISIS BACTERIANA POR EXPRESIÓN HETERÓLOGA EN Escherichia coli. (Site-directed mutagenesis on Neisseria meningitidis por loop 4 suggests an histidine involved in bacterial lysis after Por leterologous expression in Escherichia coli). Escudero C., Bruce E., Venegas A. Departamento Genética Molecular y Microbiología. P. Universidad Católica de Chile. Alameda 340. Santiago. caescude@puc.cl.

- 28. ANÁLISIS DEL POSIBLE ROL DE LA ENTEROTOXINA SHET-2 COMO PROTEÍNA EFECTORA DEL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO III EN Shigella flexneri. (Analysis of possible role of ShET-2 enterotoxin as effector protein of type III secretion system in Shigella flexneri). Farfán M.¹, Toro C.¹, Prado V.¹, Sui B.² & Nataro J.²¹Programa de Microbiología, Facultad de Medicina, ICBM, Universidad de Chile. ²Center for Vaccine Development, School of Medicine, University of Maryland. mfarfar@machi.med.uchile.cl
- 29. BACTERIAS LÁCTICAS RECOMBINANTES QUE EXPRESAN hITF PROMUEVEN LA MIGRACIÓN EPITELIAL. (Recombinant lactic bacterias expressing hTFF3 promote epithelial migration). Frías J.R. (1), Núñez H (1), Hebert EM (2), Raya R (2), Gotteland M (1). (1) Unidad de Gastroenterología, INTA, Universidad de Chile. (2) CERELA, Tucumán, Argentina. jfrias@inta.cl; mgottela@inta.cl
- 30. INTEGRONES Y RESISTENCIA A ANTIBIOTICOS EN CEPAS DE Escherichia coli AISLADAS DE INFECCIONES DEL TRACTO URINARIO (ITU) ADQUIRIDAS EN LA COMUNIDAD (Integrons and antibiotic resistance among E. coli strains isolated from community acquired urinary tract infections).

Díaz P.¹, González G.¹, Salas A.¹, Bello H.¹, Domínguez M.¹, Mella S.², Zemelman R.³¹Depto. Microbiología. Fac. Ciencias Biológicas. ²Depto. Medicina Interna. Fac. de Medicina. U. Concepción. ³Facultad de Cs y Tecnología. U. San Sebastián. Concepción. ggonzal@udec.cl

31. LA ESPECIFICIDAD DE LA PROTEÍNA WZX DEPENDE DEL PRIMER AZÚCAR DE LA SUBUNIDAD DEL ANTÍGENO O. (Wzx specificity depends on the first sugar of the O antigen subunit).

Marolda C. Vicarioli J., Saldías M.S. y Valvano M.A. Department of Microbiology and Immunology. University of Western Ontario, Canada. (cmarolda@uwo.ca)

32. CLONAMIENTO Y EXPRESIÓN DEL REGULADOR TRANSCRIPCIONAL SmvR DE Salmonella enterica sv. Typhimurium (Cloning and expression of the Salmonella Typhimurium SmvR transcriptional regulator).

Rodas, P., Santiviago, C. y Mora, G., Unidad de Microbiología, Facultad de Cs. Biológicas, P.Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. E-mail: aldustaria@yahoo.com.mx



- 33. EL REPRESOR SmvR REGULA LA EXPRESIÓN DE LA BOMBA DE EFLUJO SmvA EN Salmonella enterica sv. Typhimurium (The SmvR repressor regulates the expression of the SmvA multidrug efflux pump in Salmonella Typhimurium).
- Santiviago C., Rodas P. y Mora G., Unidad de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, P.Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. E-mail: csantivi@puc.cl
- 34. ANÁLISIS MOLECULAR DEL SISTEMA DE EXPORTACIÓN DE LA MICROCINA E492 Y DE LA COLICINA V (Molecular analysis of the exporter system of microcin E492 and colicin V) Tello, M.*, Castillo J.A., Arbildua J.J., Monasterio O. y R. Lagos. Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. * mcg_tello@hotmail.com
- 35. ESTUDIO DE LA FUNCIONALIDAD DE LOS GENES REGULADORES tfd EN Ralstonia eutropha JMP134(pJP4). (Study of the functionality of tfd genes regulators in Ralstonia eutropha JMP134(pJP4)). Trefault, N., Manzano, M. y González, B. Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. nntrefau@puc.cl

- 36. FACTORES DE ADHERENCIA DISTINTOS A INTIMINA PRESENTES EN CEPAS CLINICAS DE Escherichia coli PRODUCTORAS DE SHIGATOXINA (STEC) (Adherence factors different to intimin in clinical strains of Shiga Toxin producing Escherichia coli (STEC). Vidal, M¹*_, Vidal, R². y Prado,V². ¹Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas, ²Programa de Microbiología, Facultad de Medicina-ICBM, Universidad de Chile. mvidal@canela.med.uchile.cl
- 37. CARACTERIZACION PARCIAL DE UN ANTIGENO DE SUPERFICIE DE Piscirickettsia salmonis. (Partial characterization of a surface antigen of P. salmonis)

 Zahr, M.¹; Almarza, O.¹; Benz R.²; & Marshall S.³

 Laboratorio de Microbiología Molecular, ICBQ, Universidad de Valparaíso.

SESION DE POSTERS II: Biotecnología, Microbiología Industrial.

Presidente: Fernando Acevedo Secretario: Cecilia Demergasso

- 38. DETERMINACIÓN DE LA TEMPERATURA Y pH DE BIOOXIDACIÓN DE UN CONCENTRADO AURÍFERO REFRACTARIO MEDIANTE LA ARQUEA TERMÓFILA Sulfolobus metallicus (Determination of the temperature and pH for the biooxidation of a refractory gold concentrate by the thermophilic archaeon Sulfolobus metallicus). González P., Canales C., Gentina J.C. y Acevedo F., Escuela de Ingeniería Bioquímica, P. Universidad Católica de Valparaíso, Av. Brasil 2147, Valparaíso. facevedo@ucv.cl
- 39. USO DE BACTERIAS DEL GENERO Acidithiobacillus y Thiobacillus EN EL TRATAMIENTO DE EFLUENTES GASEOSOS MEDIANTE BIOFILTRACION.

 Aroca, G., Nuñez, D., Tello, P.
 Escuela de Ingeniería Bioquímica, P. Universidad Católica de Valparaíso. garoca@ucv.cl
- 40. EVOLUCIÓN DE CÉLULAS PLANCTÓNICAS Y ADHERIDAS DE Sulfolobus metallicus EN LA BIOLIXIVIACIÓN DE CALCOPIRITA. (Evolution of planktonic and adhered cells of S. metallicus in the bioleaching of chalcopyrite). Escobar B., Hevia M.J. y Vargas T. Centro de Estudios en Hidro/Electrometalurgia. Deptos. de Ingeniería de Minas e Ingeniería Química. Universidad de Chile. bescobar@cec.uchile.cl
- 41. ESTUDIO DE QUORUM SENSING DE TIPO AI-1 EN Acidithiobacilus ferrooxidans. (Studing of Quorum Sensing Type Ai-1 in Acidithiobacilus ferrooxidans). Farah C., Banderas A., Mobarec J. C., Valenzuela S., Jerez CA. Guiliani N. Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Dpto. de Biología e Instituto Milenio CBB. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. nguilian@codon.ciencias.uchile.cl
- 42. IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LA POBLACIÓN MICROBIANA EN EL PROCESO DE BIOLIXIVIACIÓN EN PLANTA PILOTO DEL PROYECTO DE LIXIVIACIÓN DE SULFUROS DE ESCONDIDA. (Molecular identification of microbial

community by molecular techniques at the bioleaching Pilot Plant of the Escondida Sulphide Leach Project).

Demergasso C¹, Galleguillos P¹, Escudero L¹, Zepeda V¹, Castillo D².

- 1. Laboratorio de Microbiología Técnica, Departamento de Química Universidad Católica del Norte. Avda. Angamos 0610, Antofagasta, Chile.cdemerga@ucn.cl; 2. Proyecto Lixiviación de Sulfuros, Minera Escondida Ltda. Avda. de la Minería 501, Antofagasta, Chile,danny i castillo@bhpbilliton.com.
- 43. AISLAMIENTO Y CINETICA DE CRECIMIENTO EN BIOPELICULAS DE BACTERIAS METILAMINOGENICAS. (Isolation and Biofilm Growth Kinetic of Methylaminogenic Bacteria).

Jopia P.(1), Aspe E. (2), Urrutia H.(1)

- (1) Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. (2) Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de Concepción.
- 44. ACTIVACIÓN CRUZADA DE LA EXPRESIÓN DE LAS ENZIMAS BENZOATO 1,2-DIOXIGENASA (XYLXYZ) Y CIS-DIHIDRODIOL DESHIDROGENASA (XYLL) EN RESPUESTA A 3,5-DICLOROBENZOATO POR UN REGULADOR DCBR, CODIFICADO EN EL CROMOSOMA DE Ralstonia eutropha JMP134. (Cross-activation of benzoate 1,2-dioxygenase (XylXYZ) and cis-dihydrodiol dehydrogenase (XylL) expression in response to 3,5-dichlorobenzoate by DcbR, a chromosomally encoded regulator from R. eutropha JMP134). Ledger, T.¹, Pieper, D. H²., & B. González¹.¹: Lab. Microbiol. Dep. Gen. Molec. y Microbiol. Fac. Ciencias Biológicas. P. U. Católica de Chile. Santiago, Chile. ²: Div. Microbiol., GBF, Braunschweig, Alemania. tledger@genes.bio.puc.cl
- 45. FORMACIÓN DE BIOPELÍCULA EN REACTORES DE LECHO CIRCULANTE PARA EL TRATAMIENTO ANAEROBIO DE AGUAS RESIDUALES CON ALTO CONTENIDO DE SULFATOS.

Pizarro C, Larenas M, Jeison [†]D, Guerrero ^{*}L., Chamy R.

Escuela Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, General Cruz 34, Valparaíso, Chile. [†]Departamento de Ingeniería Química, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. [†]Departamento de Procesos Químicos, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile. cpizarrot@terra.cl

46. DISEÑO DE UNA BIOPELÍCULA ANAEROBIA MIXTA PARA EL TRATAMIENTO DE EFLUENTES RICOS EN SULFATO (Design of Mixed Anaerobic Biofilm to Anaerobic Treatment of High Sulfate Containing Effluent).

Ruiz-Tagle N, Sossa K, Jopia P, Saldías F, Salgado F, Quilodrán S, Aspé E y Urrutia H.

Depto. Microbiología. Universidad de Concepción. nruiztag@udec.cl

- 47. BIOSINTESIS BACTERIANA DE POLI- β-HIDROXIALCANOATO, UTILIZANDO UN HIDROLIZADO DE RESIDUOS MADEREROS, COMO FUENTE DE CARBONO. (Bacterial biosynthesis of poly-β-hydroxyalkanoates using wood residues hydrolizate as carbon source). Silva, J, Martínez, M. Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. E-mail: johsilva@udec.cl
- 48. AISLAMIENTO Y CINÉTICA DE CRECIMIENTO DE UNA CEPA DE Methanosarcina sp TOLERANTE A AMONIACO ADHERIDA A CERÁMICA. (Isolation and growth kinetic of ammonia tolerant strain of Methanosarcina sp attached to ceramic).

Sossa K., Echegaray V. y Urrutia H.

Departamento de Microbiología, Universidad de Concepción, CHILE. ksossa@udec.cl

49. DETERMINACIÓN DE BACTERIAS REDUCTORAS DE SULFATO PREDOMINANTES EN COMUNIDADES MICROBIANAS CON ACTIVIDAD CORROSIVA (Determination of predominant sulfate-reducing bacteria from corrosive microbial communities)

Valdebenito, E., Salgado, F., Jopia, P., Ruiz-Tagle, N., Sossa, K.

Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental. Universidad de Concepción. emkyvaldebenito@udec.cl

50. EFECTO DE FUENTES DE CARBONO NO FERMENTABLES EN LA PRODUCCION DE ASTAXANTINA en Xanthophyllomyces dendrorhous. (Effect of non fermentable carbon sources in the astaxanthin production in Xanthophyllomyces dendrorhous).

Wozniak, A.; Lodato, P; Barahona, S.; Retamales, P.; Lozano, C.; Sepúlveda, D., y Cifuentes, V. Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. awozniak@icaro.dic.uchile.cl

SESION DE POSTERS III: Microbiología Clínica, Métodos Microbiológicos, Micobacteriosis, Virus, Parasitología Molecular.

Presidente: Gerardo Gonzalez-Rocha

Secretario: Helia Bello

- 51. CONCENTRACIONES MÍNIMAS INHIBITORIAS DE CINCO ANTIBIOTICOS PARA CEPAS DE Staphylococcus aureus AISLADAS DE MASTITIS SUBCLÍNICA EN TRES SECTORES DE LA IX REGIÓN. (Minimum inhibitory concentrations of five antibiotics to Staphylococcus aureus strains isolated from bovine mastitis on three sectors of the IX Region). Betancourt O., Scarpa C., y Villagrán K. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Católica de Temuco. Montt 056. Temuco.
- 52. LA EXPRESIÓN DEL GEN QACC de Staphylococcus_epidermidis CH CONFIERE RESISTENCIA A BROMURO DE ETIDIO Y OXACILINA EN HOSPEDEROS GRAM POSITIVOS Y GRAM NEGATIVOS. Fuentes D., Navarro C., Tantaleán J.C., Araya M., Saavedra C., Pérez J.M, Calderón I., and Vásquez C. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile).
- 53. AISLAMIENTO Y FENOTIPIFICACION DE Enterococcus sp. EN MUESTRAS DE ALIMENTOS EN SUECIA. (Isolation and phenotyping of Enterococcus sp. in foods samples in Sweden).

Kühn I. Colque P. Otth, L.

Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. lotth@uach.cl

54. EVALUACIÓN DE LA RESISTENCIA ANTIBIÓTICA DE CEPAS DE Staphylococcus aureus AISLADAS DE PACIENTES Y PERSONAL DEL HOSPITAL REGIONAL DE IQUIQUE. (Evaluation of antibiotic resistance of Staphylococcus aureus strains isolated from patients and workers of the Iquique Hospital). Méndez F¹, Pastén B².

55. MEASURING THE ANTIBODY RESPONSE: A DIAGNOSTIC TOOL FOR PATIENTS WITH DEEP STAPHYLOCOCCUS AUREUS INFECTIONS.

Colque-Navarro P.*, Söderquist B., Palma M., Flock JI., and Möllby R. *MTC; Karolinska Institutet, 17177 Stockholm Sweden. patricia.colque@mtc.ki.se

56. DESARROLLO DE UNA MEMBRANA CERÁMICA FILTRANTE REUTILIZABLE PARA EL DIAGNÓSTICO DE DIARREA POR CAMPYLOBACTER. Abdón A., Messina G., Laciar A., Amaral M., Marchesse J. Área Microbiología y Laboratorio de Ciencias de Superficies y Medios Porosos. Universidad Nacional de San Luis (UNSL). Argentina. amabdon@unsl.edu.ar



57. DETERMINACIÓN PREDICTIVA POR TÉCNICA CONDUCTIMÉTRICA DE CULTIVOS DE Escherichia coli ANTE VARIACIONES DE ph. (Predictive determination of Escherichia coli cultures affected by pH variations by a conductimetric technique). Arrieta A., Cabello D., Arancibia M. y Muñoz O. Laboratorio de Microbiología de Alimentos. Departamento de Ciencias Biológicas. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile. aarrieta@usach.cl.

58. PHENOTYPING OF BACTERIAL POPULATIONS: A USEFUL METHOD FOR MICROBIAL SOURCE TRACKING.

Kühn I(1), Iversen A(1), Bonjoch X(2), Wallis J (3), Ebdon J(3), Taylor H(3), Skraber S (4), Pissarides N (5), Papageorgiou GT (5), Blanch AR (2).

MTC, Karolinska Institute, SE 171 77 Stockholm, Sweden (1); Universitat de Barcelona, Spain (2); University of Brighton, UK (3); Université de Nancy I, France (4); State General Laboratory, Nicosia, Cyprus (5)

59. A MICROBIAL ASSAY FOR RISQUE ASSESSMENT (MARA).

Kühn I, Gabrielsson J, Colque P, Möllby R.

MTC, Karolinska Institutet, SE17177 Stockholm, Sweden

Correo electronico: inger.kuhn@mtc.ki.se

60. LEPTOSPIRA SP. AISLADA EN ROEDORES DE LA COMUNA DE MAIPÚ, R.M., Y SU RELACION CON UN CASO HUMANO. PRIMER REPORTE EN CHILE. (Leptospira sp. Isolated in Rats from Maipu Township, R.M., Related with Human Disease. First Report in Chile). Styles. J., Cattan. P. E.

Laboratorio de Leptospirosis, Subdepartamento de Laboratorios y Estación Cuarentenaria Pecuaria (bacteriología.pecuaria@sag.gob.cl.) Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

61. EVALUACIÓN DEL EFECTO FRENTE A Mycobacterium tuberculosis DE PRODUCTOS NATURALES Y DE SÍNTESIS (Evaluation of natural and synthesis products against Mycobacterium tuberculosis).

Gutiérrez B¹., Araya J¹., Sagua H¹., Gómez B², Olivares H²., Loyola L.A.³, Bórquez J.³, Valderrama J.

A⁴., Darías J⁵., González J.¹

¹Unidad de Parasitología, ²Unidad de Bioquímica, Facultad de Ciencias de la Salud. ³Departamento de Química Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Antofagasta, ⁴Facultad de Química, Universidad Católica de Chile, ⁵Universidad de la Laguna, Tenerife, España.

- 62. DETECCIÓN DE Mycobacterium bovis POR PCR EN SANGRE DE ANIMALES PROVENIENTES DE REBAÑOS CON DISTINTO GRADO DE PREVALENCIA A TBB (PCR detection of M. bovis in blood from herds with different prevalence to TBB). Mancilla, M., Palavecino, C., Rehren, G., *Villarroel, M., *Araya, C., *Rivera, A., León, G y Zárraga, A.M. *Laboratorio SAG de Osorno. Instituto de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. azarraga@uach.cl
- 63. ANALISIS DE DNA FINGERPRINTING DE CEPAS CHILENAS DE Mycobacterium bovis. (DNA Fingerprinting analysis of Chilean M. bovis strains) Palavecino, C., Mancilla, M., *Villarroel, M., *Araya, C., León, G., Zárraga, A. M. Instituto de Bioquímica. Universidad Austral de Chile.* Laboratorio SAG, Osorno. azarraga@uach.cl
- PARA EL **ESTUDIO** DE LA **METODOS** 64. COMPARACION DE TRES SUSCEPTIBILIDAD A DROGAS EN CEPAS DE Mycobacterium tuberculosis, AISLADAS EN EL NORTE DE CHILE. (Comparisson of Three Methods for Drugs Susceptibility Study of Mycobacterium tuberculosis Strains Isolated in North of Chile).

Zambrano, A.¹, Miranda, E.¹, Gutiérrez, B.², González, J².

¹Hospital Clínico Regional de Antofagasta, ²Unidad de Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

65. VAGINOSIS BACTERIANAS EN JÓVENES UNIVERSITARIAS.(Bacterial vaginosis on university students).

Urdanivia R, Araya V, Toledo I, Gahona J, Herrera N, Becerra S, Jofré M.

Departamento de Tecnología Médica, Universidad de Antofagasta. rurdanivia @ uantof.cl

- 66. AISLAMIENTO DE Lactobacillus spp. VAGINALES EN MUJERES DE LA OCTAVA REGION DE CHILE (Isolation of vaginal Lactobacillus spp. from 8th Region's women). Castro, E; Palma, I; Sánchez, M. Laboratorio de Bacterias Lácticas. Universidad de Concepción, (ercastro@udec.cl).
- 67. DIAGNOSTICO DE LABORATORIO DE LAS INFECCIONES RESPIRATORIAS AGUDAS BAJAS EN EL HOSPITAL REGIONAL DE ANTOFAGASTA. (Laboratory diagnostic of lower acute respiratory infections in the Clinical Regional Hospital of Antofagasta). Mejías E¹, Silva J², Godoy F². 1. Laboratorio de Microbiología, Hospital Clínico Regional de Antofagasta. evamejias@hotmail.com; 2. Depto Tecnología Médica-INDES, Universidad de Antofagasta, Antofagasta.
- 68. RESULTADOS INDETERMINADOS POR VARIACIÓN DE SECUENCIA GÉNICA DE VIRUS HERPES SIMPLEX EN LÍQUIDO CEFALORRAQUÍDEO (LCR) DETECTADO POR REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA (PCR) EN TIEMPO REAL. (Indeterminate Results Due to Genetic Sequence Variations in Virus Herpes Simplex Detected in Cerebrospinal Fluid (Csf) by Real-Time PCR).

Soto J, Salinas AM, Poggi H, Romeo E, Saa JL, García P, Lagos M.

UDA Laboratorios Clínicos, Pontificia U. Católica de Chile. mailto: jsotom@puc.cl

69. ESTUDIO DEL TÉRMINO DE LA REPLICACIÓN DEL GENOMA DEL VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA. (The study of the end of Infectious Pancreatic Necrosis Virus genomic replication). González R., Soto R., Jashés M., Sandino A.M. Laboratorio de Virología, Facultad Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. ryf 97@yahoo.com

70. CLONAMIENTO Y EXPRESIÓN DE LA GLICOPROTEÍNA G DEL VIRUS RÁBICO FIJO CEPA 51 DESDE Escherichia coli.

González P.(1), Obrest A.(1), Favi M.(3), Yung V.(3), Riveros B.(1), Velásquez F.(1), González R.(2),

Cachicas V.(1), Vásquez A.(1).

(1) Centro de Investigación y Desarrollo, (2) Sección Antirrábica. Subdepartamento de Vacunas, Departamento de Producción. (3) Sección Diagnóstico de rabia, Departamento de Laboratorios de Salud. Instituto de Salud Pública de Chile. avasquez@ispch.cl

- 71. LINFOCITOS T Th1 Y Th2 ESPECIFICOS PARA LA GLICOPROTEINA DEL VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL (VRS) EN SANGRE PERIFERICA DE LACTANTES INFECTADOS CON VRS. (Th1 and Th2 T lymphocytes specific for respiratory syncytial virus (RSV) G glycoprotein in periphery blood from young infants infected with RSV). Fernández J.A. (1), Carrión F. (2), Palomino M (1). y Larrañaga C (1). Programa de Virología ICBM, Facultad de Medicina Universidad de Chile (1). Facultad de Medicina Universidad Los Andes (2). ifernand@machi.med.uchile.cl
- 72. AMEBAS DE VIDA LIBRE EN EQUIPOS DE AIRE ACONDICIONADO Y SU SUSCEPTIBILIDAD A DESINFECTANTES. (Free-living amoeba in air conditioning equipments and their susceptibility to disinfectans). Alarcón V.¹, Moreno J¹., Astorga B²., Navarrete E¹. ¹Facultad de Ciencias de la Salud, Carrera de Tecnología Médica, Universidad San Sebastián, Concepción, ²Instituto de Salud Pública, Santiago de Chile. Vealrich10@hotmail.com
- 73. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LA SUB UNIDAD REGULATORIA DE FOSFATASA DE PROTEINA 2B (CALCINEURINA) DE Trypanosoma cruzi. (Molecular Characterization of Regulatory Subunit the Protein Phosphatase 2b (Calcineurin) in Trypanosoma cruzi).

Araya, J.E*., Yoshida, N**., Cornejo, A.*, Cortes, M*., Neira, I.*, Rodriguez S.*, Cordero, E*., Santos, M.R**., da Silveira, J.F**., Sagua, H*. y González, J*.

*Unidad de Parasitología. Universidad de Antofagasta-Chile.** Disciplina de Parasitología. UNIFESP.Sao Paulo-Brasil.

74. PAPEL DE LA FOSFATASA DE PROTEÍNA 1 (PP1) EN LA DIVISIÓN CELULAR DE Trichomonas vaginalis (Role of protein phosphatase 1 (PP1) in celular division of Trichomonas vaginalis)

Pérez, M., Sagua, H., Araya, J., González, J.

Unidad de Parasitología, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Antofagasta-CHILE.

75. EXPRESION EN CELULAS PROCARIOTICAS Y EUCARIOTICAS DE LA SUBUNIDAD CATALITICA DE FOSFATASA DE PROTEINA 2A DE *Trypanosoma cruzi*. (Expression in Procariotical and Eucariotical Cells of the Catalytic Subunit of Protein Phosphatase 2a from *Trypanosoma cruzi*).

Rodríguez CM, Cordero E, dos Santos M, Sagua H, da Silveira F, González J, Araya JE. Unidad de Parasitología, Universidad de Antofagasta. jearayar@uantof.cl

76. CLONAJE MOLECULAR DE ADNC QUE CODIFICAN PARA DOS ISOFORMAS DE LA SUBUNIDAD CATALITICA DE FOSFATASA DE PROTEINA 2A DE *Trypanosoma cruzi*

(Molecular Cloning of CDNAs Encoding Two Isoforms of the Catalytic Subunit of Protein Phosphatase

2a from Trypanosoma cruzi)

Sossa PP, Rodriguez CC, Cordero EM, dos Santos M, Sagua H, da Silveira F, González J, Araya JE. Unidad de Parasitología, Universidad de Antofagasta. jearayar@uantof.cl

Viernes 7 de Noviembre de 2003

14:30 – 16:30 HORAS SESION DE POSTERS IV, V, VI. Coordinador Prof. Rodolfo Urdanivia Porcel

SESION DE POSTERS IV : Antimicrobianos, Micología.

Presidente: Marcela Wickens Secretario: Pedro Brevis.

- 77. CARACTERIZACION FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE CEPAS DE Salmonella enteritidis. (Phenotype and genotype characterization of Samonella enteritidis strains). Aravena C¹, Silva J¹, Araya J¹, Colque-Navarro P.², Kühn I², Möllby R² y Löfdahl S². 1.Depto Tecnología Médica-INDES, Universidad de Antofagasta, Chile. E-mail: jsilva@uantof.cl. 2. Microbiology and Tumorbiology Center, Karolinska Institute, Stockholm, Sweden.
- 78. DETECCION DE β-LACTAMASAS EN CEPAS HOSPITALARIAS DE *Pseudomonas aeruginosa* (Detection of β-lactamases among nosocomial strains of *Pseudomonas aeruginosa*). Alíster C.¹, Bello H.¹, Domínguez M.¹, Mella S.², Zemelman R.³, González G.¹ Depto. de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Depto. de Medicina Interna. Facultad de Medicina. Universidad de Concepción. Facultad de Ciencias y Tecnología. U. San Sebastián. Concepción. Chile. hbello@udec.cl
- 79. GENES DE RESISTENCIA A CLORANFENICOL EN BACILOS GRAM NEGATIVOS AISLADOS EN HOSPITALES CHILENOS. (Chloramphenicol-resistant genes in Gram-negative bacilli isolated from Chilean hospitals).
 Ramos, L.¹, Domínguez, M.¹, Bello H.¹, Mella S.², Zemelman R.³ González G.¹
 Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, ²Depto. De Medicina Interna. Facultad de Medicina. Universidad de Concepción. ³Facultad de Ciencias y Tecnología. U. San Sebastián Concepción. Chile. ggonzal@udec.cl.
- 80. TASAS DE PREVALENCIA DE PATOGENOS ENTÉRICOS EN NIÑOS ASINTOMÁTICOS. (Prevalence rates of enteric pathogens in asymptomatic infants). Morales ME., Troncoso M y Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile. gfiguero@uchile.cl
- 81. RESISTENCIA A ANTIBIOTICOS EN CEPAS DE Escherichia coli AISLADAS DE COLIMETRIAS EN ANALISIS BACTERIOLOGICO DE AGUAS DE LA X REGION DE CHILE. (Antibiotic resistance in E. coli strains isolated with the MPN method from water samples in the X Region of Chile)

Muñoz, J.¹, González G.¹, Bello H.¹, Domínguez, M.¹, Ernst, R², Ramírez, G.³, Singer, R.⁴

- ¹ Facultad Cs. Biológicas, Univ. de Concepción. ²Facultad Cs. Veterinarias. Univ. Austral de Chile. ³Servicio de Salud Valdivia. Chile. ⁴Department of Veterinary PathoBiology, University of Minnesota, E.E.U.U. jeamunoz@yahoo.com
- 82. SUSCEPTIBILIDAD DE Arcobacter butzleri A 6 ANTIMICROBIANOS. (Susceptibility of Arcobacter butzleri to six antimicrobials).

 Otth, L, Wilson M, Cancino R, Fernández H.

Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. lotth@uach.cl

- 83. ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE HERRADURAS DE COBRE (Antibacterial activity of copper horseshoes) Rivas P, Acuña M, Figueroa A, Troncoso M, Cárdenas M, Ruiz M y Figueroa G. Lab. de Microbiología, INTA, Universidad de Chile patocarolina@yahoo.es
- 84. SUSCEPTIBILIDAD DE Arcobacter butzleri A METALES PESADOS. (Susceptibility of Arcobacter butzleri to heavy metals).

Solís G, Fernández H y Otth L.

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

e-mail: gabys20@yahoo.com

85. ANTICUERPOS IgA ESPECÍFICOS PARA LPS DE Yersinia enterocolitica Y OTRAS BACTERIAS ARTRITOGÉNICAS EN PACIENTES DEL COMPLEJO SANITARIO SAN LUIS (ARGENTINA). (IgA antibodies to LPS of Yersinia enterocolitica and other arthritogenic bacteria in patients of Complejo Sanitario San Luis (Argentina)).

Di Genaro, M.S.*, Tamashiro H.**, Lacoste G.*, Feas S.**, Stefanini de Guzmán, AM.*

- * Area Microbiología. Fac. de Química, Bioquímica y Farmacia. Universidad Nacional de San Luis. Chacabuco y Pedernera. (5700) San Luis. Argentina.** Complejo Sanitario San Luis. Av. Caídos en Malvinas. (5700) San Luis, Argentina. sdigena@unsl.edu.ar
- 86. Salmonella typhi INTERACTÚA CON UN MYXOMYCETE AISLADO DEL MEDIO AMBIENTE. (Salmonella typhi can interact with a free living myxomycete).

 Tesser B., Villagra N., Mora G.

Unidad de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile. Santiago.

- 87. INTERFERENCIA DE Salmonella thyphimurium EN LA FUNCIÓN DE LA CÉLULA DENDRÍTICA COMO MECANISMO DE EVASIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE MEDIADA POR LINFOCITOS T (Interference of Salmonella typhimurium in dendritic cell function as a mechanism of T-cell mediated immune evasion). Tobar J., Jakovljevic T., González P, Sanhueza A. y Kalergis A. Laboratorio de Inmunogenética Molecular, Unidad de Microbiología, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, P. Universidad Católica de Chile. kalergis@genes.bio.puc
- 88. FRECUENCIA DE β-LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO (βLEE) EN SUBESPECIES DE Klebsiella pneumoniae HOSPITALARIAS Y DE LA COMUNIDAD. (Frequency of extended-spectrum β-lactamases from nosocomial and community subspecies of Klebsiella pneumoniae).

Trabal N¹., Bello H. 1, Domínguez M. 1, Mella S. 2, Zemelman R. 3, González G. 1 Depto. de Microbiología, Fac. Cs. Biológicas, 2 Depto. Medicina Interna. Fac. Medicina. U. de Concepción. 3 Fac.

Cs. y Tecnología. U. San Sebastián. Concepción. Chile. natiaf@lycos.com

- 89. INFECCIÓN POR Campylobacter jejuni EN PACIENTES CON SÍNDROME DE GUILLAIN-BARRÉ. (Campylobacter jejuni infection in GBS patients). Troncoso M., Reyes A., López M., Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile. mtronco@ inta.cl
- 90. RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN BACILOS GRAM NEGATIVOS (BGN) AISLADOS DESDE PREDIOS LECHEROS DE LA PROVINCIA DE ÑUBLE (Antibiotic resistance among strains of Gram-negative bacilli isolated from milk state from Ñuble county) Viera A.¹, Cerda, F.¹, Bello, H.², Domínguez, M.², González, G.²
 ¹Depto. Ciencias Pecuarias. Facultad de Medicina Veterinaria, Campus Chillán. ² Depto. de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. aviera@udec.cl
- 91. VARIABLES QUE INFLUYEN EN EL DESARROLLO DE Saprolegnia SP. Y DETERMINACIÓN DE CONCENTRACIONES INHIBITORIAS MÍNIMAS. (Variables that influence in the development of Saprolegnia sp. and determination of minimum inhibiting concentration). Alvarez E.¹, Zaror L¹, Bohle H.², Landskron E³., Avendaño F.⁴y Gómez A.⁵¹Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina. Universidad Austral de Chile. lzaror@uach.cl. ²ADL Diagnostic Chile Ltda., Castro. ³Novartis Chile S.A Pto. Varas. ⁴Marine Harvest Chile S.A., Puerto Montt. ⁵Aquatic Health Chile S.A., Puerto Varas.
- 92. IDENTIFICACION DE ESPECIES DE Candida AISLADAS DE PACIENTES CON ESTOMATITIS SUBPROTESICA. (Identification of Candida Species Isolated from Patients with Subprothesic Stomatitis). Cancino J., Brevis P., Abaca P. Laboratorio de Micología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Talca. pbrevis @utalca.cl
- 93. SUSCEPTIBILIDAD IN VITRO A ITRACONAZOL, FLUCONAZOL Y KETOCONAZOL DE CEPAS DE Candida SPP AISLADAS DE MUESTRAS CLÍNICAS EN ANTOFAGASTA. (In vitro susceptibility to itraconazole, fluconazole and ketoconazole de Candida spp strains isolates from clinical simples in Antofagasta. Collado D., Martínez Y., Rodríguez C., Becerra S. y Silva S. Depto. de Tecnología Médica INDES, Universidad de Antofagasta (jsilva@uantof.cl)
- 94. CARACTERIZACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA SOBRE Botrytis cinerea DE ANTRAQUINONAS E HIDROANTRAQUINONAS SINTÉTICAS. (Characterization of antifungal activity against Botrytis cinerea of synthetic anthraquinones and anthrahydroquinones). Lagos C., Mendoza L., Araya R. y Cotoras M. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. mcotoras@lauca.usach.cl
- 95. SEÑALES INVOLUCRADAS EN LA GERMINACIÓN DE CONIDIOS DE Botrytis cinerea. (Germination signaling in Botrytis cinerea conidia). García C. y Cotoras M. Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. mcotoras@lauca.usach.cl
- 96. MICROEVOLUCIÓN Y SUSCEPTIBILIDAD A FLUCONAZOL EN Candida albicans AISLADAS DE INDIVIDUOS INMUNOCOMPETENTES. (Microevolution and susceptibility to Fluconazole in Candida albicans from the immnunocompetent individuals). Tapia, C., Vidal, M., Díaz, M.C., Abarca, C., Silva, V. y Hermosilla, G. Programa de Microbiología y Micología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile. E-mail: cetapia@machi.med.uchile.cl

97. ESTUDIO COMPARATIVO DE LA ACCIÓN DE MUPIROCINA Y NISTATINA SOBRE DIFERENTES CEPAS DE Candida albicans. (Comparative Study of the Mupirocin and Nistatin Action on Differents Candida albicans Strains).

Toledo P, Albornoz M, Brevis P, Abaca P. Laboratorio de Micología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Talca. pbrevis@utalca.cl

98. CARACTERISTICAS FISICOQUÍMICAS DE LA ADHESIÓN DE Candida albicans in vitro. (Chemicals-physicals Characteristics of the Adhesion Candida albicans in vitro).

Sepúlveda V, Abarza J, Brevis P. Universidad de Talca, Facultad de Ciencias de la Salud, Escuela de Tecnología Médica.xvirus@terra.com

SESION DE POSTERS V : Microbiología de Alimentos.

Presidente: Guillermo Figueroa Secretario: Myriam Troncoso.

- 99. EFECTO DE LA CAPACITACIÓN SOBRE ALGUNOS PARÁMETROS MICROBIOLÓGICOS EN UNA QUESERÍA ARTESANAL DE LA COMUNA DE VILLARRICA, IX REGIÓN. (Training's effects on some microbiological parameters in a handmade cheese of Villarrica commune, IX Region). Betancourt O. y Quijada C. Escuela de Medicina Veterinaria. Universidad Católica de Temuco. Montt 056. Temuco. Obetanco@uct.cl
- 100. CONTRIBUCIÓN AL ESTUDIO DE LA PRESENCIA DE Listeria monocytogenes EN LONGANIZAS FABRICADAS EN LA CIUDAD DE TEMUCO, IX REGIÓN. (Contribution to the study of Listeria monocytogenes presence in sausages manufactured in Temuco city, IX Region). Betancourt O., Muñoz F. y Villagrán K. Escuela de Medicina veterinaria. Universidad Católica de Temuco. Montt 056, Temuco. Obetancour@ct.cl
- 101. CALIDAD MICROBIOLÓGICA DE QUESOS DE CABRA DE LA LIGUA, V REGIÓN, CHILE. (Microbiological Quality of Cheeses of Goat of La Ligua, V Region, Chile). Cid M., Irarrazabal C., Acevedo F., Astete E. Laboratorio Ambiental, Departamento Subdirección Ambiental, Servicio de Salud Viña del Mar-Quillota. Correo electrónico: labo@ssvq.cl
- 102. CARACTERISTICAS PROBIOTICAS DE Lactobacillus spp. AISLADOS DEL TRACTO GASTROINTESTINAL DE Onchorhynchus mykiss (trucha arcoiris). (Probiotics characteristics of Lactobacillus spp. isolated from O.mykiss (rainbow trout)'s gastrointestinal tract.). Castro E., Encina M. Laboratorio de Bacterias Lácticas. Universidad de Concepción. (ercastro@udec.cl).
- 103. ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE CEPAS DE LACTOBACILLUS AISLADAS DE DE NIÑOS CHILENOS. (Antibacterial activity of Lactobacillus strains isolated from Chilean infants.). Faúndez G., López M y Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile. gfaundez@uec.inta.uchile.cl
- 104. ELECTROFORESIS EN GEL DE CAMPO PULSADO DE CEPAS DE Yersinia enterocolitica AISLADAS DE HUEVOS DE GALLINA. (Pulsed field gel electrophoresis of Yersinia enterocolitica strains isolated from hen eggs). Favier GI., Escudero ME., Guzmán AMS.

- Área de Microbiología. Fac. de Qca, Bioqca y Fcia. Universidad Nacional de San Luis. gifavier@unsl.edu.ar
- 105. ESPECIES DE BACTERIAS ACÉTICAS EN UVAS CON Y SIN PUDRICIÓN ÁCIDA. (Acetic bacteria in grapes with and without sour rot disease). Figueroa A, Troncoso M., Faúndez G., Navarrete P., Reyes A., Rivas P., Figueroa G., Arancibia C. Lab. Microbiología, INTA, Universidad de Chile y Fundación para el Desarrollo Frutícola. afigueroa@inta.cl
- 106. DIAGNÓSTICO DE LA BRUCELOSIS BOVINA MEDIANTE LA PRUEBA ANILLO EN LECHE EN EL DEPARTAMENTO DEL CUSCO PERÚ. (Diagnosis of the Bovine Brucellosis through the Test Ring in Milk in the Cusco Department, Perú).

 Flores D., Ardiles E.

Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco – Perú. darielaflores@hotmail.com, emiguel@hotmail.com

107. CALIDAD MICROBIOLOGICA DE CONDIMENTOS Y ESPECIAS CONSUMIDOS EN LA CIUDAD DE SAN LUIS, ARGENTINA. Microbiological quality of condiments and spices consumed in San Luis' city. Argentina.

Aguilera, M O; Stagnitta PV y Guzmán AMS. Area de Microbiología. Universidad Nacional de San Luis. Chacabuco y Pedernera. San Luis. Argentina. moaguile@unsl.edu.ar.

- 108. TASA DE SOBREVIVENCIA DE ENTEROPATÓGENOS EN LA SUPERFICIE DE FRUTAS ALMACENADAS EN CÁMARAS FRIGORÍFICAS. (Survival resistance of enteropathogens in the surface of refrigerated fruits). López M., Adriazola P, Troncoso M, Vergara C, Faúndez G. y Figueroa G. Lab. Microbiología INTA, Universidad de Chile, gfiguero@inta.cl.
- 109. PESQUISA DE Listeria spp. Y ESTUDIO DE LA SUSCEPTIBILIDAD DE L. monocytogenes ATCC 3970 A AGENTES QUÍMICOS UTILIZADOS DURANTE LA ELABORACIÓN DE SUBPRODUCTOS CÁRNICOS. (Detection of Listeria spp. and susceptibility of L. monocytogenes ATCC 3970 strain of chemical agents used in the meat industry). Ríos, S.* Cerda, F.*, Morales, R* fcerda@udec.cl

*Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de Concepción. Programa Magíster en Cs. Veterinarias. Campus Chillán.

- 110. SUSCEPTIBILIDAD DE BACTERIAS ACÉTICAS A ANTIMICROBIANOS (Susceptibility of acetic bacteria to antimicrobial agents). Nina K., Faúndez G., Arancibia C., Troncoso M., Figueroa A., Rivas P., Figueroa G. Lab. Microbiología, INTA Univ. de Chile. gfiguero@uchile.cl
- 111. DESARROLLO MICROBIANO DE BACTERIAS ACÉTICAS A 0° Y 25°C. (Behavior of acetic acid bacteria at 0° and 25°C). Ponce M*, Troncoso M., Rivas P., Figueroa A., Faúndez G., Arancibia C. y Figueroa G. *Residencia de Bioquímica MSP, Salta, Argentina y Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile poncemavi@topmail.com.ar
- 112. PERSISTENCIA EN POLLOS DE $f3\alpha$ SE, UN BACTERIÓFAGO BIOCONTROLADOR DE Salmonella enteritidis. (Persistence in chicken of $f3\alpha$ SE, a biocontroling bacteriophage of Salmonella enteritidis).

Krüger, E*, Santander J*, Zurita P**, Borie C**, Robeson J*.

*Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Laboratorio de Bacteriología. Av. Brasil 2950, Valparaíso, Chile. jrobeson@ucv.cl.

- **Universidad de Chile. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias. Laboratorio de Microbiología. Av. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago, Chile.
- 113. RIESGOS MICROBIOLÓGICOS EN EL PROCESO DE MARINADO EN CARNES DE AVE. (Microbiological risks during chicken marinating). Ruiz M, Troncoso M, Faúndez G, Cárdenas M, y Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile, ruizacin@yahoo.com
- 114. VIRULENCIA Y GENOTIPIFICACIÓN DE Yersinia enterocolitica AISLADA DE ALIMENTOS (Virulence and genotyping of Yersinia enterocolitica isolated from food). Lucero Estrada CSM; Velázquez L.; Escudero ME; Di Genaro S.; Mattar A.; Vega A.; Stefanini de Guzmán, AM.

Área de Microbiología. Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia. Univ. Nac. de San Luis. Chacabuco y Pedernera. (5700). San Luis. Argentina. E-mail: luceroceci@hotmail.com.

SESION DE POSTERS VI: Microbiología de Suelos, Agua y Ambientes Extremos.

Presidente: Benito Gómez-Silva Secretario: Catherine Lizama J.

- 115. RELACIÓN ENTRE MICORRIZACIÓN, FERTILIDAD DE SUELOS Y HÁBITO DE VIDA VEGETAL (Relation between mycorrhizal, soil fertility and plant life-form) Aguilera LE¹, Gutiérrez JR y Meserve PL², Fac. Ciencias, Depto. Biología, Universidad de La Serena¹, Department of Biology, Illinois University² laguiler@userena.cl
- 116. VARIACIÓN DE AGARICALES EN PARCELAS FERTILIZADAS CON NH₄NO₃ EN UN BOSQUE DE NOTHOFAGUS OBLIQUA, X REGIÓN CHILE. (Variation Agaricales in fertilized plots in Nothofagus obliqua forest of the X Region, Chile). ¹Barría D., ¹ Valenzuela E. & ² Godoy R. ¹Instituto de Microbiología, ² Instituto de Botánica. Fac. de Ciencias. Universidad Austral de Chile. Casilla 167, Valdivia, Chile. dbarria27@yahoo.es
- 117. DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES DE Frankia Y DE LA COMUNIDAD BACTERIANA ASOCIADAS A LA RIZÓSFERA DE PLANTAS DE Colletia hystrix. (Genetic diversity of Frankia natural populations and bacterial community from Colletia hystrix rhizosphere). Chávez M., Carú M. Facultad de Ciencias. Universidad de Chile. Casilla 653 Santiago.
- 118. ANÁLISIS DE FLUJOS METABÓLICOS APLICADO A CULTIVOS CONTINUOS DE *Pichia pastoris* PRODUCTORA DE LIPASA RECOMBINANTE.

Bastidas J.*, Ferrer P.®, Aroca G.*, Gentina J.* y Altamirano, C.*

Escuela de Ingeniería Bioquímica, Universidad Católica de Valparaíso. P. O. Box 4059, Valparaíso. Email: claudia.altamirano@ucv.cl

119. EFECTO DEL ACIDO KAURENOICO Y LA RESINA SUPERFICIAL PRODUCIDOS POR LA PLANTA Pseudognaphalium vira vira SOBRE LA MICROBIOTA DEL SUELO. (Effect of kaurenoic acid and superficial resin of the plant Pseudognaphalium vira vira over soil microbiote). Gil F., Mendoza L., Wilkens M. Facultad Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. fgilm@lauca.usach.cl

120. Haloalcalophilium atacamensis gen. nov., sp. nov., UNA NUEVA ARQUEA HALÓFILA EXTREMA DEL SALAR DE ATACAMA. (Haloalcalophilium atacamensis gen. nov., sp. nov., a

novel extremely halophilic archaea from Atacama Saltern).

Lizama, C^{1,2}., Monteoliva-sánchez², M., Suárez, A²., Campos, V³ y Ramos-Cormenzana, A.². 1. Depto Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de Antofagasta. 2. Depto de Microbiología, Facultad de Farmacia Universidad de Granada, España. 3. Lab. Microbiología ambiental, Facultad de Ciencias Básicas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. clizama@uantof.cl.

121. CARACTERIZACION QUIMICO-BIOLOGICA DE Nostoc sp., AISLADO DEL BOFEDAL MACHUCA, II REGION, CHILE (Chemical and biological characterization of Nostoc sp., isolated from Machuca wetland, II Región-Chile).

Olivares H. 1,3, Manquez M. 2, Monardez V. 3 y Gómez-Silva B. 1,3 (holivares@uantof.cl)

Unidad de Bioquímica¹, Unidad de Nutrición Humana², Instituto del Desierto³. Universidad de Antofagasta. Chile.

122. EXTREMÓFILOS RESISTENTES A LA DESECACIÓN EN LA ZONA COSTERA DEL DESIERTO DE ATACAMA, II REGIÓN DE CHILE. (Dryness- resistant Extremophiles from the Coastal Atacama Desert, II Region-Chile).

Gómez-Silva B. 1,2, Olivares H. 1,2, Rainey F. 3, Araya J. 4, McKay C. 5 (bgomez@uantof.cl)

Instituto del Desierto¹, Unidad de Bioquímica², Unidad de Parasitología⁴, Univ. de Antofagasta, Chile; Dept. Biol. Sc.³, Luisiana State Univ., B. Rouge, LA; Ames Res. Center⁵, NASA, USA.

123. USO DE ASOCIACIONES NEMÁTODO-BACTERIA EN EL MEJORAMIENTO DE LAS CONDICIONES DEL SUELO PARA LAS PLANTAS EN UN TRANQUE DE RELAVE. (Use of nematode-bacteria associations in the improvement of soil conditions for plants in a mining waste deposit).

Boehmwald ,F.**, Salas E**, Santander J*, Robeson J*, Montenegro E**.

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, **Laboratorio de Nematología y *Laboratorio de Bacteriología. Av. Brasil 2950, Valparaíso, Chile. esalas@ucv.cl

124. AUMENTO DEL AMONIO EN EL SUELO DE LA ZONA RADICULAR DE PLANTAS MEDIANTE EL USO DE UNA ASOCIACIÓN NEMÁTODO - BACTERIA. (Ammonium increase in soil around plant roots using a bacteria-nematode association).

Slimming, M.*, Santander J*, Boehmwald F**, Salas E**, Montenegro E**, Robeson J*.

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, *Laboratorio de Bacteriología y **Laboratorio de Nematología. Av. Brasil 2950, Valparaíso, Chile. jrobeson@ucv.cl

125. PRODUCCIÓN A ESCALA INDUSTRIAL DE NEMATODOS BACTERÍVOROS PARA SU UTILIZACIÓN COMO BIOFÉRTILIZANTE EN LA FITOREMEDIACIÓN DE SUELOS CONTAMINADOS CON METALES PESADOS.

Rebolledo C., Herrera N, Araneda P, Chamy R.

Escuela Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, General Cruz 34, Valparaíso, Chile rchamy@ucv.cl

126. BACTERIAS DEGRADADORAS DE ACIDO 2,4-DICLOROFENOXIACETICO Y CAPTAN, AISLADAS DESDE SUELOS DE LA VIII REGION, CHILE. (2,4-dichlorophenoxyacetic acid and captan degrading bacteria, isolated from soils of the VIII Región,

- Chile). Aguayo J., Martínez, M. Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. joaguayo@udec.cl
- 127. IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS DEGRADADORAS DE SIMAZINA Y CARACTERIZACIÓN DE SUS GENES CATABÓLICOS. (Identification of simazine degrading bacteria and characterization of their catabolic genes). ¹Ávila M., ¹Hernández M., ¹Villalobos P., ²González B. y ¹Seeger M. ¹Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento Química, Universidad Técnica Federico Santa María. ²Laboratorio de Microbiología, Facultad Ciencias Biológicas, PUC. marceavi@hotmail.com.
- 128. MONITOREO DE LA REMOCIÓN DE COMPUESTOS FENOLICOS, MEDIANTE BIOSENSORES BACTERIANOS, EN UN EFLUENTE DE BLANQUEO DE PULPA KRAFT, SOMETIDO A TRATAMIENTO BIOLÓGICO. (Monitoring of the removal of phenols compounds, through bacterial biosensors, in a Kraft pulp mill effluent, submitted to biological treatment). ¹Campos V., ²Veas J., ¹ Mondaca M.A, ²Zaror C. (1) Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. (2)Departamento de ingeniería Química, Facultad de Ingeniería. Universidad de Concepción. Casilla 152-C. vcampos@udec.cl.
- 129. DETERMINACION CUALI-CUANTITATIVA DE BACTERIAS HETEROTRÓFAS RELACIONADAS CON EL CICLO DEL NITRÓGENO, AISLADAS DE AGUA Y SEDIMENTOS RECOLECTADOS EN FIORDOS Y CANALES DE LA XI REGIÓN, CHILE. (Qualitative and quantitative determination of heterotrophic bacteria related with the nitrogen cycle isolated from seawater and sediments collected from fiords and channels of the XI Región, Chile). Garay Y. & Valenzuela E. Instituto de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. yosse_g@hotmail.com, evalenzu@uach.cl
- 130. AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE CEPAS BACTERIANAS CAPACES DE DEGRADAR HERBICIDAS EN EL VALLE DEL ACONCAGUA. (Isolation and characterization of bacterial strains able to degrade herbicides from the Aconcagua valley). Hernández M., Cámara B., Villalobos P., González M., y Seeger M. Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile. matehg@hotmail.com
- 131. ANÁLISIS DE LA BIODIVERSIDAD MICROBIANA Y SU POTENCIAL DEGRADATIVO EN MICROCOSMOS DE SUELOS EXPUESTOS A 2,4-D. (Microbial biodiversity analysis and its degradative potential in soil microcosms exposed to 2.4D). Manzano M, Morán AC, González B. Dpto. de Genética Molecular y Microbiología. Fac. de Cs. Biológicas. P. Universidad Católica de Chile, Santiago, CHILE. mmanzano@genes.bio.puc.cl
- 132. EFECTO DE LA HISTORIA DE TRATAMIENTO DE SUELOS CON SIMAZINA EN LA ESTRUCTURA DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS Y SU POTENCIAL DE BIODEGRADACIÓN (Effect of simazine treatment soil history on microbial community structures and biodegradation potential). Morán AC, Manzano M, González B. Dpto de Genética Molecular y Microbiología. Fac. de Cs. Biológicas. P. Universidad Católica de Chile, Santiago, CHILE. E-mail: amoran@genes.bio.puc.cl.
- 133. METABOLISMO DE S-TRIAZINAS POR BACTERIAS AISLADAS DESDE SUELOS AGRÍCOLAS CONTAMINADOS CON HERBICIDAS. (S-triazine metabolism by isolated bacteria from herbicides contaminated agricultural soils). Villalobos, P., Hernández, M., Ávila M., González,

- M. y Seeger, M. Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Microbiología Molecular. Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaiso, Chile. <u>biaggini@cvmail.cl</u>.
- **134. VIGILANCIA MICROBIOLÓGICA DEL ESTERO POCOCHAY** (Microbiological Surveillance of the Tideland Pocochay).

Domínguez E. y Cid M. Laboratorio Ambiental, Departamento Subdirección Ambiental, Servicio de Salud Viña del Mar-Quillota. <u>labo@ssvq.cl</u>

135. EVALUACIÓN DE LA EFICIENCIA DE INACTIVACIÓN DE MICROORGA -NISMOS POR EL MÉTODO DE DESINFECCIÓN SOLAR DE AGUAS (SODIS). (Testing the Efficiency of the Microbial Inactivation by Solar Water Desinfection Method (Sodis).

Iriarte M., Almanza G., Encinas J., Jarro R., Navarro L., Romero A.M., Wegelin M.

Centro de Aguas y Saneamiento Ambiental, Universidad Mayor de San Simón Cochabamba Bolivia. Mechyi_2@hotmail.com

136. CALIDAD BACTERIOLÓGICA DEL AGUA DE POZOS PARA CONSUMO HUMANO, DE LAS PEÑAS (LA PAZ-CATAMARCA.REP. ARG.). (Bacteriological Quality of Water Underground for Human Consumption in Las Peñas (La Paz-Catamarca).

Vedia A. Tomasi G; Monferran C; Marcolongo R; Liz A; Cátedra de Microbiología. Facultad de Ciencias. Exactas y Naturales. U.N.Ca. E.-mail: ana2082002@yahoo.com.ar

137. DETECCIÓN DE Salmonella spp. EN CRIANZAS ARTESANALES DE GALLINAS AUTÓCTONAS CHILENAS MEDIANTE TÉCNICAS MICROBIOLÓGICAS Y MOLECULARES (Reacción en Cadena de la Polimerasa, PCR). (Salmonella spp. Detection in Chilean Craft Poultry Flocks Trough Both Microbiological and Molecular (Polimerase Chain Reaction) Techniques).

López, J.; A. Latorre & P. Gädicke

Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de Concepción, Campus Chillán. jlopez@udec.cl

CONFERENCIAS Y SIMPOSIOS

LA INTERACCION DE Salmonella CON SU CÉLULA HUÉSPED. (The interaction of Salmonella with it host cell).

Galan, JE.

Section of Microbial Pathogenesis, Boyer Center for Molecular Medicine, Yale School of Medicine, New Haven, CT 06536, U. S. A. jorge.galan@yale.edu

La interacción de Salmonella con su célula huésped puede considerarse una verdadero "díalogo bioquímico". Esta interacción conduce en Salmonella a la activación de un sistema de secreción de tipo III cuya función determina la secreción y translocación de moléculas efectoras bacterianas en la célula hospedera. Este sistema de secreción esta compuesto por una organelo localizado en la membrana bacteriana denominada "needle complex" ("complejo aguja"). Este organelo está compuesto por una base, anclada a la membrana celular a través de 4 anillos, y una extensión tipo aguja que se proyecta hacia el exterior de la bacteria. Las proteínas destinadas a ser secretadas por este sistema poseen señales específicas en su terminal amino que las guían por el camino de secreción. El proceso de secreción está ayudado por chaperonas específicas que escoltan a las proteínas efectoras hasta el aparato de secreción. Las moléculas efectoras causan en el interior de la célula una reorganización dramática del citoesqueleto de actina que se manifiesta en macropinocitosis y la formación de protusiones de la membrana que conducen a la internalización de la bacteria. Estas modificaciones requieren la participación de CDC42 y Rac, proteínas que se unen a GTP y a través de moléculas efectoras, determinan la reorganización del citoesqueleto de actina. Las proteínas efectoras inyectadas por Salmonella ejercen su función precisa en virtud de su habilidad de imitar ("mimic"), muy precisamente, la función de proteínas celulares. Una de las moléculas efectoras translocadas por Salmonella, SopE, actúa como un factor de intercambio ("exchange factor") que activa las GTPasas CDC42 y Rac. Entre los efectores de Salmonella además se encuentran una fosfatasa de fosfatidil inositol (SopB) y una proteína que se une a actina (SipA). SopB modula la acitividad macropinocítica de la célula huésped contribuyendo a la formación del nicho intracelular donde Salmonella se replica. SipA modula la entrada de bacterias mediante la restricción espacial de los cambios del citoesqueleto de actina como resultado de la infección por Salmonella. El mecanismo de acción de SipA se basa en su capacidad para disminuir la "concentración crítica" de actina, estabilizar los filamentos de actina y estimular la actividad de Fimbrin, otra proteína que influye la estructura de los filamentos de actina. Así, la función estabilizadora de SipA determina que las protusiones de la membrana sean más rígidas y que se proyecten más hacia el exterior, todo lo cual conduce en definitiva a facilitar la entrada bacteriana en la célula. Las respuestas celulares provocadas por Salmonella son de duración limitada ya que poco después de la infección la morfología celular recobra la normalidad. Esta rápida recuperación requiere la participación de SptP, otro efector translocado por el sistema de secreción de tipo III de Salmonella. SptP, por medio de su acción activadora de la función GTPasa (GAP) de CDC42 y Rac consigue la terminación de las respuestas celulares iniciadas por la propia Salmonella. De esta manera, S. typhimurium es capaz de modular el citoesqueleto de actina a través de una activación e inactivación alternada de CDC42 y Rac influenciando diferentes estados en la formación de protusiones de membrana. La regulación temporal de las actividades enzimáticas opuestas de SopE y SptP ocurre a través de su diferente vida media dentro de la célula. La manera en que Salmonella interacciona con su célula huésped constituye un extraordinario ejemplo de como la evolución conjunta facilita la modulación de las funciones celulares por parte del patógeno para alcanzar una interacción balanceada.

Referencias seleccionadas

Chen, L. M., S. Hobbie, and J. E. Galan. Science 274:2115-2118 (1996).

Kubori, T., Y. Matsushima, D. Nakamura, J. Uralil, M. Lara-Tejero, A. Sukhan, J. E. Galan and S.-I. Aizawa. Science 280:602-6051 (1998).

Hardt, W.-D., Chen, L.-M., Schuebel, K. E., Bustelo, X. R., and Galan, J. E. Cell 93, 815-826 (1998).

Zhou, D., and J. E. Galan. Science 283:2092-2095 (1999).

Galan, J. E. and A. Collmer. Science 284:322-328 (1999).

Fu, Y., and J. E. Galan. Nature 401:293-297 (1999).

Zhou, D., M. Mooseker and J. E. Galan. Proc. Natl. Ac. Sci. U. S. A. 96:10176-10181 (1999).

Stebbins, C. E. and J. E. Galan. Mol. Cell 6: 1449-1460 (2000).

Staskawicz, B. J., M. B. Mudgett, J. Dangl, and J. E. Galan. Science 292:2285-2289 (2001)

Stebbins, C. E. and J. E. Galan. Nature. 412:701-5 (2001).

Stebbins, C. E. and J. E. Galan. Nature. 414:77-81 (2001).

Galkin, V. E., A. Orlova, M. S. VanLoock, D. Zhou, J. E. Galan, and E. H. Egelman. Nature Struct. Biol. 9:518-21 (2002).

Buchwald, G., A. Friebel, J. E. Galan, W.-D. Hardt, A. Wittinghofer, K. Scheffzek. 2002. EMBO J. 21: 3286-3295 (2002).

Stebbins, C. E. and J. E. Galan. Nature Rev. Mol. Cell Biol. 4(9):738-43 (2003).

Kubori, T., and J. E. Galan. Cell (in-press) (2003).

EXPORTACIÓN DEL ANTÍGENO O DEL LIPOPOLISACÁRIDO (Export of O specific lipopolysaccharide).

Valvano, M.A.

Department of Microbiology and Immunology. University of Western Ontario, Canada. (mvlvano@uwo.ca)

LPS, a major component of the outer leaflet of outer membranes in Gram-negative bacteria, consists of lipid A, core oligosaccharide (OS), and in some bacteria, O-specific polysaccharide (or O antigen) that is made of repeating OS subunits. The biogenesis of LPS is a complex process involving various steps that occur at the plasma membrane followed by the translocation of LPS molecules to the bacterial cell surface. LPS biosynthesis involves a large number of enzyme activities, governed by more than forty genes. The core OS is assembled on preformed lipid A by sequential glycosyl transfer of monosaccharides, while the O antigen is assembled on undecaprenol-phosphate (Und-P), a polyisoprenoid lipid to which O antigen is linked via a phosphodiester bond. These pathways eventually converge by the ligation of the O antigen onto outer core domain of the lipid A-core OS acceptor, with the concomitant release of Und-PP. Und-P is also required as a lipid intermediate for the biosynthesis of other cell surface structures including peptidoglycan and the enterobacterial common antigen. Mutations in any of the wb* (formerly rfb) genes that are involved in the synthesis of the O polysaccharide result in rough mutants, which have a complete core structure. In some cases, wb* genes may be plasmid-encoded, while in other cases plasmid-mediated functions are required, in addition to chromosomal genes, for the biosynthesis of the O-polysaccharide. Typically, wb* gene clusters encode nucleotide sugar synthetases (for biosynthesis of the nucleotide sugar precursors specific to O antigens), and glycosyltransferases (for the sequential and specific addition of sugars that make the O-repeating unit). Additional genes encoding functions involved in the assembly of the O polysaccharide are also present in these clusters, such as wzy (O antigen polymerase) and wzx (putative O antigen flippase; see below) in some systems, and wzm (membrane component of ABC transporter) and wzt (ATP-binding component of ABC transporter) in others (16). In systems containing wzx and wzy, the average size distribution of the O polysaccharide chain is modulated by the product of wzz, a gene usually located in the proximity of wb* clusters. An O-ligase activity encoded by a gene located within the core OS cluster, waaL, is required for the transfer of the O-polysaccharide onto lipid A-core OS. From a mechanistic standpoint, the biogenesis of O-specific polysaccharides can be subdivided in the following stages: (i) the initiation reaction, (ii) the elongation/translocation/polymerization of O repeating subunits, (iii) the ligation reaction to the lipid A-core OS, and (iv) the recycling of the Und-PP polyisoprenoid carrier. The current mechanisms operating in the biogenesis of the O-specific LPS will be reviewed in this presentation and new data will be discussed related to function of the Wzx flippase and the role of stress responses in LPS surface expression.

COMPORTAMIENTO PRIÓNICO IN VIVO E IN VITRO DE LA MICROCINA E492.

(Microcin E492 behaves as a prion in vivo and in vitro).

Lagos R., Baeza M., Strahsburger E., Hetz C., Soto C. y Monasterio O. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile (rolados@uchile.cl).

La microcina E492 es una bacteriocina formadora de poros, de bajo peso molecular que es producida por *Klebsiella pneumoniae*, y que se secreta en forma activa o inactiva dependiendo de la fase de crecimiento. Las dos formas de la microcina tienen idéntica masa pero diferente estructura secundaria. La forma activa posee un alto contenido de estructura hoja-β en tanto que la forma inactiva tiene un mayor contenido de α-hélice. La forma inactiva es susceptible de ser convertida a la forma activa tanto *in vivo* como *in vitro*. La conversión a la forma activa está acompañada por un aumento en el contenido de hoja-β. La proteína que ha sido convertida tiene la capacidad de convertir a nueva proteína inactiva. Existe una similitud entre una parte de la secuencia de la microcina y la región conservada de los priones de mamíferos, lo cual sugiere que una secuencia discreta le confiere a estas proteínas la capacidad de comportarse como un prion. La microcina es la primera proteína en procariontes descrita con comportamiento priónico. Esto sugiere que el fenómeno de propagación de información biológica por transmisión de cambios conformacionales de proteínas es un proceso evolutivamente conservado en biología.

Financiado por FONDECYT 1020757.

PROBIOTICS - FACTS OR FICTION?

Möllby R.

Karolinska Institutet, MTC, Stockholm, Sweden. roland.mollby@mtc.ki.se

The indigenous bacterial flora of the human body constitutes an important organ, the functions and mechanisms of which are largely unknown. For a hundred years there has been interests to change and improve this flora in order to improve health or to cure a disease. This was often performed through the addition of living bacteria, called probiotics, either orally or locally. For traditional reasons, lactobacilli have been the most popular genus of choice, but several other genera have been used. A number of prophylactic and/or curative effects have been claimed but few have been proved and understood. However, the last five to ten years there has been a renewed interest in these matters in the western world, both commercially and scientifically.

Several studies have been performed with convincing results of various effects obtained by probiotic bacteria, both experimentally on the cellular level and in animals. Finally, clinical studies have been performed, sometimes with very convincing results.

The scientific area is at present in a very exciting and confusing state, i.e. promising experimental results can (sometimes) be understood but do not seem to be valid or can not be proven to be valid in the clinical context, while some of the positive (and negative) clinical results are difficult to conceive by the microbiological scientist and/or to prove in the laboratory. The lecture will deal with some of these apparent paradoxes, giving examples and reflections on the above. The question of probiotic risks will also be discussed. The implications of our increased knowledge and confusion has also a bearing on the legal situation for probiotics and for Health Food in the European union.

ASTROBIOLOGY

McKay, Ch P.

Space Science Division, NASA Ames Research Center, Moffett Field, CA 94035 USA. cmckay@mail.arc.nasa.gov

Astrobiology is an emerging interdisciplinary field that seeks to understand the origin and distribution of life in the universe. Clearly, the only planet on which we know life exits is the Earth and, of necessity, we therefore base our ideas about life elsewhere on our knowledge of life on Earth. Studies of the origin of life on Earth, the evolution of microbial life, and the survival of life in extreme environments are all relevant to astrobiology. Beyond the Earth, the planets of most interest to astrobiology are Mars and Europa. Today, Mars is a cold, dry, desert world and its surface is probably lifeless. However there is considerable evidence that in the past Mars had liquid water stable on the surface. Further out in the Solar System, there is consistent evidence that Europa, one of the moons of Jupiter, has an ocean of water below the surface layer of ice. Evidence of life in that ocean might be present on the surface. When we explore Mars and Europa we are not just seeking evidence of life but we wish to know the nature of that life and to determine if it has a shared origin with life on Earth or, more interestingly, represents a second genesis of life. For this determination we need preserved biological materials not just fossils.

MARS-LIKE SOILS ON EARTH IN THE ATACAMA DESERT, CHILE

Navarro-González R¹, Rainey FA², Molina P¹, Bagaley DR², Hollen BJ², de la Rosa J¹, Small AM², Quinn RC³, Grunthaner FJ⁴, Cáceres L⁵, Gomez-Silva B⁶, McKay ChP⁷.

1. Laboratorio de Química de Plasmas y Estudios Planetarios, Instituto de Ciencias Nucleares, Universidad Nacional Autónoma de México, Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Apartado Postal 70-543, México D.F. 04510, México; 2. Department of Biological Sciences, 202 Life Sciences Building, Louisiana State University, Baton Rouge, LA 70803, USA; 3. SETI Institute, NASA Ames Research Center, Moffett Field, CA 94035-1000, USA; 4. Jet Propulsion Laboratory, Pasadena CA, 91109, USA; 5. Instituto del Desierto y Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de Antofagasta, PO BOX 170, Antofagasta, Chile; 6. Instituto del Desierto y Unidad de Bioquímica, Departamento Biomédico, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, PO BOX 170, Antofagasta, Chile; and 7. Space Science Division, NASA-Ames Research Center, Moffett Field, CA 94035-1000, USA

The Viking Missions to Mars showed the martian soil to be lifeless and depleted in organic material, and indicated the presence of one or more reactive oxidants. Here we report the presence of Mars-like soils in the extreme arid region of the Atacama Desert. Chemical and microbiological studies indicate the presence of organics at trace levels composed primarily of highly oxidized organic refractory material, extremely low levels of culturable bacteria and no recoverable DNA in the soil. We have simulated the Viking Labeled Release experiment in Atacama using formate and separate biological and non-biological isomers of alanine and glucose, and found that there is active decomposition of organics and it is entirely non-biological.

MICROBIOLOGY OF EXTREME ARID SOILS. (Microbiología de suelos áridos extremos). Rainey FA.

Department of Biological Sciences, Louisiana State University, Baton Rouge, LA 70803 USA. frainey@lsu.edu

The Atacama Desert, Chile comprises a coastal, temperate desert that stretches from 17°S to 28°S. In the northern region it represents one of the driest natural environments on Earth. The area around 24°S represents the most arid region with basically no recorded rainfall and devoid of vegetation and evidence of primary productivity. Sites along the 70°W longitude line starting at 24°S and extending to 28°S, representing areas with varying degrees of precipitation were sampled. Both culture and culture-independent approaches have been used to study the microbiology of these sites. In addition air samples were collected to study the microbial input from other sources. Results to date indicate that 1) there is an increase in numbers and diversity with increasing moisture availability, 2) there are sites in the arid core region from which no or few bacteria can be isolated, 3) microbial patchiness exists within the core region and 4) the air in the arid region contains very low levels of culturable bacteria. The results from the Atacama Desert will be compared with those from less arid regions in the US. These extreme arid soils represent environments that could be important for the design and implementation of planetary protection protocols.

HOMENAJE A DR. JUAN NOÉ CREVANI (1877-1947). (Homage to Dr. Juan Noé Crevani, 1847-1947).

Silva, J.

Departamento de Tecnología Médica - INDES, Universidad de Antofagasta. jsilva@uantof.cl Juan Noé Crevani nació en Italia en el año 1877. Obtuvo su título de médico en 1902, Universidad de Pavia. Fue discípulo de Grassi y muy pronto se destacó en la investigación científica biológica, interesándose en el estudio de la malaria. En 1912, llegó a Chile contratado por la Facultad de Medicina de la Universidad de Chile. Allí lideró pioneros y grandes cambios: reformuló los planes de estudios de la Carrera de Medicina, incorporando en ellos una sólida base científica y humanista; introdujo las cátedras de Biología General, Anatomía, Histología y Parasitología; creó laboratorios para realizar las actividades prácticas de los alumnos; formó ayudantes y lideró la investigación biológica con un importante acervo humanístico.La docencia médica y la investigación alcanzaron un gran desarrollo bajo su liderazgo. En Chile, inspiró a un importante número de destacados discípulos que incluyen a Cruz-Coke, Gasic, Hoecker y Neghme, a los cuales hizo partícipe de sus investigaciones relevantes y les enseñó a aplicar el rigor científico, que se hizo tradicional en las investigaciones en ciencias biomédicas. Uno de los más importantes galardones de su tarea laboriosa como investigador y salubrista fue la erradicación de la malaria, parasitosis endémica en esa época que afectaba al norte de Chile. Otro de sus grandes logros, lo constituye el completo estudio de las infecciones por Ancylostoma duodenalis, helminto que ocasionaba una grave anemia en los mineros del carbón en Lota, logrando que la enfermedad fuera erradicada en 3 años. Otras importantes investigaciones fueron las realizadas sobre Trypanosoma cruzi, parásito causante de la enfermedad de Chagas en la zona central, junto a Amador Neghme y muchos otros discípulos. El Dr. Noé fue un hombre sabio, destacado biólogo y gran maestro humanista, que formó una gran escuela de investigadores y salubristas. Como un homenaje a la erradicación de la malaria en Arica, hoy en día el Hospital Regional de esa ciudad lleva el nombre "Dr. Juan Noé". Estos hechos nos han motivado a designar el XXV Congreso Chileno de Microbiología, que por primera vez se realiza en el norte de Chile "Dr. Juan Noé (1877-1947), como un merecido homenaje a este gran hombre de ciencias e ilustre maestro, que dejó una pléyade de discípulos que supieron continuar fielmente su obra en muchos ámbitos de las ciencias biológicas.

BIOTERRORISMO

Ledermann, W.

Unidad de Segunda Infancia. Hospital Dr Luis Calvo Mackenna. Santiago.

Utilización de microorganismos, sus toxinas o substancias químicas tóxicas, en atentados contra población civil, con el fin de generar terror y llamar la atención hacia una causa minoritaria u obtener concesiones políticas.

Es una aplicación secundaria de la guerra microbiológica, cuyos orígenes datan del sitio de Jaffa en 1530, cuando los tártaros enviaron la peste sobre las murallas. En los tiempos modernos, EEUU hizo serios estudios con toxina botulínica, que culminaron paradojalmente con la aplicación médica del producto. Con la firma en 1972 de la Convención de Armas Biológicas y Toxinas, dicha nación puso término a la investigación en este campo. Si no bastaran para ello las innegables razones éticas, habría que sumar consideraciones prácticas y económicas derivadas de esa investigación.

El bioterrorismo busca atemorizar distribuyendo al azar una muerte cierta. Una somera revisión de microorganismos de fácil manipulación, transporte y distribución masiva, con alta letalidad, nos lleva a las bacterias que sean a la vez esporuladas y toxigénicas: *Clostridium* y *Bacillus*. Bacterias causantes de epidemias que inspiran terror por su nombre, como la peste negra y el cólera, presentan serias dificultades en su manejo y dudosa efectividad. Virus de alta letalidad no son fácilmente cultivables en gran escala.

En la cínica filosofía del terrorismo, las armas convencionales tienen innegables ventajas de elaboración y distribución, con menos riesgos para los terroristas mismos, lo cual hace el empleo de armas biológicas más teórico que real. No por ello deben descuidarse las estrategias preventivas, claramente establecidas ya en todos los países amenazados, incluso el nuestro.

ENTEROCOCCAL RESISTANCE IN ENVIRONMENT AND MAN (Resistencia de enterococos en el medio ambiente y en humanos).

Möllby R, Kühn I, Iversen A.

MTC, Karolinska Institutet, SE17177 Stockholm, Sweden. roland.mollby@mtc.ki.se.

The enterococci are members of the normal intestinal flora in man and animals. They are thus released into the environment by animal and human faecal materials. They often cause infections in hospitalised patients, which may be very difficult to treat due to their ability to acquire high-level resistance to most antimicrobial agents. Especially vancomycin resistant enterococci (VRE) have caused interest, since vancomycin has for long been a drug of last resort for treatment of infections caused by multi resistant staphylococci and enterococci. Also ampicillin resistant Enterococcus faecium (ARE) is showing increasing prevalences in isolates associated to human infections.

The epidemiology of VRE differ in different parts of the world. In the United States VRE is thought to have evolved and spread due to heavy use of glycopeptides in the hospitals, and are uncommon outside the hospital environment. In Europe VRE are increasingly common in hospitals but also outside the hospital environment among humans and animals in the community. One reason for this high prevalence of VRE is believed to be the previous use of the glycopeptide avoparcin as a feed additive in animal husbandry. This theory is supported by the fact that the incidence of VRE in Europe has decreased since a ban of antibiotic feed additives was introduced in 1997.

The enterococcal populations in more than 4000 samples from various human, animal, and environmental sources in four European countries (Sweden, UK, Denmark, and Spain) were studied during 1997-2002.

It was found that VRE were common in samples from urban and hospital sewage, in all countries studied, and in samples from pig manure in the UK and Spain. Sweden previously had a very low incidence of VRE in samples of animal origin, but during 2002 and 2003 VRE have become increasingly common in samples from chicken farms. In Sweden, ARE were common in samples from hospitalized patients (21%) and hospital sewage but almost not at all found in samples related to animal production.

The clonal distribution of more than 20.000 resistant and non resistant enterococcal isolates from these investigations were studied by PhenePlate typing. VRE isolated from Europe during 1998-2000 showed a high diversity, and in no case identical strains were found in animals and humans, indicating that these VRE were more derived from horizontal gene transfer than from spread of certain vancomycin resistant clones. However, the VRE emerging in Swedish chicken after year 2001 were very homogeneous, a firm evidence that a certain clone of VRE has emerged in Swedish chicken farms. Among ARE isolates from hospitalized patients a single clonal group showed a clear dominance in 27 hospitals studied in Sweden. This clonal group could also be traced to hospital and urban sewage, but was not found in any samples related to animal production

Thus, hospital strains of resistant enterococci in general appear to be clones that are confined to and spread among humans, i.e. a situation that is more similar to that in the USA than it was in Europe some years ago. It seems as if the danger of spreading multi-resistant enterococci in humans is mainly associated to use of antibiotics in the human population. However, since there is an environmental reservoir of such bacteria, precautions should be taken to limit the release of antibiotic-resistant enterococci into the environment.

RESISTENCIA BACTERIANA FENOTIPICA A LOS AGENTES ANTIBACTERIANOS

Zemelman, R.

Facultad de Ciencias y Tecnología, Universidad San Sebastián, Concepción, Chile. rzemelman@uss.cl La resistencia de las bacterias a los antibacterianos ha sido motivo de exhaustivos estudios, pero gran parte de ellos se han dirigido a los aspectos genéticos de los mecanismos de resistencia y de su epidemiología. Diversos autores han enfatizado la importancia de los factores del medio ambiente en que actúan estos compuestos, los que pueden afectar seriamente el comportamiento del antibacteriano y hacer fracasar la terapia antimicrobiana. Entre estos factores cabe destacar el pH, con fuerte influencia, por ejemplo, sobre la actividad de los antibacterianos aminoglicósidos, el nivel de aerobiosis que también ejerce influencia sobre estos mismos compuestos. El estado fisiológico en que se encuentra el microorganismo infectante ha sido también mencionado como factor importante.

En los últimos años se ha evidenciado el rol que juega el crecimiento bacteriano en forma de biopelículas sobre los niveles de susceptibilidad de las bacterias a los antibacterianos, incluso en los teiidos.

En esta presentación, se efectúa una revisión y análisis acerca de la importancia de estos factores en la actividad de los antibacterianos y se presentan algunos ejemplos de tipo experimental que demuestran su influencia. Se enfatiza la necesidad de considerar estos factores en estudios destinados a orientar la terapia antibacteriana.

RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN BACTERIAS GRAM NEGATIVAS AMBIENTALES (Antibiotic resistance among environmental Gram-negative bacteria)

González-Rocha G. Grupo de Investigación en Resistencia a Antibióticos (G.I.R.A.). Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. Concepción. Chile. ggonzal@udec.cl.

Durante más de 50 años los antibióticos han otorgado innumerables beneficios al hombre y a animales, tanto domésticos como de importancia económica, controlando eficientemente las enfermedades infecciosas causadas, principalmente, por bacterias Gram negativas, lo que se ha traducido en una reducción importante de pérdidas económicas. Sin embargo, la creciente utilización de agentes antimicrobianos en pisciculturas, granjas avícolas y porcinas, en prácticas agrícolas, como también la descarga directa de aguas de desecho en los ríos, ha permitido el aumento de bacterias resistentes a los antibióticos en ambientes naturales, debido a la presión selectiva ejercida por los residuos de estos compuestos que son eliminados en ambientes acuáticos y terrestres. Los ambientes naturales no sólo se convierten en reservorio de genes de resistencia, sino que también actúan como un medio adecuado para la diseminación y evolución de diversos vectores genéticos que portan los genes de resistencia a los antibióticos. En este escenario, juegan un importante rol fenómenos genéticos como la conjugación, la transformación y la transducción bacteriana, procesos que permiten que genes de resistencia sean transferidos intra e interespecíficamente por plásmidos, transposones, bacteriófagos, integrones y cassettes genéticos de resistencia. En varios de los estudios que hemos realizado en Chile, se ha asociado la mayor frecuencia de bacterias resistentes con ambientes que exhiben un mayor grado de contaminación fecal, lo que indica que la actividad antropocéntrica es un importante factor que condiciona la resistencia a antibióticos en ambientes acuáticos y terrestres.

Burkholderia cepacia: UN PATÓGENO OPORTUNISTA. (Bukholderia cepacia: an opportunistic pathogen).

Valvano, M.A.

Department of Microbiology and Immunology. University of Western Ontario, Canada. (mvlvano@uwo.ca)

Isolates of the Burkholderia cepacia complex are Gram-negative opportunistic pathogens. Usually harmless while surviving in the soil, these bacteria can cause devastating infections in patients with cystic fibrosis (CF) and chronic granulomatous disease. Pseudomonas aeruginosa is the predominant respiratory pathogen in CF patients, but the disease risk for infection with B. cepacia complex in patients with CF is substantially higher than with P. aeruginosa alone or with bacteria other than B. cepacia or P. aeruginosa. Although the clinical outcome among CF patients infected with B. cepacia complex varies greatly, infections in some patients result in a rapidly progressive and fatal bacteremic disease. Furthermore, isolates of the B. cepacia complex have the potential for patient-to-patient spread, both within and outside the hospital. Recent taxonomic studies demonstrated that strains identified as B. cepacia comprise a complex of closely related species or "genomovars", collectively called the B. cepacia complex. This complex consists of at least nine species sharing a high degree of 16S rDNA and recA sequence similarity and moderate levels of DNA-DNA hybridization. Strains of each of the species within the B. cepacia complex have been isolated from CF patients; however, some are more common than others. Isolates of the B. cepacia complex are inherently resistant to many antimicrobial agents. The wide spread antibiotic resistance of these bacteria has proven extremely problematic for the treatment of infections. Furthermore, the lack of sensitivity to antibiotics commonly used for genetic selection complicates genetic studies in this pathogen by drastically limiting the choice of antibiotic resistance gene markers for mutagenesis and complementation experiments. I will describe our recent research developing new genetic tools to handle B. cepacia including a novel screen for survival-defective mutants obtained signature tagged mutagenesis using a rat model of chronic lung infection. I will also describe properties of the phagocytic vacuoles in amoebae, where B. cepacia resides without intracellular replication, and the implications of our findings to understand the pathogenesis of opportunistic soil bacteria in general.

INGRESO DE CHILE A LA UNION EUROPEA: UNA OPORTUNIDAD PARA LA INVESTIGACIÓN EN EL AREA DE LOS ALIMENTOS

Figueroa G.

Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

La firma del tratado de libre comercio con la Unión Europea (UE) abre una amplia puerta con grandes posibilidades de colaboración en Ciencia y Tecnología. En condición de socio Chile puede participar en el Sexto Programa Marco, un esfuerzo de Europa para alcanzar los estándares de gasto en investigación propios de Japón, Estados Unidos y otros países desarrollados. En el contexto de este Programa Europa se ha fijado prioridades entre las cuales hay varias que resultan altamente atractivas para nuestro país.

Uno de los temas que el Gobierno de Chile consideró prioritario y que forma parte del llamado hecho por el 6º PM es el de la Inocuidad y Calidad de Alimentos. Chile es un país exportador de alimentos hacia la UE, especialmente en el ámbito de frutas y hortalizas, carnes, vinos y otros productos. De acuerdo a nuevos conceptos, se ha establecido que la Industria debe cumplir con los intereses de los consumidores (from fork to farm), quienes, adecuadamente informados, definen que alimentos desean consumir, determinando con esto su producción y comercialización. En el caso de los países desarrollados, no existe relación directa con la producción de alimentos por ser muchos de ellos de origen importado. Es por esto que es del mayor interés desarrollar acciones que conjuguen las necesidades de los consumidores europeos con los requisitos exigidos a los países exportadores, en este caso Chile, para mejorar la cadena Agroalimentaria en beneficio de la salud y nutrición de las personas. La globalización del acceso a los alimentos ha coincidido con el aumento sostenido de los episodios de toxi-infección alimentaria, gastroenteritis y otras infecciones (tifoidea, hepatitis etc.), generando un fuerte impacto sobre la Salud Pública y la economía. Por ello la contaminación de los alimentos está hoy en la agenda de todos los Gobiernos y preocupa a los consumidores en todo el mundo. Los consumidores organizados exigen, cada vez con mayor vigor, que los alimentos sean de alta calidad nutricional y además cumplan estrictamente con las normativas de inocuidad. Esta situación ha llevado a los Gobiernos de los países mas industrializados a crear o reforzar los programas para asegurar la inocuidad de los alimentos, lo que incluye particularmente aquellos de origen importado.

El panorama descrito exige un cambio en la orientación de la investigación científica en el área de la inocuidad de los alimentos. Hoy se hace indispensable cubrir todo el ámbito de la cadena agroalimentaria, desde cómo se siembra o cómo se alimenta a un animal hasta lo que llega a la mesa y como se sirve para nutrir al ser humano. Es necesario reforzar los recursos humanos así como aplicar innovación tecnológica que permita responder a los requerimientos de un país que desea insertarse en la globalización.

Uno de los factores que dificulta la investigación en el área de la inocuidad de los alimentos es que no se dispone de bases de información científica que permitan un adecuado análisis de riesgo. Ello involucra la detección de los patógenos y el cálculo de su prevalencia en los distintos productos alimentarios, ya sean de consumo interno como de exportación. Para llenar esta necesidad es imperioso que las diferentes agencias del Estado, los entes académicos así como las Empresas y los consumidores contribuyan a darle a este tema el respaldo financiero que requiere. El mejor camino no parece ser el que pasa por los esfuerzos individuales y aislados sino que aquel de tipo colectivo que tiene por meta el beneficio país. Se requiere por ende una instancia que concerte a los mencionados actores ponga en acción a equipos de científicos y tecnólogos lo que en el mediano plazo permitirá contar con información científica valiosa. Sin esta base será muy dificil defender a nuestros consumidores, así como los derechos de nuestro país en los Organismos Internacionales cuando los diferendos que, de seguro se incrementarán, lo haga indispensable.

ATRAPADOS EN LA RED: GENÓMICA FUNCIONAL DE LA DIVISIÓN CELULAR

Álvarez J, Ferrero L, Mingorance J, **Vicente M**. Centro Nacional de Biotecnología. CSIC, Campus de Cantoblanco 28049 Madrid, España.

La regulación del grupo de genes *dcw*, en el que se encuentra una gran parte de los genes cuyos productos son esenciales para la división celular y la síntesis de la pared bacteriana, lejos de seguir las pautas sencillas que controlan muchas de las rutas fisiológicas de las bacterias, incluye señales y redes reguladoras complejas que pueden responder a estímulos muy variados. Por otro lado no hemos detectado ningún regulador individual del grupo *dcw* cuya presencia sea absolutamente esencial para la supervivencia de la célula.

La aplicación de la genómica funcional suministra una nueva herramienta para desvelar los nodos de la red reguladora que utiliza la célula para conectar el crecimiento con la división. Así hemos analizado los tres subconjuntos del genoma de *Escherichia coli* formados por los genes cuyo patrón de expresión a distintas velocidades de crecimiento se ajusta al de los promotores caja de cambios (*gearbox*), estrictos (*stringent*) o de mantenimiento (*housekeeper*). Los resultados demuestran que el subconjunto de genes con expresión del tipo *gearbox* incluye al menos 35 genes. Entre ellos se encuentra *bolA*, un gen que interviene en la regulación global de la célula y uno de cuyos promotores, *bolA1p*, es el paradigma de promotores *gearbox*.

También hemos estudiado la variación de los niveles de transcritos en condiciones en que BolA está ausente con respecto a la situación de la célula parental y la hemos correlacionado con las variaciones correspondientes cuando el nivel de BolA es más de cuatro veces superior al normal. Los resultados indican que BolA se conecta con los procesos de división, morfología y supervivencia y también regula la expresión de otros reguladores. Una de las consecuencias de la interconexión de BolA con otros reguladores globales como *cyaA* es el establecimiento de redes reguladoras en las que se posiblemente se integran varios estímulos y que en este caso podemos ver que confluyen en la regulación de la expresión del gen *fisZ*.

A primera vista sorprende que pese a que la proteína FtsZ juega un papel crucial en la división de *E. coli* no se haya encontrado ningún regulador específico que sea esencial para su síntesis. Sí que hemos encontrado de todas formas genes que modulan la expresión de *ftsZ*, entre ellos aparece de nuevo el gen *cyaA*. Asimismo hemos observado que la red reguladora que engloba la regulación de FtsZ, en la que participan CyaA (adenilato ciclasa) y BolA, contiene mecanismos compensatorios que por un lado contribuyen a que la célula no se divida cuando llega a fase estacionaria, pero por otro permiten conservar un nivel de proteína FtsZ que contribuye a mantener la viabilidad celular en esas condiciones.

THE USE OF MULTICOLOR IMAGE ANALYSIS TOOLS FOR THE STUDY OF MICROBIAL COMMUNITIES.

Ogawa, M.

Genome Information Research Center, Osaka University. Suita, Osaka 565-0871 Japan

Epifluorescence microscopy has become the major tool for direct enumeration of bacteria without cultivation in environmental microbiology. However, this method requires skillful operator and takes much time for counting bacteria. Moreover, environmental samples often contain detritus that binds with fluorochromes, and it can lead inaccurate enumeration of bacteria by visual counting. In this study, I developed a digital image analysis system, capable of distinguish multi-fluorochrome-stained bacteria with colorimetric analysis, and applied to environmental samples for enumeration of bacteria, assessment of their activities.

This system was also applied to detection of Escherichia coli in ultra-heat-treated milk, triple-stained with fluorescent antibody, respiratory fluorochrome, and nucleic acid stain.

The system required just a few minutes for counting bacteria, and could be easily applied to the rapid evaluation of microbial populations in various environments.

ACTIVIDADES MICROBIANAS EN LOS CICLOS OCEÁNICOS DEL AZUFRE Y DEL CARBONO ESTUDIADAS DESDE SATÉLITES. (Microbial activities in the oceanic sulfur and carbon cycles studied by remote sensing).

Simó R.(a), Vallina, S.(a), Dachs, J.(b) y Pedrós-Alió, C.(a)

Institut de Ciències del Mar (a) o Institut d'Investigació i Desenvolupament; (b), CSIC, Barcelona, España. cpedros@icm.csic.es

Por definición los microorganismos solamente son visibles bajo el microscopio. Sin embargo, su abundancia en los océanos y el impacto de sus actividades a escala global hancen necesario y posible su estudio desde satélites. En la presente comunicación presentamos dos ejemplos que conciernen a los ciclos del azufre y del carbono en el océano. En el primer caso hemos estudiado la producción y emisión a la atmósfera del DMS (dimetilsulfuro). Este compuesto es porducido por el plancton microbiano y, debido a su volatilidad pasa a la atmósfera, donde parece jugar un papel esencial en uno de los mecanismos biológicos de regulación del clima. Por tanto, disponer de los flujos de este gas es necesario para cualquier modelo de cambio global. Hemos desarrollado un algoritmo que permite predecir la concentración del compuesto DMS a partir de la clorofila (obtenida de satélites) y la profundidad de la capa de mezcla (obtenida de climatologías). La información obtenida se puede combinar con valores de temperatura superficial y velocidad de viento (ambas obtenidas a partir de satélites) para predecir los flujos de DMS a la atmósfera. En el segundo caso hemos analizado la producción bacteriana heterotrófica. Esta actividad microbiana, combinada con estimaciones de la eficiencia de las bacterias, permitiría determinar la proporción de la producción primaria que circula a través del bucle microbiano y, por lo tanto, el balance entre la materia orgánica sedimentada y la respirada. Estamos desarrollando un algoritmo que permite predecir este parámetro a partir de la temperatura y de la clorofila. En resumen, la información proporcionada por los satélites, combinada con los algoritmos apropiados, constituye una herramienta muy poderosa para estudiar el papel de los microorganismos en el océano.

Financiamiento. Este trabajo ha sido financiado por el proyecto "AMIGOS: Algoritmos, modelos e integraciones globales para el estudio del océano superficial y su papel ante el cambio global"

REN2001-3462 del Ministerio Español de Ciencia y Tecnología.

OPTIMIZACIÓN DEL CULTIVO DE MOLUSCOS MEDIANTE EL USO DE MICROORGANISMOS MARINOS. (Optimization of mollusk culture by the use of marine microorganisms).

Riquelme C., Rojas A, Silva F, Araya R, Avendaño R, Zapata M, Infante C, Lody M. Laboratorio de Ecología Microbiana, Depto. de Acuicultura, Universidad de Antofagasta (criquelme@antof.cl)

El desarrollo de la acuicultura de invertebrados marinos en Chile, ha tenido un fuerte crecimiento en los últimos 15 años. Sin embargo este crecimiento aún no satisface la alta demanda de moluscos de los mercados internacionales. El factor limitante de la producción artificial de moluscos es la alta fluctuación en la cantidad de semillas obtenidas en los criaderos

comerciales, lo cual genera producciones inestables. El objetivo de las investigaciones desarrolladas en nuestro laboratorio, es mejorar la producción de semillas de moluscos, mediante el uso de herramientas microbiológicas. Un campo de estudio esta enfocado en incrementar la producción de semillas de Ostión del Norte (*Argopecten purpuratus*), optimizando la fijación y sobrevivencia poslarval, a través del uso de biopelículas microbianas. Además se ha logrado implementar un sistema de producción masiva de biopelículas estimuladoras del asentamiento larval, lo cual permitirá incrementar la producción de semillas.

Nuestros estudios han permitido: 1) Implementar el uso de microorganismos marinos como una herramienta optimizadora de la producción comercial de moluscos. 2) Establecer protocolos microbiológicos para las etapas de asentamiento de larvas de moluscos.

3) Incorporar nuevas tecnologías en sistemas comerciales con el uso de biopeliculas microbianas. Financiamiento Fondef D00I1168 y D02I1098

MECHANISMS OF INFECTION BY Trypanosoma cruzi.

Yoshida, N.

Departamento de Microbiología, Imunología e Parasitología, Escola Paulista de Medicina, Universidade Federal de São Paulo

The main focus of our study is the elucidation of molecular mechanisms of *T. cruzi* infection with focus on cellular invasion and signal transduction.

Working with metacyclic trypomastigotes of different *T. cruzi* strains, we have found an association between infectivity and expression of surface glycoproteins. Metacyclic forms of G and CL strains, which belong to distinct phylogenetic lineages, differentially express surface molecules with cell binding and Ca²⁺ signaling activities. The metacyclic stage-specific gp90 is detectable by MAb 1G7 in G strain, which does not produce patent infection *in vivo* and has reduced cell invasion capacity *in vitro*, but not in CL strain, which produces high parasitemias in mice and is highly invasive *in vitro*. Several evidences indicate that gp90 is a negative modulator of host cell invasion. Another surface glycoprotein differentially expressed in G and CL strains is the mucin-like molecule gp35/50. G strain, but not CL, expresses gp35/50 molecules containing β-galactofuranose residues, detectable by MAb 3F6 10D8. As regards the metacyclic stage-specific gp82, it is expressed at comparable levels in the two strains. Cell invasion assays, in the presence of purified *T. cruzi* molecule or specific monoclonal antibody, has suggested the involvment of gp82 and gp35/50 in the internalization of CL and G strains, respectively.

An essential requirement for *T. cruzi* internalization is intracellular Ca²⁺ mobilization, both in the parasite and the host cell. Gp82, and to a lesser degree gp35/50, but not gp90, induces Ca²⁺ signal in the parasite and the host cell and all of them bind to target cells in a receptor-mediated manner. We presume that the efficient host cell entry of CL strain is mediated predominantly by gp82, whereas in G strain the presence of gp35/50 and gp90 leads to a less productive interaction. Using drugs that affect mammalian cell signaling processes, to treat the parasites before cell invasion, we have found that distinct signal transduction pathways are activated in G and CL strain metacyclic forms during parasite internalization. In CL strain, the interaction of gp82 with its receptor results in the activation of protein tyrosine kinase (PTK), which phosphorylates a 175 kDa protein (p175), non detectable in non infective epimastigote forms. PTK activation is associated with Ca²⁺ release from reservoirs (possibly endoplasmic reticulum) susceptible to inositol-1,4,5-triphosphate, which is generated by phospholipase C. Differently from CL strain, PTK activation is not required for invasion of G strain metacyclic forms, and Ca²⁺ appears to originate mainly from acidic compartments containing Ca²⁺/H⁺ exchange system (Neira et al., 2002).

Recently, we initiated experiments of oral infection by *T. cruzi*. Hoft (1996) has shown that metacyclic trypomastigotes, when inoculated into mice by oral route, consistently infect 100% of animals, producing high parasitemias, whereas blood trypomastigotes rarely initiate mucosal infection. According to Hoft et al. (1996), the parasite invades and replicates in the epithelium of the gastric mucosa. In our study, oral administration of CL strain metacyclic forms pretreated with MAb 3F6 directed to gp82 resulted in greatly reduced parasitemias, as compared to the controls inoculated with parasites treated with unrelated monoclonal antibody. We found that metacyclic forms are resistant to digestion by pepsin, at acidic pH, a treatment that preserves gp82 intact and does not affect the parasite infectivity. From these data, and the observation that gp82, but not gp90 or gp35/50, binds to gastric mucin *in vitro* (Neira et al. 2003), we deduce that gp82 mediates the interaction of parasites with the gastric mucin and the subsequent penetration into underlying epithelial cells.

References

Hoft, D.F. 1996. Differential mucosal infectivity of different life stages of *Trypanosoma cruzi*. Am. J. Trop. Med. Hyg. 55: 360-364.

Hoft, D.F., P.L. Farrar, K. Kratz-Owens, and D. Shaffer. 1996. Gastric invasion by *Trypanosoma cruzi* and induction of protective mucosal immune responses. Inf. Immun. 64: 3800-3810.

Neira, I., A.T. Ferreira, and N. Yoshida. 2002. Activation of distinct signal transduction pathways in *Trypanosoma cruzi* isolates with differential capacity to invade host cells. Int. J. Parasitol. 32: 405-414.

Neira, I., F.A. Silva, M. Cortez, and N. Yoshida. 2003. Involvement of *Trypanosoma cruzi* metacyclic trypomastigote surface molecule gp82 in adhesion to gastric mucin and invasion of epithelial cells. Infect. Immun. 71: 557-561.

ESTUDIOS SOBRE EL CONTROL DEL CICLO CELULAR DE Trypanosoma cruzi.

Téllez-Iñón M.T.

INGEBI- CONICET; FCEyN- UBA. Vta. Obligado 2490, 2do. piso- 1428 Buenos Aires Argentina. Email:mtellez@dna.uba.ar

El control del ciclo celular en tripanosomátidos es un mecanismo complejo que recién comienza a ser dilucidado. Las quinasas de proteínas descriptas en todos ellos, incluyendo las clonadas en nuestro laboratorio en *Trypanosoma cruzi*: TzCRK1 y TzCRK3, pertenecen al grupo denominado CRKs, quinasas relacionadas a cdc2 (Gómez et al., 1998, Santori et al., 2002).

Empleando el sistema de doble-híbrido se identificaron 3 proteínas noveles cyclin-like capaces de asociarce con TzCRK1. Se demostró que dos de estas ciclinas tambien se unen a TzCRK3 indicando que estas dos CRKs son quinasas dependientesde ciclinas (Gómez *et al.*, 2001).

En los distintos estadíos de *T. cruzi* se determinó el patrón de expresión de TzCRK3. El ARNm de TzCRK3 es más abundante en el estadío amastigotes, que en epimastigotes o tripomastigotes. Ensayos de Western blot mostraron, en epimastigotes la presencia de una proteína del peso molecular esperado 35 kDa, mientras en amastigotes y tripomastigotes, las bandas específicas son de menor movilidad. En epimastigotes además se identificó una proteína quinasa que se asocia a p13^{suc1}-agarosa. TzCRK3 endógena presenta actividad quinasa de histona H1, sensible a inhibidores de CDKs: flavopiridol, roscovitina y olomoucina. Flavopiridol inhibió el crecimiento de epimastigotes en cultivo, aunque no en forma total. La actividad quinasa de TzCRK3 de dichos epimastigotes se inhibió en forma dosis dependiente. La actividad de quinasa de histona H1 asociada a p13^{suc1} mostró variaciones estadío específicas y similar inhibición por CKIs que TzCRK3. En epimastigotes sincronizados la expresión de TzCRK3 es constante, mientras que la actividad aumentó en G2/M y luego decae; la actividad quinasa asociada a p13^{suc1} aumenta tambien, pero se mantiene hasta M. Los patrones de actividad y expresión de TzCRK3 son típicos de una CDK. Esta evidencia indica que TzCRK3 está involucrada en el control del ciclo celular de *T. cruzi*, controlando el pasaje de G2/M, y otra CRK estaría regulando la salida de M.

PAPEL DE LA FOSFATASA 2A EN EL REMODELAMIENTO DE *Trypanosoma cruzi* (Role of Protein phosphatase 2A in *Trypanossoma cruzi* remodeling).

González J.

Unidad de Parasitología, Departamento de Tecnología Médica, Universidad de Antofagasta

Trypanosoma cruzi es el agente causal de la enfermedad de Chagas, la cual afecta a cerca de 18 millones de personas en América Latina. La infección es iniciada por las formas de tripomastigotes metacíclicos presentes en la heces de los triatominos. Los tripomastigotes invaden las células e inmediatamente entran en contacto con los lisosomas. En el medio ácido, los tripomastigotes sufren profundos cambios morfológicos transformándose en amastigotes. Estas modificaciones estructurales y funcionales se caracterizan por la reestructuración de organelos y citoesqueleto, fenómeno que en su conjunto se conoce como remodelamiento. Estas transformaciones incluyen una proteólisis selectiva de componentes citoplasmáticos en orden a readecuar la forma y el tamaño del nuevo estadío. Inicialmente, hemos reportado que lactacistina, un inhibidor específico e irreversible de proteosomas, inhibe la transformación de tripomastigotes de T.cruzi en amastigotes, en cultivo axénico a pH 5.0. Esta inhibición es selectiva, no siendo observada cuando los parásitos fueron tratados con inhibidores de serino y cisteíno proteinasas (1). No obstante, poco es conocido acerca de las señales que regulan y controlan el proceso de transformación de un estadío del parásito en otro.

En eucariontes, una de las vías por las cuales estas repuestas adaptativas se desarrollan son los ciclos de fosforilación, en los cuales participan quinasas y fosfatasas. La fosforilación de proteínas parece ser extensivamente regulada durante el desarrollo de protozoos parásitos y probablemente tiene una función en el control, diferenciación y ciclo celular. No obstante varias quinasas han sido descritas en

T. cruzi, la función y la presencia de fosfatasas de proteína es muy poco conocida.

Recientemente, hemos descrito el papel central de PP2A en la transformación de T. cruzi. En cultivo axénico a pH 5.0, tripomastigotes rápidamente se transforman en amastigotes, proceso que es bloqueado por ácido okadaico, a concentraciones tan bajas como 0.1 µM. En estos experimentos, 1norokadaone, un análogo inactivo de ácido okadaico, no afectó la transformación. Estudios de microscopía electrónica mostraron que tripomastigotes tratados con ácido okadaico no presentaron alteraciones ultraestructurales, reforzando la idea de que PP2A inhibe la transformación. Utilizando una columna de afinidad de microcistina-Sefarosa, purificamos la forma nativa de la PP2A de T. cruzi. La enzima mostró actividad contra fosforilasa a marcada con 32P, la que fue inhibida por ácido okadaico de manera dosis-dependiente. La proteína nativa purificada fué separada mediante SDS-PAGE y sometida a espectrometría de masa. De los péptidos obtenidos, partidores degenerados fueron usados para clonar por PCR la PP2A de T. cruzi. El gen aislado mostró codificar para una proteína de 303 aminoácidos, denominada TcPP2A la que presentó un alto grado de homología (86%) con la subunidad catalítica de la PP2A de Trypanosoma brucei. El análisis de Northern blot mostró la presencia de un mRNA de 2.1 kb hibridizando todos los estadíos de T. cruzi. Finalmente, el análisis mediante Southern blot mostró que el gen de TcPP2A está presente en bajo número de copias en el genoma de T. cruzi (2).

Así, nuestros estudios sugieren que PP2A de *T. cruzi* es importante para la transformación de trypomastigotes en amastigotes durante el ciclo biológico de este protozoo parásito. La enzima, presenta alta homología con la PP2A de *Trypanosoma brucei*, pero una menor homologia con la PP2A humana. Estos hallazgos abren nuevas posibilidades para el diseño racional de nuevas drogas para el control de la infección por *T. cruzi*. De esta manera, PP2A, podría ser considerado un nuevo blanco quimioterapéutico, especialmente debido a las diferencias observadas respecto a la enzima humana. Esta observación es atractiva si consideramos que otros componentes del sistema de

49

señalización, como son las quinasas de proteínas, han sido propuestas como blancos terapéuticos en el tratamiento de las infecciones parasitarias.

Financiamiento: FONDECYT 1010270

REFERENCIAS

- 1.- González J., Ramalho-Pinto F.R., Frevert U., Ghiso J., Tomlinson S., Scharfstei, J., Corey E.J. and Nussenzweig, V. (1996). Proteosome activity is required for the stage-specific transformation of protozoan parasite. J. Exp. Med. 184, 1909-1918,1996.
- 2.- Gonzále, J., Cornejo A., Santos M.R.M. Cordero E.M., Gutiérrez B., Porcile P., Mortara R. A., Sagua H., da Silveira J.F and. Araya J.E. A novel protein phosphatase 2A (PP2A) is involved in the transformation of human protozoan parasite *Trypanosoma cruzi*. Biochem. J. 374: 647-656, 2003.

TRABAJOS DE INCORPORACIÓN

1. UTILIZACIÓN DE LA HIBRIDACIÓN IN SITU EN LA IDENTIFICACIÓN Y RECUENTO ESPECÍFICO DE LA FLORA BACTERIANA ADHERENTE A VIDRIO DEL SALAR DE COPOSA (I REGIÓN). Fluorescent in situ hibridization in specific count and identification of bacterian biofilms formed on glass in Coposa Saltlake (I Región Chile).

González C. y Cotoras D.

U.Arturo Prat, Iquique. nancaguino@hotmail.com

La Microbiología ambiental, se dificulta ya que muchas especies no crecen en medios de cultivo. Actualmente, se han desarrollado técnicas como la hibridación "in situ" fluorescente (FISH), que ha permitido mejorar estos estudios. Con FISH, se analizó y cuantificó la flora bacteriana adherente a vidrio del salar de Coposa, cuerpo de agua que sostiene la trama trófica asociado a él, y se relaciónó la florabacteriana adherente con la condición química del agua. Se usaron 4 sondas para grupos de las Proteobacterias, 1 para Cytophaga – Flavobacterium y 1 general para el Dominio "Bacteria", todas marcadas con CY3 en el extremo 5'. El recuento total se realizó con FITC mediante microscopía de epifluorescencia y el recuento específico, según la sondas usada. Con esto, se determinó índices de diversidad para caracterizar el ambiente. Uno de los sectores estudiados (T2) duplica al otro (T4) en salinidad, siendo este último el que presentó un índice de diversidad mayor (1,15 ±0,05 v/s 1,06 ±0,02). En los dos sectores estudiados, las biopelículas fueron dominadas por células del grupo Delta (reductoras de sulfato), situación consistente con las altas concentraciones de Sulfato presentes en el agua. Le siguieron en abundancia células Gama, (enterobacterias entre otras), cuya presencia se debe, posiblemente, al aporte realizado por los animales superiores que habitan el sector.

Financiamiento: Dirección de postgrado Universidad de Chile, Proyecto -56.

2. ACTIVIDAD CROMO-REDUCTORA DE UNA UNA BIOPELICULA DE Serratia marcescens AISLADA DESDE UN EFLUENTE DE CURTIEMBRE (Activity chromate reducing by biofilm Serratia marcescens isolated from tannery effluent).

Moraga R. (1), Mondaca M.A., Campos V. (2), Zaror C. (3). Yañes J. (4), Dpto. Cs. del Mar (1). U. Arturo Prat. Dpto. Microbiología (2), Fac. Cs. Biológicas. Dpto. Ingeniería Química (3), Fac. Ingeniería. Dpto. Química Analítica e Inorgánica (4), Fac. Cs. Químicas. U. de Concepción. Email: moraga m@hotmail.com. Fono: 57-394521. Fax: 57-380393.

Fundamento: El cromo puede ser removido desde los ambientes contaminados por acción de una cepa de S. marcescens que presenta actividad reductora. Su aplicación industrial, con fines de biorremediación se potenciaría, si es capaz de adherirse a superficies inertes y desarrollar una biopelícula estable. Métodos: Los experimentos se desarrollaron en condiciones aeróbicas, utilizando un medio mínimo y carbón activado como soporte para el desarrollo de la biopelícula. La determinación de Cr(VI) Y Cr(III) se realizó mediante el método hifenado HPLC-FAAS. La evaluación de la disminución de la genotoxicidad del efluente modelo tratado con la biopelícula reductora se realizo mediante el ensayo rec del B. subtillis. Resultados: La biopelícula madura contenía alrededor de 10¹⁰ (ufc/g de carbón activado), con la presencia de polímeros extracelulares los cuales cubrían las células sesiles y de estructuras fibrilares que se extendían desde la superficie celular hacia el soporte. La biopelícula redujo el Cr(VI) a Cr(III) en un 88%. Constatando una disminución en el efecto genotoxico del efluente modelo tratado con la biopelícula reductora. Conclusión: S. marcescens puede ser efectivamente utilizada en la remoción de cromo desde aguas contaminadas, dada su capacidad de reducir el metal y de formar biopelículas estables.

Financiamiento: Proyecto Nº 99.036.016-1.0, Universidad de Concepción.

3. IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DEL PATÓGENO DE PECES Tenacibaculum maritimum

Avendaño-Herrera R., Magariños B., Romalde JL., Toranzo AE.

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Biología & Instituto de Acuicultura. Universidad de Santiago. 15782 Santiago de Compostela, España

La flexibacteriosis marina es una enfermedad ulcerativa producida por la bacteria filamentosa Tenacibaculum maritimum (antes Flexibacter maritimus). Este patógeno afecta el cultivo de importantes especies de peces anádromos y marinos, siendo considerado un serio problema para la acuicultura mundial. El diagnóstico presuntivo de la enfermedad se realiza por observación de los síntomas externos, aunque, sólo el aislamiento del patógeno en cultivo puro y el estudio bioquímico posterior pueden confirmar la infección. Estos métodos tradicionales en T. maritimum son lentos, demorando su control. Una alternativa de diagnóstico es la utilización de técnicas moleculares como la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y la Amplificación Aleatoria del DNA (RAPD). En el presente trabajo, se examina la especificidad y sensibilidad de dos protocolos de PCR descritos para la identificación de T. maritimum (Toyama y col. 1996, Bader y Shotts 1998). Paralelamente, se realizaron estudios de RAPD para determinar la existencia de variabilidad genética intra-especifica entre 27 cepas aisladas desde cinco especies de peces (lenguado, rodaballo, dorada, salmón del Atlántico y seriola) y tres cepas de referencia (NCIMB 2153, 2154^T y 2158), con el objeto de evaluar esta técnica como herramienta útil para estudios epidemiológicos del patógeno. Al comparar la especificidad de los dos protocolos de PCR se observó que los cebadores de Toyama y col.(1996) amplificaron las 30 cepas de T. maritimum estudiadas, mientras que los cebadores de Bader & Shott (1998) fueron capaces de amplificar el fragmento específico de 400 pb en 28 de las 30 cepas analizadas. Los perfiles de restricción con PvuI y SacII de los productos de PCR obtenidos con los cebadores de Toyama y col.(1996), incluyendo los correspondientes a los aislados no reconocidos como T. maritimum por los cebadores de Bader y Shotts (1998), fueron idénticos. Estos resultados demuestran que las cepas analizadas corresponden a T. maritimum, siendo los cebadores diseñados por Toyama y col.(1996) más eficaces y sensibles detectando concentraciones de 4,5 ± 1 x 10² UFC x ml⁻¹. Con respecto al análisis de las cepas con la técnica RAPD, sólo tres de los seis cebadores testados (P2, P4 y P6) generaron un patrón apropiado de los productos amplificados. Sin considerar los cebadores empleados, el análisis de los perfiles de RAPD-PCR producidos reveló diversidad genética dentro de T. maritimum. Al utilizar los cebadores P2 y P6, todas las cepas se separaron en dos grupos mayoritarios, fuertemente correlacionados con el huésped y/o O-serotipos descritos para este patógeno. El primer grupo esta formado por todos los aislados de lenguado y dorada, mientras que el otro grupo esta compuesto por los aislados de seriola, salmón del Atlántico y rodaballo. La asignación de las cepas de referencia a los diferentes grupos genéticos varió en función del cebador utilizado. El índice de similitud estimado por el Coeficiente de Dice (S_d) entre los dos grupos fue de 32 y 75% (P2 y P6 respectivamente). Por otro lado, el cebador P4 mostró perfiles de RAPD cepa-específicos, lo cual podría ser útil para el seguimiento de clones bacterianos generadores de epizootias. Los resultados obtenidos indican que el análisis de RAPD constituye una técnica molecular valiosa para estudios epidemiológicos de T. maritimum.

4. ANÁLISIS DE FACTORES MICROBIOLÓGICOS QUE PARTICIPAN EN EL CONTROL DE LA CONCENTRACIÓN, DISTRIBUCIÓN EN ESPECIES Y MOVILIDAD DEL ARSÉNICO (AS) EN AGUAS SUPERFICIALES DE LA REGIÓN DE ANTOFAGASTA. (Microbial activity analyze involved in the arsenic (As) concentration, speciation and mobilization in surface waters from Región de Antofagasta).

Demergasso C¹, Escudero L¹, Galleguillos P¹, Zepeda V¹, Chong G². 1. Laboratorio de Microbiología Técnica, Departamento de Química, Universidad Católica del Norte, Avda. Angamos 0610, Antofagasta, Chile; cdemerga@ucn.cl. 2. Departamento de Ciencias Geológicas, Universidad Católica

del Norte. Antofagasta, Chile. gchong@ucn.cl

Se estudió la participación de microorganismos en reacciones de transferencia de Arsénico (As) entre las fases sólida y líquida, los que podrían ser responsables en parte del control de la concentración, distribución en especies y movilidad del As en aguas superficiales de la Segunda Región de Antofagasta. Mediante la técnica del Número Más Probable (MPN), se evaluó la población de bacterias reductoras de As y reductoras de sulfato en sedimentos de la cuenca del Río Loa. También se evaluó en laboratorio la actividad bacteriana que libera en solución As confinado en la fase sólida así como en la precipitación de As, siendo las especies involucradas AsIII y AsV.

Los resultados obtenidos evidencian la presencia en los sedimentos del Río Loa de elementos microbiológicos que favorecen la liberación de parte del As confinado en sedimentos. La actividad de cultivos obtenidos tanto de sedimentos de salares de la Región de Antofagasta y de los sedimentos de Río Loa es también responsable de fenómenos de precipitación de As como sulfuro. El análisis, mediante DGGE, de los cultivos bacterianos que participan en la precipitación de As, revela la presencia de microorganismos, del linaje *Firmicutes* y δ-*Proteobacteria*, reductores de sulfato y otros compuestos oxidados de azufre, además de una secuencia relacionada con microorganismos no cultivados provenientes de procesos industriales anaeróbicos. Esta información aporta un nuevo elemento para la comprensión del ciclo biogeoquímico del As en esta zona del país. Por otra parte, la capacidad del metabolismo bacteriano descrita resulta de interés dado que se podría estar frente a un potencial biotecnológico para el tratamiento de residuos industriales

Financiamiento: FONDEF, ESSAN S.A., D99I1026.

5. AISLAMIENTO, EVALUACIÓN COMPARATIVA DE LA EFECTIVIDAD DE INOCULACIÓN DE CEPAS DE Azotobacter sp. Y FERTILIZACIÓN QUÍMICA EN CULTIVO DE "PAPA" (Solanum tuberosum var. Perricholi). EN LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL ANDENES INIA - CUSCO. (Isolation, Comparative Evaluation of the Effectiveness of Inoculation of Stumps of Azotobacter sp. and Chemical Fertilization in Cultivation of "Papa" (Solanum tuberosum var. Perricholi) in the Station Experimental Andenes Inia - Cusco.

Flores D., Mamani F., Lastra G.

Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco – Perú. <u>darielaflores@hotmail.com</u>, franklinguillen@hotmail.com

La investigación valora y valida el uso de biofertilizantes en base a *Azotobacter sp*, bacteria de vida libre fijadora de Nitrógeno y productora de sustancias reguladoras del crecimiento vegetal en el cultivo de papa *Solamum tuberosum var. Perricholi* en la Estación experimental Andenes de INIA Cusco, ubicado a 13° 25 latitud sur y 72°18 longitud oeste a una altitud de 3392 m.s.n.m. en el distrito de Zurite, provincia de Anta del departamento del Cusco. Este microorganismo fue obtenido a partir de la rizósfera de plantas de papa de la misma variedad aislada en medio específico ASHBY y autenticado por sus características culturales, bioquímicas y microscópicas. Para evaluar el efecto se estableció una parcela experimental con un diseño de bloques completamente randonizado DBCR de 8 tratamientos y 4 repeticiones, teniendo como base la aplicación de *Azotobacter sp.* y la combinación con media dosis

y dosis completa de fertilización química; durante el desarrollo del cultivo se hicieron evaluaciones del desarrollo vegetativo de la planta, estolonamiento y cosecha de tubérculos. De las evaluaciones en campo se puede concluir que la inoculación de *Azotobacter sp.* tiene un efecto positivo sobre el desarrollo del cultivo de papa y la producción optima de tubérculos con media dosis de fertilización química.

6. ANÁLISIS FUNCIONAL DE WbaP, ENZIMA ESENCIAL PARA LA SÍNTESIS DE ANTÍGENO O EN Salmonella (Functional analysis of WbaP an essential enzyme for the synthesis of the O-antigen in Salmonella).

¹Saldías, S., ¹Bittner, M., ¹Contreras, I. y ²Valvano M. ¹Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. ²Department of Microbiology and Immunology, University of

Western Ontario, London, Ontario, Canada.

El lipopolisacárido (LPS) es el principal componente de membrana externa y un importante factor de virulencia en la mayoría de las especies Gram negativas. Está formado por el lípido A, el oligosacárido "core" y el antígeno O. La biosíntesis del LPS es el resultado de una compleja serie de eventos, en los cuales los distintos componentes se sintetizan en forma independiente, luego son ensamblados y finalmente exportados hacia la membrana externa. En Salmonella enterica serovar Typhi y Typhimurium, la síntesis de las subunidades del antígeno O comienza con la formación del enlace fosfodiéster entre galactosa-1-P presente en el citoplasma como UDP-Gal y el undecaprenol fosfato unido a membrana. Esta reacción es catalizada por WbaP, proteína que se asemeja a enzimas de la biosíntesis de exopolisacáridos, los que constituyen importantes factores de virulencia en diversas bacterias. En este trabajo hemos determinado subdominios estructurales de WbaP, demostrando que la actividad transferasa se encuentra en el extremo carboxilo terminal de la proteína, y que su expresión es necesaria y suficiente para la síntesis del antígeno O. Nuestros resultados también indican que el extremo amino terminal de WbaP interactúa con otras proteínas que participan en la síntesis del antígeno O.

Financiamiento: CONICYT Beca de Doctorado (SS).

RESUMENES DE POSTERS

1. PRODUCCIÓN DE METABOLITOS SECUNDARIOS CON ACTIVIDAD BIOLÓGICA EN BACTERIAS AISLADAS DE ORGANISMOS MARINOS. (Production of secondary metabolites with biological activity in isolated bacterial of marine organisms). Fernández C., Villanueva J, San Martín A, Rovirosa J. clfernandez@udec.cl. Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Casilla 653, Santiago, Chile.

Nuestro interés en las bacterias asociadas a organismos marinos invertebrados, se debe a la habilidad de los microbios para producir metabolitos secundarios bioactivos no descritos previamente, los que presentarían actividades farmacológicas, tales como antibacterianas y antifúngicas. Por medio de técnicas microbiológicas, se aislaron más de 200 bacterias obtenidas desde esponjas, anémonas, equinodermos y moluscos bivalvos, traídos desde la II y V Regiones de Chile. Luego, empleando el método de punción y estrías, se seleccionaron dieciséis cepas aisladas. Estas cepas fueron cultivadas en medios líquidos para proceder a la extracción de los compuestos orgánicos presentes en el sobrenadante y micelio (precipitado) bacteriano. Los extractos fueron probados en ensayos de actividad antibiótica, antifúngica y se midió el efecto tóxico en larvas de Artemia salina. Los resultados muestran que los precipitados tenían un efecto visible menor que el observado en los sobrenadantes de las mismas muestras. Estos últimos, presentaron actividad antibiótica y fueron tóxicos frente a diferentes organismos de prueba, existiendo una relación directa entre la toxicidad de las cepas y su actividad antibiótica. Las muestras designadas como: RUA-C5, RUA-C33, RUA-D1, RUA-G4, RUA-G5, RUA-I1, RUA-J4, QMM-2, QME-4, QMQ-4 y 19#15 (extracto-sobrenadante) presentaron actividad contra Staphylococcus aureus y Staphylococcus epidermidis, a su vez las muestras: RUA-C-5, RUA-D1, RUA-G4, RUA-I1, QMQ-4 y RUA-C33, fueron las más tóxicas, con valores de LC50 entre 0,5 y 12,6 ppm comparados con el control (asuntol), cuya toxicidad es 0,5 ppm. Por otro lado, las bacterias que no presentaban actividad antibiótica ni fungicida detectable, fueron menos tóxicas frente al organismo de prueba, tal es el caso de RUA-H1, RUA-G5, 19#15 y RUA-G41, con valores de LC50 entre 41,1 y 84,2 ppm. Finalmente, en este estudio ha quedado demostrado que efectivamente es posible aislar bacterias marinas productoras de sustancias bioactivas, a partir de organismos de cuerpo blando, tales como esponjas y anémonas de las costas del litoral central y norte de Chile. Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1990930. Laboratorio de Productos Naturales Marinos, Facultad de Ciencias de la Universidad de Chile.

2. BACTERIAS MARINAS AUTÓCTONAS CON ACTIVIDAD INHIBITORIA SOBRE HONGOS OSCUROS Y HIALINOS. (Native seawater bacterial strains with inhibitory activity against dematiaceous and hyaline fungi). García-Quintana H.G., Mancilla C., Mansilla A., Zaror L. y Leiva S. Inst. Microbiología, Fac. Ciencias e Inst. Microbiología Clínica, Fac. Medicina; Casilla 567, Universidad Austral de Chile, Valdivia. hgarcia.@uach.cl

Fundamento: Los hongos oscuros constituyen una emergente posibilidad de afecciones, con el agravante que las drogas capaces de inhibirlos o destruirlos son escasas o inexistentes, por ello la pesquisa de organismos con capacidades antagónicas sobre los dematiaceos es una aproximación promisoria. Los Actinomycetes son la principal fuente de agentes antimicrobianos y por eso se les busca en los más diversos hábitats. El ambiente marino está menos explorado y en Chile casi no hay trabajos al respecto. Hipótesis: En la microbiota del litoral valdiviano habrían bacterias con capacidad para producir metabolitos que resulten antagónicos sobre hongos oscuros patógenos. Métodos: Se muestreó agua y sedimentos en 3 sitios del litoral valdiviano. Se aislaron 45 cepas de actinomycetes. La actividad inhibitoria se midió según Hentschel et al (2001) usando 9 bacterias marinas seleccionadas sobre 7 cepas de hongos oscuros y una hialina en 3 condiciones de cultivo. Resultados: El 56% de las cepas tuvo actividad antimicótica. El diámetro de los halos de inhibición fluctuó de 14 a 30 mm Las cepas fúngicas más sensibles fueron Nattrassia manguiferae, Scopulariopsis brevicaulis y Aurebasidium pululans, en tanto que los más resistentes fueron Curvularia sp y Ulocladium chartarum. La cepa nativa de mayor actividad fue un actinomycete asignado como UACH 014 que inhibió un 87,5 % de los hongos ensayados Conclusión: Se cuenta con 5 cepas marinas nativas con eficiente actividad inhibitoria in vitro del crecimiento de hongos dematiaceos, a partir de las cuales se intentará purificar el principio activo. Financiado por Provectos DID-UACH S2002-26 y UACH S-2003-76

3. DESARROLLO DE BIOPELÍCULAS MICROALGA-BACTERIA ESTIMULADORAS DEL ASENTAMIENTO DE A. purpuratus EN SUSTRATOS ARTIFICIAL. (Development of microalgae-bacteria biofilms slimulating of the settlement of A. purpuratus on artificial susbtrate) Lody, M.¹, Leyton, Y.¹, Riquelme, C.¹, Araya, R.¹

Universidad de Antofagasta, Facultad Recursos del Mar, Laboratorio de ecología Microbiana (LEM)¹. (criquelme@uantof.cl)

Investigaciones desarrolladas en el Laboratorio de Ecología Microbiana (LEM) han permitido el aislamiento de microorganismos capaces de optimizar el asentamiento larval de *A. purpuratus*. No obstante es necesario conocer la dinámica de la colonización microbiana y establecer las condiciones optimas para la formación de las biopelículas mixtas (microalga-bacteria) en los sustratos de netlon® utilizados para la fijación en hatcheries comerciales.

Métodos: Se realizaron dos tratamientos para la adhesión en el netlon de Amphora sp. (Bacillariophyceae) y la bacteria NC1 mantenidos a 20° C y temperatura ambiente con el medio de cultivo F/2 suplementado con una fuente de carbono. Observando las biopelículas a 2, 4, 6, 14, 48, 144 horas. Se monitoreo la formación la biopelícula mediante microscopia de epifluorescencia con recuentos directos totales (DAPI) y la autofluorescencia para el aumento de la microalga. Además se monitoreo la formación de la biopelícula en una cámara de flujo celular.

Resultados y Conclusiones. Los recuento totales revelaron que a las 14 horas hay una biopelícula bacteriana formada (8*10⁶ cél/cm²) y a las 48 hrs la biopelícula bacteriana esta madura (4.7*10⁷ cél/cm²), el crecimiento exponencial de la microalga se observa al tercer día (72 hrs) y a las 144 hrs esta completamente formada en conjunto con la bacteria. Los resultados permiten concluir que es posible el desarrollo de biopelículas mixtas especificas (microalga-bacteria) en netlons® como sustrato para el asentamiento de larvas de A. purpuratus en sistemas artificiales. Financiamiento: Proyecto Fondef DO1I 1166.

4. BACTERIOPLANCTON Y SU RELACIÓN CON LA TEMPERATURA Y BIOMASA PIGMENTARIA EN UN ÁREA DE SURGENCIA FRENTE A LAS COSTAS DE IQUIQUE. Santander E. y López F. Departamento de Ciencias del Mar, Universidad Arturo Prat; esantan@unap.cl.

Factores como temperatura y clorofila han sido señalados como importantes en el regulamiento del bacterioplancton. En las costas de Iquique, el plancton se encuentra asociado a centros permanentes de surgencia, siendo modulados principalmente por procesos físicos. Así, es posible esperar que variables bacterianas presenten una mayor dependencia de la temperatura que de la biomasa fitoplanctónica. El objetivo fue examinar la dependencia de la abundancia y biomasa del bacterioplancton respecto de la temperatura y clorofila-a. Los muestreos se realizaron en noviembre del 2000. El registro de un CTD SeaBird 19. Las muestras de agua se fijaron con temperatura se realizó mediante paraformaldehído (2% final). El recuento de células se realizó a través de microscopía de epiflueresencia (filtros de policarbonato de 0,2 µm y teñidas con DAPI). Para la estimación del volumen celular se capturaran 20 imágenes por muestra. La estimación de clorofila-a se realizó mediante el método fluorométrico (filtro de fibra de vidrio de 0,7 µm, extraída en acetona al 90%), en un fluorómetro Turner Design 10. La abundancia bacteriana mostró una mayor dependencia de la temperatura, la que permite explicar un 91,2% de su variabilidad, en cambio, la clorofila-a permitió explicar un 76,8%. Al co-relacionar clorofila con temperatura, esta última permite explicar un 79,7% de su variabilidad. Así, para esta zona la temperatura ejerce una modulación tanto del componente bacteriano como fitoplanctónico.

Financiamiento: DCM/UNAP.

5. OPTIMIZACIÓN DEL ASENTAMIENTO LARVAL DE Argopecten purpuratus MEDIANTE PRODUCTOS EXTRACELULARES DE MICROORGANISMOS MARINOS. (Optimization of larvae settlement of A. purpuratus using extracellular products of marine microorganism)

Silva F, Infante CD y Riquelme C. Laboratorio de Ecología Microbiana, Universidad de Antofagasta,

Avenida Jaime Guzmán s/n, Antofagasta, Chile. e-mail: probiot@uantof.cl

Fundamento: Diversos efectos de microorganismos marinos y sus exudados sobre el asentamiento larval han sido sugeridos, entre los cuales se destaca que las biopelículas compuesta por bacterias y/o microalgas y los exudados de estos pueden estimular o inhibir el asentamiento larval. Las señales inductoras del asentamiento larval aún no están claramente definidas. Sin embargo, proveer a la larva de substratos adecuados es esencial para esta etapa en el ciclo de vida de invertebrados marinos. En el presente estudio, se evaluó el efecto de exudados bacterianos y microalgales bioatrapados en una matriz inerte (PhytagelTM) en la adherencia y metamorfosis de larvas de A. purpuratus. Método: Se incorporaron en la matriz de PhytagelTM tres tratamientos cada uno con su respectivo control: (1) los productos extracelulares (PE) obtenidos del cultivo de: tres bacterias marinas (codificadas como NC1, Nil y C33), una microalga (Amphora sp Nv) y de la microalga crecida con cada bacteria, (2) extractos orgánicos obtenidos a partir de los PE y (3) la fracción obtenida de la diálisis de los PE (1200 y 12000 Da) Posteriormente se evaluó el efecto de estos compuestos en el asentamiento larval. Los datos fueron analizados por ANOVA (a= 0.05). Resultados y conclusión: Los resultados del ANOVA de los tratamientos en el porcentaje de larvas fijadas y metamorfoseadas nos arrojó mejor fijación en aquellos tratamientos NC1, NV y NV+NC1 con respecto al control (P<0.05) a excepción de los dializados a 12000 Da (P>0.05). Se concluye que PE de biopelículas marinas pueden ser utilizados para el mejoramiento de la producción de semillas del Ostión del Norte.

Financiamiento: Proyecto FONDEF D00I1168.

6. INHIBICIÓN DE LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS MICROALGALES POR BACTERIAS MARINAS (Inhibition of microalgal biofilms by marine bacteria).

Tapia, C; Riquelme, C. (criquelme@uantof.cl)

Laboratorio de Ecología Microbiana. Universidad de Antofagasta.

En el ambiente marino todo tipo de superficie está sujeta a la formación de biofouling o bioincrustaciones y las estructuras hechas por el hombre son especialmente afectadas. El inicio del biofouling comienza con biopelículas microbianas, dentro de éstas, las microalgas son uno de los componentes principales debido a que son una fuente importante de alimento paras los colonizadores de superficies sumergidas. Los métodos actuales para prevenir el biofouling son altamente costosos y en algunos casos por sus características tóxicas, de alto riesgo ambiental. Esto hace necesario la búsqueda de nuevas alternativas ambientalmente amigables.

En este estudio se evalúa la actividad inhibitoria de la formación de biopelículas microalgales por parte de bacterias marinas.

Métodos: Bacterias aisladas desde sustratos naturales y de colección asociadas a biopelículas fueron testeadas para su capacidad de inhibir la adherencia de una de las microalgas dominantes presentes en substratos artificiales (Amphora sp.). Se evaluó el efecto inhibitorio de biopelículas bacterianas y sobrenadantes libres de células para determinar si las bacterias producían algún compuesto extracelular responsable de la inhibición y se caracterizó parcialmente los compuestos con actividad.

Resultados y conclusiones: Cepas bacterianas (Halomonas marina y Pseudoalteromonas tunicata) con actividad inhibitoria produjeron compuestos extracelulares que inhibieron la adherencia de Amphora sp., estas substancias son de naturaleza proteica y de peso molecular mayor a 30000 Da. Financiamiento Fondef D00I1166.

7. EFECTO DE LA OXITETRACICLINA EN LAS COMUNIDADES BACTERIANAS DE SEDIMENTOS BAJO LOS CENTROS DE CULTIVOS DE SALMONIDOS. (Effect of the oxytetracycline in the bacterial community of the sediments under salmons farm).

Valenzuela, C.¹ & Mondaca, M. A.¹ Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias. Biológicas, Universidad de Concepción. Casilla 160-C E-mail: crvalenz@udec.cl

La salmonicultura es una actividad cuyo crecimiento ha llevado a Chile a ser el principal productor mundial de truchas y el segundo productor de salmones lo que ha traído consigo una serie de efectos ambientales debido a la introducción de materia orgánica y nutrientes al ambiente durante el proceso de alimentación y el uso de sustancias químicas relacionadas con el control de enfermedades en los centros de cultivos. Por esta razón se hace necesario investigar el impacto de los antibióticos y otras sustancias en el entorno marino.

Se tomaron muestras de sedimento bajo los sistemas de cultivos de salmónidos en Bahía Acantilada (XI Región) utilizando una draga, los sitios de muestreo correspondieron a un centro de cultivo sin tratamiento con antibióticos (sitio 1), un centro bajo tratamiento con antibióticos (sitio 2) y un sitio control (sin cultivo de salmónidos) (sitio 3). Las muestras se sembraron en agar marino y con y sin tetraciclina (30 ug ml⁻¹), Hg (10 ug ml⁻¹), Cu (0,5 ug ml⁻¹) y Cd (0,5 ug ml⁻¹). Después de incubar a 25°C se realizó el recuento bacteriano expresado en ufc/gr de sedimento.

Los recuentos de bacterias recuperables no mostraron diferencias significativas. Sin embargo el porcentaje de bacterias resistentes a tetraciclina es significativamente mayor en el sitio 2, situación similar se observa en el porcentaje de bacterias resistentes a Hg. En cuanto a las bacterias resistentes a Cu y Cd los porcentajes son similares en los sitios 1 y 2 siendo estos dos mayores a los porcentajes encontrados en la muestra del sitio 3.

8. AISLAMIENTO DE HONGOS MARINOS PRODUCTORES DE COMPUESTOS ANTIBACTERIANOS (Isolation of marine fungi which produce antibacterial compounds)

Zaldívar, M.¹, López L.¹, Barrales. I.², San Martín A². Universidad de Chile, ¹Fac Ciencias Químicas y Farmacéuticas, ²Facultad de Ciencias. (mzaldiva@uchile.cl)

La mayoría de los antibióticos usados en el tratamiento de infecciones son producidos por hongos. Sin embargo, la aparición de bacterias resistentes hace necesario la búsqueda de nuevos microorganismos productores de antibióticos. En este trabajo se aisló hongos de organismos marinos de la zona central de Chile y de la Antártida. Se aislaron 44 cepas de los géneros Penicillium, Cladosporium, Alternaria, Aspergillus y Monilia. Se seleccionó aquellos que crecieron mejor a 20°C que a 28°C y en medio de cultivo con agua de mar. Con el objeto de realizar un ensayo inicial de producción de compuestos antibacterianos, los hongos se sembraron sobre placas de PDA cubierta con una hoja de papel celofán estéril. A los 7 días de incubación se retiró el celofán con la biomasa. Sobre estas placas se sembró bacterias Gram (+) y (-) y se incubó a 37°C durante 48 h. Como control negativo se utilizó hongos que no presentan actividad antibacteriana. Los resultados muestran que 6 de los hongos de probable origen marino de la Antártida, inhiben el crecimiento de bacterias Gram (+) y (-). Éstos se crecieron en 5 litros de medio de cultivo líquido en matraces agitados. Al cabo de 10 días de incubación a 20°C se filtró sobre gasa estéril para colectar biomasa y el filtrado se sometió a extracción con EtOAc. Se corrieron cromatografías en placa fina. Luego los cromatofolios se esterilizaron con luz UV y sobre éstos se realizó ensayos de bioautografía, recubriendo las láminas con TSA inoculado con bacterias Gram (+) y (-). Financiado por Proyecto DID U. de Chile/CSMAR 02/7-2

9. DETECCIÓN DE BIOPELICULAS BACTERIANAS MARINAS INHIBIDORAS DEL ASENTAMIENTO LARVAL DE Ciona intestinalis. (Marine bacterial biofilm inhibitory of Ciona intestinalis) larval settlement).

Zapata M.¹, Riffo C.¹, Luza Y.¹, Clarke M.² y Riquelme C.¹

¹ Laboratorio de Ecología Microbiana, Universidad de Antofagasta, Chile.

² Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Universidad de Antofagasta, Chile.

E-mail: microal@uantof.cl

Fundamento: Uno de los principales problemas que afecta actualmente los centros de cultivos del ostión del norte (Argopecten purpuratus) es la gran adhesión de fouling o bioincrustaciones en los sistemas de cultivos, siendo el piure blanco (Ciona intestinalis) el principal componente. Los primeros antifouling fueron formulados en base a cobre o metales pesados, sin embargo estos tienen efectos tóxicos sobre los ostiones. El presente estudio busca nuevas alternativas medio ambientalmente amigables, basadas en biopelículas bacterianas marinas

Método: Se aislaron bacterias asociadas a sustratos biológicos con carencia de fouling, tales como: algas verdes (*Chlorophyta*), rojas (*Rhodophyta*), y pardas (*Phaeophyta*), parte oral y aboral de holoturias y erizo negro (*Tetrapygus niger*), larvas de ciona juvenil y organismos adultos, al igual que su túnica. Una vez aisladas las bacterias, se realizaron bioensayos con larvas de *C. intestin*alis, en distintas concentraciones bacterianas.

Resultados y conclusión: Del total de las bacterias aisladas y probadas el 10% resultó tener capacidad para inhibir el asentamiento de larvas de *C. intestinalis*. Los resultados preliminares de este estudio sugieren que las bacterias marinas presentes en biopelículas, pueden ser utilizadas como un agente antifouling, evitando la utilización de productos tóxicos para el organismo en cultivo, como para el entorno.

Financiamiento: Proyecto FONDEF DO111166

10. INHIBICIÓN IN VITRO DE Helicobacter pylori POR EXTRACTOS DE MATICO Y LLANTÉN (In vitro inhibitory activity of "matico" and "llantén" extracts over H. pylori strains). Adriazola P., Morales ME., Figueroa G. Lab. Microbiología, INTA, Universidad de Chile.

H. pylori es un importante agente causal de las enfermedades gástricas, en Chile la incidencia es muy alta en pacientes con úlcera duodenal y gastritis (90-100%) y en adultos sanos (75%). El tratamiento utilizado comúnmente, es la asociación de tres drogas, lo que puede presentar efectos secundarios y ser de costo elevado, por lo que la alternativa de un tratamiento natural motivó a conocer la posible actividad antimicrobiana del matico (Bulddeja globosa Lam) y llantén (Plantago major L), hierbas muy utilizadas en Chile para aliviar afecciones estomacales. Objetivo: Determinar la potencial actividad inhibitoria de extractos de matico y llantén sobre cuatro cepas de H. pylori aisladas de diferentes cuadro gástricos. Metodología: Los extractos de matico y llantén fueron obtenidos mediante dos metodologías, extracción alcohólica y acuosa. Los extractos fueron depositados en distintas concentraciones en discos (método cualitativo). También se determinó concentración mínima inhibitoria (CIM) mediante dilución en tubo con 12-11-8-7-4-1.5 mg/ml, (método cuantitativo). Resultados: Cualitativamente todas las cepas de H. pylori, presentaron sensibilidad frente a los extractos naturales en una concentración de 1000mg/ml, los halos de inhibición fluctuaron entre 16 y 36 mm. siendo los extractos alcohólicos los que presentaron mayor actividad. Cuantitativamente, la mayor actividad antibacteriana se detectó en extractos alcohólicos, siendo la concentración activa del matico (1.5 - 4 mg/ml) levemente inferior a la del llantén (1.5 - 7 mg/ml). Conclusión: Los extractos naturales de las hierbas estudiadas, matico y llantén, deberían someterse a un estudio in vivo para ver su efectividad como posible terapia de enfermedades gástricas producidas por H. pylori. Asimismo en el futuro será necesario identificar el o los principios activos con acción antibacteriana.

11. ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE LIPOPOLISACARIDOS DE CEPAS DE Helicobacter pylori SOBRE MUCOSA GÁSTRICA DE RATÓN. ANÁLISIS HISTOPATOLÓGICO (Biological activity of lipopolysaccharide from Helicobacter pylori strains upon mice gastric mucouse. Histopathological analysis). ¹García A., ¹Quilodrán S., ²Delgado C., ¹González C. y ³Kawaguchi F. ¹Depto. Microbiología, Fac. Ciencias Biológicas. ²Depto. Especialidades y ³Depto. Medicina Interna, Facultad de Medicina. Universidad de Concepción. apgarcia@udec.cl

Helicobacter pylori es una bacteria asociada al desarrollo de patologías gastroduodenales, dotada de importantes factores de virulencia. Para conocer la importancia relativa del lipopolisacárido (LPS) in vivo frente a factores de virulencia como ureasa, flagelo, adhesinas y citotoxinas, se analizó histopatológicamente el efecto sobre la mucosa gástrica de ratones CF-1 de 6 cepas clínicas de H. pylori y sus respectivos extractos de LPS. Los extractos de LPS fueron caracterizados anteriormente por su actividad biológica in vitro. Las cepas utilizadas eran genotipos cagA (-) y s2m2, excepto la cepa de referencia H. pylori ATCC 43504 (cagA+, s1am1). Los animales se sacrificaron a los 40 y 90 días de inoculados y sus estómagos se sometieron a análisis histopatológico. Los resultados indican que no hubo daño gástrico en los ratones sacrificados a los 40 días. En tanto, el 100% de los ratones presentaron lesiones leves o moderadas a los 90 días. La intensidad de las lesiones producidas fue variable entre los distintos extractos de LPS y suspensiones bacterianas. Sin embargo, se observó correlación entre el grado de la lesión gástrica que presentaban los pacientes de los cuales provenían estas cepas y el efecto encontrado en los ratones. Los resultados muestran que el LPS sería un factor importante en el daño provocado en la mucosa gástrica murina in vivo por algunas cepas de H. pylori, lo que se correlaciona con su actividad biológica in vitro.

Financiado Proyecto DIUC Nº 201 036 022-1.0

12. VIGILANCIA EPIDEMIOLOGICA DE LA RESISTENCIA EN Helicobacter pylori: DETECCIÓN DE CEPAS CON RESISTENCIA TRANSITORIA A AMOXICILINA (Antibiotic resistance surveillance among Helicobacter pylori: Isolation of strains with transient resistance to amoxicillin). ¹González C., ¹García A., Rivera N. y ^{2,3}Kawaguchi F. ¹Depto. Microbiología, Fac. Ciencias Biológicas. ²Depto. Medicina Interna, Fac. Medicina. Universidad de Concepción. ³Hospital del Trabajador (ACHS) de Concepción.

La resistencia a antimicrobianos en Helicobacter pylori constituye un problema en salud pública y privada, pues se asocia con falla en el tratamiento de erradicación en los pacientes y alto costo para el sistema. Nuestro laboraotrio mantiene una vigilancia epidemiológica de la resistencia de H. pylori desde 1997 a la fecha, para evaluar la evolución de la resistencia en esta especie. En este trabajo se informa los resultados del periodo 1999 -2003. En este periodo se aislaron 440 cepas de H. pylori, a partir de biopsias gástricas. Las cepas se crecieron en agar Columbia - DENT- sangre de caballo 7%, se resuspendieron en suero fisiológico estéril (Mac Farland Nº 3) y se ensayaron por difusión en agar frente a discos de metronidazol (5 μg), amoxicilina (2 μg), subcitrato de bismuto (60 μg), claritromicina (5 µg) y tetraciclina (30 µg), de acuerdo a las recomendaciones del NCCLS. Todas los cultivos se realizaron a 37°C, en microaerobiosis durante 2 o 3 días. En el periodo, el rango del porcentaje de resistencia a metronidazol osciló entre 23.5 y 54.2%; para claritromicina, entre 0 y 15.6%; para subcitrato de bismuto entre 0 y 45.1%; para amoxicilina entre 0 y 1.2% (resistencia transitoria) y no se observaron cepas resistentes a tetraciclina. La resistencia transitoria se observó el año 2003, y actualmente, este número ha aumentado a 5 cepas. Los resultados indican la necesidad de realizar test de suceptibilidad antimicrobiana en aslamientos clínicos. Financiado Proyectos DIUC Nº 201 036 022-1.0 y N° 201 036 023-1.0

13. UTILIZACIÓN DEL CARBOXILO TERMINAL DEL PRECURSOR DE LA TOXINA VACA DE HELICOBACTER PYLORI COMO PRESENTADOR DE LA PROTEÍNA HPAA DE H. PYLORI EN LA SUPERFICIE DE ESCHERICHIA COLI. (Use the carboxi-terminal precursor domain from Helicobacter Pylori VacA toxin as carrier to present the HpaA protein on the surface of E. coli cells). Martínez, P. Y Venegas, A. Depto. Genética Molecular Y Microbiología, Fgacultad De Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica De Chile, Alameda 340, Santiago. E-Mail: Pmartine@Genes.Bio.Puc.Cl.

La toxina VacA de Helicobacter pylori es secretada mediante un proceso autopromovido. Presenta un precursor intracelular de 140 kDa, el cual posee un dominio carboxilo terminal (CT) de estructura βplegada. Este dominio permite el anclaje del precursor en la membrana externa y por un proceso desconocido, la toxina es procesada y liberada. Nuestro objetivo fue probar el potencial uso del CT de VacA como presentador de proteínas en la superficie celular de E.coli. Mediante PCR se clonó en el vector pGEM-T un fragmento de 1300 pb correspondiente al CT-VacA (50 kDa) de la cepa 60190. De igual manera se clonó el gen hpaA de 700 pb (29 kDa) para realizar la fusión HpaA/CT-VacA. La fusión se introdujo en el vector de expresión pET 27b rio-abajo del péptido señal de 21 aminoacidos para destinación a periplasma y se transformó en la cepa JM109(DE3). Los estudios de expresión mostraron un producto de 80 kDa correspondiente a la fusión HpaA/CT-VacA. Experimentos de microscopía electrónica con oro-coloidal sugieren localización de la quimera en la superficie. Digestiones con tripsina de células enteras que expresan la fusión mostraron accesibilidad al constructo, liberandose un fragmento de 43 kDa que probablemente incluye un segmento del CT de VacA. Estos resultados sugieren que el CT de VacA puede ser usado como anclaje de proteínas en la superficie bacteriana de E. coli. Proyecto FONDECYT #1030894. Becas de Apoyo Tesis Doctoral CONICYT.

14. PERFIL GENETICO Y FENOTIPICO DE CEPAS DE Helicobacter pylori AISLADAS EN SAN LUIS-ARGENTINA. (Genetic and fenotipic profiles of strains of H. pylori isolates in San Luis-Argentina).

Mattana C, Escobar F, Vega A, Sabini L. Microbiología. UNSL. Virología. UNRC. San Luis, Argentina. cmmattan@unsl.edu.ar

El genotipo de Helicobacter pylori cagA+ y la expresión del producto del gen vacA, VacA, están asociados con una mayor virulencia bacteriana. En este trabajo se aislaron 204 muestras de ADN cromosomal de aislamientos locales caracterizados como H. pylori por métodos invasivos de referencia y confirmados genéticamente usando un oligonucleótido antígeno específico de especie. En estas cepas se detectó el gen cagA mediante PCR usando 2 pares de cebadores específicos. Para poner de manifiesto la expresión de VacA se sembraron 11 cepas locales y una cepa CCUG de H. pylori en 50 ml de caldo Mueller-Hinton suplementado con 5% de suero fetal bovino e incubado a 37°C en microaerofilia durante 24 h. Los cultivos fueron centrifugados y concentrados por ultrafiltración. Diluciones adecuadas de los sobrenadantes de cultivo fueron sembradas en monocapa de células Vero e incubadas a 35°C hasta 36 h. Las proteínas de los sobrenadantes fueron analizadas por SDS-PAGE. La prevalencia de la infección por H. pylori fue del 68% (204/300). La gastritis fue el diagnóstico endoscópico más observado. El gen cagA fue detectado en sólo 30 aislamientos genómicos (15%). Los ensavos de citotoxicidad en células Vero permitieron diferenciar claramente 7 cepas fenotípicamente Tox+ (vacuolizantes). El rango de los títulos de toxina varió entre 5 y 40, indicando una moderada capacidad de expresión in vitro. La cepa CCUG no mostró actividad vacuolar. La baja frecuencia de alteraciones digestivas más severas como úlceras y cáncer, conjuntamente con el bajo índice de detección del gen cagA y la moderada actividad citotóxica sugiere una prevalencia de cepas de menor potencial patogénico.

15. CLONAMIENTO DEL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO IV DE Helicobacter pylori J99 Y SU EXPRESIÓN EN Escherichia coli. (Cloning of he H. Pylori Type IV secretion system and expression in E. Coli.)

Palacios JL, Venegas A. Departamento de Genética Molecular Y Microbiología, P. Universidad Católica de Chile. jalacio@pc.cl

Helicobacter pylori tipo I posee un islote de patogenicidad (40Kb, 30 genes), que codifica un sistema secretor de proteínas tipo IV (6 genes). Este transporta hacia la célula epitelial gástrica la proteína CagA, también codificada en este islote, generando en infecciones crónicas, cáncer gástrico en humanos. Este sistema fue definido en H. pylori por su similitud con el sistema tipo IV en Agrobacterium tumefaciens (12 genes). La información contenida en el islote de patogenicidad da cuenta de un sistema IV incompleto. Estas observaciones generan la interrogante de si el islote se complementa con factores propios de H. pylori, o es un elemento autónomo en su acción biológica. En este sentido, se pretende evaluar la autonomía del islote de patogenicidad en un modelo distinto a H. pylori. Para esto, mediante la construcción de una genoteca fosmidial de la cepa Hp J99 en E. coli, se obtuvo un clon con el 97% del islote de patogenicidad, faltando el carboxilo terminal de cagA (extremo 3' final del islote). Para complementar esta deleción, se clonó cagA bajo su propio promotor. La expresión de genes del islote en E. coli se evaluó por "Western Blot" acoplado a quimioluminiscencia. Los resultados muestran por primera vez la expresión de CagA y 4 de los componentes del sistema secretor de H. pylori en E. coli, demostrando la funcionalidad de sus respectivos promotores. Estos componentes se identifican en la fracción insoluble de extractos celulares, lo que abre la posibilidad de que estas proteínas sean destinadas a membrana de acuerdo a su acción biológica en H. pylori. Queda por determinar la capacidad del sistema expresado en E. coli para translocar CagA.

Financiamiento: FONDECYT # 1030894.

16. ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE Larrea divaricata EN CEPAS DE Helicobacter pylori. (Antimicrobial Activity of Larrea divaricata on Helicobacter pylori Strains).

Vega, AE¹., Davicino R²., Stege PW¹., Casali Y²., Micalizzi B². Area Microbiología. Area Bromatología y Ensayo y Valoración de Medicamentos. UNSL. Chacabuco y Pedernera. 5700. San Luis. E-mail: aevega@unsl.edu.ar.

Un alto porcentaje de úlceras se asocian a *Helicobacter pylori*. La aparición de cepas resistentes a claritromicina (CLA) y metronidazol (MTZ) inducen a la investigación de tratamientos alternativos. En este estudio se evalúa la actividad antimicrobiana de extracto acuoso (EA) e infusión (I) de Larrea divaricata frente a la cepa NCTC 11638 y 6 cepas locales de *H. pylori*. Se usó el método de la dilución en Mueller Hinton agar suplementado con 7% sangre equina. Los extractos liofilizados se probaron entre 20 y 100 mg/ml. Las placas se sembraron con 1µL de cultivo (0.5 escala Mc Farland). Se incubó en microaerofilia a 37°C durante 3-5 días. Como control se usó CLA y MTZ en diluciones al doble desde 128 hasta 0.008 mg/L. Las 6 cepas locales fueron CLA resistentes y 1 resistente a MTZ.

El EA y la I (20 mg/ml) inhibieron una cepa local y la de referencia mientras que el EA (87,4 mg/ml) inhibió el 71,4% de las cepas (5/7) y la I (87 mg/ml) inhibió el 100 % de las cepas (7/7).

Estos resultados demuestran la actividad antimicrobiana de EA e I frente a cepas de *H. pylori* tanto sensibles como resistentes a CLA o MTZ. Se requiere profundizar el estudio de estos extractos para su posible aplicación como tratamiento alternativo de infecciones causadas por cepas de *H. pylori* resistentes.

Financiamiento: Proyectos Nº 8802 y Nº 9601 de Ciencia y Técnica de la UNSL.

17. EL GENOTIPO s1b m1 DE vacA DE CEPAS CHILENAS DE Helicobacter pylori TIENE UNA DISTRIBUCIÓN PREFERENCIAL EN PACIENTES DE CIUDADES AL NORTE DE SANTIAGO MIENTRAS QUE LA DISTRIBUCIÓN DE ALTERACIONES DEL GEN cagA ES GEOGRÁFICAMENTE DISPERSA. (The s1bm1 vacA genotype from Chilean H. pylori strains has a biased distribution in infected patients from cities located Northern to Santiago, whereas the alterations of cagA have a scattered geographic distribution). Venegas, A, Diaz, M.I, Valdivia, A, Palacios J.L, Martínez, P, Harris, P. Facultades de Ciencias Biológicas y Medicina, Pontificia Universidad Católica. Alameda 340, Santiago. avenegas@genes.bio.puc.cl

Para establecer los genotipos de *vacA* y *cagA* de *H. pylori* más frecuentes en Chile se estudió por PCR la estructura de los alelos s y m de *vacA* en aislados de biopsias de 54 pacientes infectados provenientes de 8 ciudades de Chile que cubren una extensión de 2500 km. Se obtuvo en promedio 3 colonias por paciente generando una colección de 123 aislados. Se extrajo DNA de éstos y se utilizó los partidores descritos por Atherton La distribución global de los alelos fue: s1a m1 39.8%, s1b m1 58.6%, y s2m2 1.6%. El genotipo s1b m1 se encontró en el 100% de los aislados de pacientes de ciudades al norte de Santiago. En cambio, la distribución hacia al sur, incluyendo Santiago fue: s1a m1 74.3%, s1b m1 22.7% y s2 m2 3%. El genotipo s1b m1 se asoció frecuentemente a pacientes con gastritis. El alelo m2 fue secuenciado, encontrándose una mayor similitud con el m2 proveniente de un aislado de Italia y mayor divergencia con alelos m2 de cepas de Taiwán. El gen *cagA* se amplificó con partidores que acotaban una región central de 1.3 kb, a partir de 54 cepas aisladas de 26 pacientes. En varios casos se observó un triplete de 1.3, 1 y 0.8 kb que se explica por secuencias repetidas presentes en el gen e incluídas en uno de los partidores. Un 41% de las cepas contenían la región central de *cagA* intacta y el resto generaban fragmentos de menor tamaño. Las cepas con *cagA* central intacto se asociaban más frecuentemente con descripción endoscópica de gastritis. FONDECYT #1030894 y #1030401.

18. RESISTENCIA A TELURITO DE POTASIO (K₂TeO₃) EN Escherichia coli: PARTICIPACION DE DOS METILTRANFERASAS DE Geobacillus stearothermophilus V EN EL PROCESO. (Resistance to potassium tellurite in Escherichia coli: participation of two methyltranferases from Geobacillus stearothermophilus V in the process). Araya M.A., Tantaleán J.C., Saavedra C., Fuentes D., Calderón I., Pérez J.M., Navarro C. and Vásquez C. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile).

Con la finalidad de identificar y aislar determinantes de resistencia a telurito de potasio (Te^r) en G. stearothermophilus V construímos genotecas de esta bacteria, a partir de las cuales hemos aislado clones de E. coli Te^r, seleccionando directamente por adquisición de resistencia a K₂TeO₃. Uno de estos clones (1VH) contiene un inserto de 3,8 kb que fue secuenciado totalmente. Se identificaron tres marcos de lectura abiertos (ORFs) de 780, 399 y 600 nt en el fragmento clonado. La comparación de éstos con secuencias disponibles en bases de datos permitió determinar que el primero codifica para una proteína que presenta un 80% de similitud con la enzima BtuR de Bacillus megaterium; el segundo codifica para una proteína que presenta un 54% de similitud con una metiltransferasa relacionada con la biosíntesis de esteroles en Pyrococcus abyssi; y el tercero, para una proteína con 77% de similitud con la uroporfirina-III metiltranferasa (SUMT) de B. megaterium.

Los tres ORFs fueron amplificados independientemente por PCR y clonados en el vector de expresión pET21b. Mediante cromatografía gaseosa acoplada a un detector quimioluminiscente, se pudo determinar la presencia de derivados metilados de teluro. En este trabajo se trata de relacionar la presencia de dos metiltranferasas y la producción de estos derivados metilados. Financiado por Fondecyt 1030234 y Dicyt, USACH.

19. CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE UN NUEVO SISTEMA INVOLUCRADO EN EL TRANSPORTE DE ADENOSINA EN Salmonella typhi. (Functional characterization of a new system involved in adenosine transport present in Salmonella typhi). Bucarey S, Trombert N y Mora G. Unidad de Microbiología, Facultad de Ciencias Biologicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. sabucare@puc.cl.

Fundamento: Salmonella typhi es un patógeno intracelular facultativo capaz de resistir los diversos desafíos que encuentra en el espacio intracelular, como el estrés oxidativo y ácido, y una baja disponibilidad de nutrientes. Esta última condición la encuentra fundamentalmente en el interior del fagosoma (macrófago), donde prima una baja disponibilidad de nucleósidos, principalmente purinas. De esta manera, los genes involucrados en el transporte y metabolismo de estos sustratos, se han usado como blancos genéticos para el desarrollo de vacunas, generándose cepas atenuadas incapaces de proliferar dentro del macrófago. Resultados y Métodos: En este trabajo establecimos una relación transcripcional y funcional entre la porina nucleósido específica Tsx, y una proteína de membrana interna (MI), exclusiva del género Salmonella, cuya función era desconocida, denominada ImpX. El análisis por RT-PCR indicó que el gen impX de S. typhi se encuentra en la misma unidad transcripcional que tsx. En forma paralela se generaron mutantes sitio específicas en estos genes (tsx e impX) y fueron caracterizadas fenotípicamente, evaluando su crecimiento en medio mínimo suplementado con adenosina, el cual reveló que la mutación nula en el gen tsx genera una cepa cuyo crecimiento es absolutamente dependiente de la adenosina del medio. Por otra parte, la mutación nula en impX, generó una cepa con una marcada sensibilidad a la adenosina del medio. Estos resultados sugieren que la proteína de MI impX, está involucrada en el eflujo de adenosina cumpliendo la función inversa a Tsx, la cual es esencial para el influjo de este sustrato.

20. ESCISIÓN PRECISA DE LA ISLA MAYOR DE PATOGENICIDAD DE Salmonella enterica sv. TYPHI (Precise excision of the large pathogenicity island of Salmonella enterica serovar Typhi). Bueno S.¹, Fuentes J.², Trombert N.², Murillo A.², Youderian P.³ y Mora G.² ICBM, U. de Chile¹, Laboratorio de Microbiología, Facultad de Cs. Biológicas, P.Universidad Católica de Chile² y Department of Biology, Texas A&M University³. E-mail: su_bueno@yahoo.com

Salmonella enterica sv. Typhi, agente causal de la tifoidea en el hombre, posee regiones en su genoma que contienen genes únicos, ausentes en el genoma de otros serovares de Salmonella. La isla mayor de patogenicidad (LPI) corresponde a la región genómica exclusiva de S. Typhi de mayor tamaño (133,5 kb), que contiene genes que codifican para factores de virulencia, como los de la biosíntesis y exportación de la cápsula. Esta región genómica posee características de un elemento genómico adquirido mediante transferencia lateral: está delimitada por secuencias directas repetidas, se ubica adyacente a un gen de tRNA y posee genes que codifican integrasas similares a las encontradas en los profagos de la familia P2 y P4. En este estudio determinamos que la LPI es un elemento inestable, capaz de escindirse del genoma bacteriano mediante recombinación sitio específica. Detectamos que la escisión de la LPI puede ocurrir mediante dos vías, que llevan a su pérdida total o parcial. Utilizando metodologías de genética molecular determinamos que la pérdida de la LPI, en condiciones de crecimiento estándar, ocurre con una frecuencia de 2x10⁷ en una cepa clínica de S. Typhi. Además, la pérdida de la LPI provoca cambios fenotípicos profundos, que afectan la virulencia de la bacteria. Estos resultados sugieren que la LPI es una isla de patogenicidad de S. Typhi que se encuentra en la interfase de la adquisición y estabilización en el genoma.

Financiado por FONDECYT 1020485 y Beca de apoyo a Tesis de Doctorado CONICYT.

21. ROL DE LAS BOMBAS SMR DE Salmonella typhimurium EN EL EFLUJO DE TÓXICOS Y SU EVENTUAL PARTICIPACIÓN EN COMPLEJOS MULTIPROTEICOS. (Role of the SMR pumps of Salmonella typhimurium in the efflux of toxic substances and their eventual participation in multiprotein complexes). Calderón I., Navarro C., Fuentes D., Pérez J.M, Rojas D., Araya M., Saavedra C., y Vásquez C. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Recientemente en nuestro laboratorio se determinó que el gen qacC de S. epidermidis CH codifica una proteína de la familia SMR (small multidrug resistance) que confiere resistencia a bromuro de etidio (EB) y a oxacilina (OXA) en S. typhimurium. Se determinó que la porina TolC participa en el transporte de EB, pero no en el de OXA. Con la intención de determinar si proteínas SMR de S. typhimurium participan en el eflujo de estos tóxicos y si ello requiere la presencia de TolC, se realizó alineamientos de secuencia de proteínas SMR de E. coli sobre el genoma de S. typhimurium. Se encontró 4 marcos de lectura abiertos (ORF) con alta identidad de estas proteínas en los 2 genomas. Estos ORFs fueron delecionados en S. typhimurium y posteriormente complementados con los genes homólogos (clonados independientemente). Estos genes fueron también introducidos en cepas tolC y los resultados obtenidos indicaron que las deleciones de estos 4 genes no provocan mayor impacto en los fenotipos de resistencia. Sin embargo, cuando las cepas mutantes son complementadas se observó un alto nivel de resistencia a OXA en una forma independiente de TolC. En el caso de EB en cambio, el fenotipo de resistencia fue dependiente de TolC.

Estos resultados muestran que las proteínas SMR participan en el eflujo de tóxicos en *S. typhimurium* y que al menos en el caso de EB, la ruta de eflujo incluye TolC, sugiriendo su participación en la formación complejos multiproteicos involucrados en la eliminación de compuestos tóxicos para la bacteria.

Financiado por Fondecyt 1030234 y Dicyt, USACH.

22. EXPRESIÓN DEL ANTÍGENO PORA DE Neisseria meningitidis EN LA CEPA VACUNA Salmonella enterica SEROVAR TYPHIMURIUM 74550 Y EVALUACIÓN DE RESPUESTA INMUNE EN RATONES VACUNADOS ORALMENTE. (Expression of the Neisseria meningitidis PorA antigen in S. enterica serovar Typhimurium and evaluation of the immune response in oral vaccined mice). Canales A.1; Bruce E.1; García V.1; Vásquez A.2, Maldonado A.2 & Venegas A. Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad Ciencias Biológicas. P. Universidad Católica de Chile. Alameda 340. Santiago. ²Instituto de Salud Pública, Marathón 1000, Santiago. N. meningitidis es el agente etiológico más importante de la meningitis a nivel mundial. La falta de una vacuna contra el meningococo tipo B ha impulsado el estudio de proteínas con potencial inmunoprotector, para así obtener una vacuna oral viva eficente. Nuestro interés radicó en expresar el antígeno PorA en la cepa S. typhimurium x4550 para evaluar, en modelo murino, la utilidad de éstos para el desarrollo de una vacuna contra N. meningitidis. Para la expresión de los genes en Salmonella se utilizó un sistema plasmidial dual letal balanceado. La expresión del antígeno foráneo en cultivos de Salmonella se demostró por Western blot. Se seleccionaron los clones de S. typhimurium x4550 con expresión más eficiente y con uno de ellos se inmunizaron ratones BALB/c por vía oral. Se tomaron muestras de sangre, heces y saliva y se determinó, mediante ELISA, los niveles de IgG e IgA. Los títulos séricos fueron significativos (alredor de 256), en cambio los títulos de IgA en heces fueron más bajos. Finalmente, se realizaron ensayos bactericidas utilizando sueros de los ratones inmunizados

REGULACIÓN FASE-DEPENDIENTE DE RfaH, UN ACTIVADOR DE LA SÍNTESIS DEL LIPOPOLISACÁRIDO EN Salmonella enterica SEROVAR TYPHI. (Growth-dependent regulation of RfaH, an activator of lipopolysaccharide synthesis in Salmonella enterica Serovar Typhi). Carter J., Bittner M., Zaldívar M. y Contreras I. Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. javjacar@icaro.dic.uchile.cl

demostrándose una actividad significativa. Los datos sugieren que PorA puede ser un buen antígeno de la cepa B15:P1.3 para el desarrollo de una vacuna oral viva regional contra N. meningitidis, al considerar su potencial inductor de anticuerpos bactericidas. Financiado por Proyectos FONDECYT

1000730 y FONDEF D02I 1067.

La proteína RfaH es un antiterminador de la transcripción que regula positivamente la expresión de los genes del core y del antígeno O del LPS en especies de E. coli y Salmonella. En trabajos anteriores, hemos demostrado que la transcripción del gen rfaH y la expresión del operón wba del antígeno O son reguladas diferencialmente durante el crecimiento bacteriano, siendo inducidas en la fase logarítmica tardía y alcanzando un máximo en la fase estacionaria. En este trabajo se investigó si la activación transcripcional del gen rfaH resulta en un aumento en la síntesis de RfaH, y si la producción de antígeno O se correlaciona con los niveles citoplasmáticos de esta proteína.

Con objeto de evaluar la producción de RfaH durante la curva de crecimiento, se construyó una fusión cromosomal del gen rfaH con el epítopo FLAG, mediante mutagénesis por productos de PCR. Se obtuvieron extractos proteicos citoplasmáticos de esta cepa en las distintas fases de crecimiento y se detectó la proteína fusionada mediante ensayos de Western blot utilizando un anticuerpo comercial anti-FLAG. Los resultados mostraron que RfaH comienza a aumentar durante la fase logarítmica y alcanza su máxima expresión al inicio de fase estacionaria, manteniéndose luego constante. El análisis de los perfiles de LPS en geles de poliacrilamida-SDS-Tricina reveló que la producción de antígeno O se correlaciona con los niveles citoplasmáticos del antiterminador RfaH. Una mayor producción de RfaH permitiría la transcripción completa del operón wba por su función de antiterminador, con el resultado de un aumento en la síntesis del antígeno O. Financiamiento: Beca CONICYT a Tesis Doctoral (MB); Beca de Memoria de Título del Departamento de Bioquímica y Biología Molecular (JC).

24. LOS FACTORES SIGMA RPOS Y RPON PARTICIPAN EN LA REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL DE rfaH Y EN LA EXPRESIÓN DEL ANTÍGENO O EN Salmonella enterica SEROVAR TYPHI (RpoS and RpoN are involved in the regulation of rfaH transcription and O antigen expression in Salmonella enterica Serovar Typhi). Bittner M., Saldías S., Altamirano F. y Contreras I. Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

La proteína RfaH es un antiterminador de la transcripción que regula positivamente la síntesis de componentes extracelulares y de membrana externa en Enterobacterias. Previamente hemos demostrado que la síntesis del antígeno O en Salmonella enterica serovar Typhi aumenta en la etapa de transición a fase estacionaria de crecimiento y, que este aumento se correlaciona con la inducción de la transcripción del gen rfaH. Además, observamos que esta regulación se pierde, tanto a nivel de la expresión del gen rfaH como de la producción de antígeno O, en cepas mutantes en los factores sigma alternativos RpoN (σ^N , σ^{54}) y RpoS (σ^S , σ^{38}). En este trabajo, se investigó una posible interrelación entre RpoN y RpoS en la modulación de la síntesis del antígeno O. Para ésto, se transformó distintas cepas mutantes (ArpoN, ArpoS y ArpoNArpoS) con plasmidios que tenían clonados los genes rpoN y rpoS intactos. El análisis del LPS mediante PAGE-SDS-Tricina demostró que la expresión constitutiva del gen rpoN complementa la deficiencia de las cepas ΔrpoS y ΔrpoNΔrpoS, recuperándose el aumento en la producción del antígeno O durante la fase estacionaria. Por el contrario, la función del gen rpoS no restituye el fenotipo silvestre en la mutante ∆rpoN, así como tampoco en la doble mutante ∆rpoN∆rpoS. Por otra parte, la expresión constitutiva del gen rfaH complementa el defecto en la síntesis del antígeno O de todas las cepas mutantes. Nuestros resultados indican que ambos factores sigma de estrés, RpoN y RpoS, participan en la regulación transcripcional del factor RfaH y la síntesis de antígeno O en S. typhi. Además, sugieren que RpoN sería responsable de la transcripción del gen rfaH en condiciones de fase estacionaria, en tanto que la participación de RpoS sería indirecta, posiblemente a través de RpoN. Financiamiento: Proyecto DID ENL 02/18 (IC) y Beca CONICYT a Tesis Doctoral (MB).

25. REGULACIÓN DE LA EXPRESIÓN TRADUCCIONAL DE LOS PRODUCTOS GÉNICOS IMPLICADOS EN LA INMUNIDAD Y MADURACIÓN DE LA MICROCINA E492 (Regulation of the translational expression of the genetic products involved in immunity and maturation of microcin E492). Corsini G.*, Mercado G. y Lagos R. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. georsini@codon.ciencias.uchile.cl

La microcina E492 es un antibiótico polipeptídico de 7886 Da. que requiere para su producción la expresión de genes de maduración y exportación. El gen mceA codifica para la microcina, el gen mceB codifica para una proteína de 95 aminoácidos que confiere inmunidad a la microcina y los genes mceC y mceI codifican para proteínas involucradas en la maduración de la microcina. Para estudiar la expresión traduccional se realizaron fusiones al azar entre plasmidios que llevan los genes del sistema microcina y el fago MudII1681. Estas fusiones fueron seleccionadas por coloración y pérdida de la actividad microcina, y se localizaron las inserciones mediante PCR y secuenciación de DNA. Se obtuvieron fusiones traduccionales para los genes mceCIJ y para los genes mceAB. La expresión traduccional de los productos génicos se determinó midiendo la actividad β-galactosidasa de sus respectivas fusiones durante el crecimiento celular. MceB-LacZ se expresa mayoritariamente al comienzo de la fase exponencial y decae al llegar a la fase estacionaria, manteniendo constante los niveles bajos de actividad. MceA-LacZ posee un perfil similar al anterior pero con niveles de actividad mucho menores. MceC-LacZ aumenta su expresión hasta llegar a fase estacionaria donde disminuye levemente. La expresión de Mcel-LacZ aumenta durante la fase exponencial y al llegar a fase estacionaria cae hasta alcanzar niveles muy bajos. Estos resultados indican que MceA, MceB y MceC se expresan tanto en fase exponencial como estacionaria de crecimiento aunque con diferentes niveles, en tanto, Mcel disminuye su expresión en fase estacionaria drásticamente. La expresión traduccional de estos productos génicos se correlaciona con la expresión transcripcional de los mRNAs que codifican para estas proteínas. FONDECYT 1010848 y 2000016. (*) Becario Fundación María Ghilardi Venegas.

26. CARACTERIZACION MOLECULAR DE Flavobacterium psychrophilum MEDIANTE ANALISIS DE ADN PLASMIDIAL (Molecular characterization of Flavobacterium psychrophilum by plasmid DNA analysis).

Collado L., Ortiz E., Mancilla M., Bustamante F., Romero A. y Farías C. Laboratorio de Biotecnología e Inmunología Acuática, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia. cfarias@uach.cl.

La Flavobacteriosis, también llamada enfermedad del agua fría, es una enfermedad causada por Flavobacterium psychrophilum y es responsable de grandes pérdidas económicas en la industria salmonera mundial. Afecta a peces jóvenes en agua dulce causando mortalidades cercanas al 26% en una semana. Con el propósito de determinar si la presencia de plasmidios tiene alguna relación con la virulencia del patógeno, se analizaron 31 cepas chilenas de F. psychrophilum obtenidos de brotes clínicos de Flavobacteriosis, ocurridos en pisciculturas ubicadas desde la IXª a la XIIª Regiones. Después de extraer el DNA plasmidial de cada cepa, este fue analizado mediante electroforesis en agar para determinar su tamaño y de esta forma agruparlo en algún perfil plasmidial. El numero y tamaño de los plasmidios de cada cepa se correlacionó con algunas propiedades bioquímicas que caracterizan a las cepas virulentas, incluyendo, entre otras, la resistencia a los antibacterianos más usados en salmonicultura

Se determinó la presencia de 10 perfiles plasmidiales diferentes, los cuales contenían uno o más plasmidios de tamaño variable entre 2.1 kb y 4.8 kb. La mayoría de los aislados fueron resistentes a sulfatrimetoprin (64.5%), seguido de ácido oxolínico (48.4%), amoxicilina (25.8%), flumequina (13.0%), oxitetraciclina y florfenicol (9.7%). No fue posible establecer una clara correlación entre plasmidios y virulencia sin embargo, estudios mas detallados están en desarrollo.

Trabajo financiado por: CONICYT-FONDEF D98I1083.

27. MUTAGÉNESIS DIRIGIDA EN EL LOOP 4 DE PORA DE Neisseria meningitidis SUGIERE LA PARTICIPACIÓN DE UNA HISTIDINA EN LISIS BACTERIANA POR EXPRESIÓN HETERÓLOGA EN Escherichia coli. (Site-directed mutagenesis on Neisseria meningitidis por loop 4 suggests an histidine involved in bacterial lysis after Por leterologous expression in Escherichia coli). Escudero C., Bruce E., Venegas A. Departamento Genética Molecular y Microbiología. P. Universidad Católica de Chile. Alameda 340. Santiago. caescude@puc.cl.

PorA, una porina de Neisseria meningitidis, agente causal de la meningitis, de configuración barril βplegada, forma un canal catiónico en la membrana externa. La expresión heteróloga inducida por IPTG en un gen particular de porA aislado de una cepa chilena (B:4:NT) induce lisis en E. coli. Estudios previos sugieren que el efecto lítico se debería a una diferencia en la estructura/secuencia de PorA respecto a su contraparte no-lítica (B:15:p1.3). Comparando la secuencia aminoacídica de ambas cepas, se encontró que el loop 4 de B:4:NT, contenía 4 aa cargados: dos negativos (Asp178, Glu179) y dos positivos (Lys180, Lys181), y la contribución de una carga positiva parcial por His184 (pKa 6,04), ausentes en B:15:p1.3. Estos aa se reemplazaron por Gly mediante PCR con megaprimer del loop4, y éste fue reemplazado por digestión y ligación en pET21a-porA B:4:NT. Se evaluó el potencial lítico de PorA mediante curvas de crecimiento y expresión. A pesar del cambio de His184 se mantiene su carácter lítico, sin embargo el cultivo tamponado a diferentes pH no modifica este carácter, a diferencia del mostrado por PorA B:4:NT. Los genes mutados en las otras posiciones muestran un comportamiento lítico en diferentes grados, siendo algunos mayores que aquél de PorA B:4:NT, sugiriendo que otros factores además de His184, estarían contribuyendo al fenómeno de lisis por expresión heteróloga. Estos estudios contribuirán a una mejor elección de antígenos para el desarrollo de una vacuna oral viva, como de la estrategia experimental. Financiado por FONDEF D02I-1067.

28. ANÁLISIS DEL POSIBLE ROL DE LA ENTEROTOXINA SHET-2 COMO PROTEÍNA EFECTORA DEL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO III EN Shigella flexneri. (Analysis of possible role of ShET-2 enterotoxin as effector protein of type III secretion system in Shigella flexneri). Farfán M.¹, Toro C.¹, Prado V.¹, Sui B.² & Nataro J.²¹Programa de Microbiología, Facultad de Medicina, ICBM, Universidad de Chile. ²Center for Vaccine Development, School of Medicine, University of Maryland. mfarfar@machi.med.uchile.cl

Introducción: Las infecciones por Shigella representan una causa frecuente de morbi-mortalidad en países en vías de desarrollo. Este cuadro clínico se caracteriza por la presencia de cólicos abdominales con o sin fiebre asociados a deposiciones diarreicas que contienen sangre y mucus. Si bien la capacidad de Shigella de invadir y de diseminarse dentro de las células epiteliales del intestino grueso ha sido ampliamente estudiada, aún no se ha establecido claramente cuáles son los factores asociados a la diarrea acuosa. Hasta la fecha, se han caracterizado dos enterotoxinas en S. flexneri, denominadas ShET-1 y ShET-2, siendo esta última asociada con proteínas secretadas por el sistema de secreción tipo III (TTSS). Objetivos: Evaluar la expresión de ShET-2 en líneas celulares epiteliales y analizar su posible rol como proteína efectora del TTSS. Resultados: La expresión del gen que codifica para ShET-2 en células Vero induce una marcada citotoxidad en estas células. Análisis de Western blot, sin embargo, no permiten detectar esta enterotoxina en sobrenadantes de cultivos estimulados o no con la tinción rojo congo. Además, análisis de RT-PCR y PCR en tiempo real, muestran que la expresión del gen que codifica ShET-2 no es regulada por VirB o VirF, proteínas que participan en la regulación del TTSS. Conclusión: Si bien ShET-2 induce una marcada citotoxicidad en líneas celulares epiteliales, esta enterotoxina no es liberada al medio extracelular a través del TTSS.

29. BACTERIAS LÁCTICAS RECOMBINANTES QUE EXPRESAN hITF PROMUEVEN LA MIGRACIÓN EPITELIAL. (Recombinant lactic bacterias expressing hTFF3 promote epithelial migration). Frías J.R. (1), Héctor Núñez (1), Elvira M. Hebert (2), Raúl Raya (2), Martin Gotteland (1). (1) Unidad de Gastroenterología, INTA, Universidad de Chile. (2) CERELA, Tucumán, Argentina. jfrias@inta.cl; mgottela@inta.cl

El péptido ITF (Intestinal Trefoil Factor) es secretado normalmente por las células intestinales en respuesta al daño. Se ha visto que induce la migración celular y que tendría un importante rol antiapoptótico.

Lactococcus lactis NZ9000, previamente transformados con plásmidos bajo el control del promotor pNis y que permiten que hITF sea expresado anclado a la pared celular o secretado, fueron crecidos en medio M-17 durante 16 horas en presencia de Nisina (1-1000 ng/mL). Inóculos de estos cultivos fueron agregados a placas de 6 pocillos conteniendo la línea celular epitelial colónica IEC-6 crecidas a confluencia en medio DMEM-F12-10% FBS, a las que previamente se les eliminó un área de 1 cm², y cocultivados durante 24 horas.

En un principio, se observó una inhibición del crecimiento de las bacterias en el medio con la mayor concentración de Nisina, lo cual estaría indicando un efecto tóxico en éstas. Usando cultivos de *L. lactis* recombinantes inducidos con Nisina 1-10-100 ng/mL, se observó que en presencia de las bacterias hubo un efectivo aumento de la migración celular desde el sector de confluencia hacia el área sin células, tanto con *L.lactis*-hITF anclado como con *L.lactis*-hITF secretado. Estos resultados nos permiten concluir que el péptido hITF es expresado en forma funcional por las bacterias recombinantes, lo cual abriría la posibilidad del uso posterior de este sistema como una biodroga para patologías intestinales. Fondecyt 1010673.

30. INTEGRONES Y RESISTENCIA A ANTIBIOTICOS EN CEPAS DE Escherichia coli AISLADAS DE INFECCIONES DEL TRACTO URINARIO (ITU) ADQUIRIDAS EN LA COMUNIDAD (Integrons and antibiotic resistance among E. coli strains isolated from community acquired urinary tract infections).

Díaz P.¹, González G.¹, Salas A.¹, Bello H.¹, Domínguez M.¹, Mella S.², Zemelman R.³¹Depto. Microbiología. Fac. Ciencias Biológicas. ²Depto. Medicina Interna. Fac. de Medicina. U. Concepción.

³Facultad de Cs y Tecnología. U. San Sebastián. Concepción. ggonzal@udec.cl

Las ITU son una de las infecciones bacterianas más frecuentes en la población general, siendo *E. coli* el principal agente etiológico en pacientes ambulatorios. En su tratamiento, comúnmente, se usan antibióticos como amoxicilina, ampicilina, sulfametoxazol/trimetoprim, nitrofurantoina o quinolonas. Esto permite la selección, cada día más frecuente, de cepas resistentes y poco se conoce acerca de los mecanismos genéticos de la resistencia en estas cepas, ya que los estudios, principalmente, se han realizado con cepas hospitalarias. En este trabajo se estudió, por difusión en agar (NCCLS, 2001), la actividad de 16 antibióticos sobre 52 cepas de *E. coli* aisladas de ITU de pacientes ambulatorios y, mediante PCR, se pesquisó la presencia de integrones clase 1 y 2. La mayor frecuencia de cepas resistentes fue a ampicilina (36,5 %), tetraciclina (23,1 %) y sulfametoxazol/trimetoprim (23,1 %), siendo muy baja o inexistente para cefalosporinas de tercera generación, imipenem, quinolonas y aminoglicósidos. Se encontró 12 cepas con integrón clase 1, una con clase 2 y una con ambas clases de integrones. Los patrones de resistencia fueron más extensos en las cepas con integrón que en las sin esta estructura. En algunas de estas cepas se encontró *cassettes* genéticos insertos en la zona variable del integrón. Se concluye que los integrones podrían explicar, en parte, la mayor resistencia de algunas cepas. Financiamiento: Proyectos FONDECYT 1000352 y 1020454.

31. LA ESPECIFICIDAD DE LA PROTEÍNA WZX DEPENDE DEL PRIMER AZÚCAR DE LA SUBUNIDAD DEL ANTÍGENO O. (Wzx specificity depends on the first sugar of the O antigen subunit).

Marolda C. Vicarioli J., Saldías M.S. y Valvano M.A. Department of Microbiology and Immunology. University of Western Ontario, Canada. (cmarolda@uwo.ca)

En Escherichia coli y en Salmonella, la biosíntesis del antígeno O del lipopolisacárido (LPS) comienza en la cara interna de la membrana citoplasmática con la formación de las subunidades del antígeno O unidas a undecaprenol fosfato (Und-P). Este proceso continúa con la translocación de las subunidades a través de la membrana, lo que sería mediado por la proteína Wzx. En un trabajo anterior demostramos que Wzx puede translocar Unp-P unido a un sólo azúcar. Las proteínas Wzx no presentan homologías altamente significativas entre sí a nivel de secuencia de aminoácidos. Se construyó una mutante nula en el gen wzx de E. coli que no puede expresar antígeno O en la superficie bacteriana. Esta mutante se complementó con plásmidos que expresan proteínas Wzx de otros antígenos O y de algunos exopolisacáridos. Encontramos que solamente las proteínas Wzx de antígenos O que poseen Nacetilglucosamina unida a Und-P pudieron complementar el fenotipo silvestre de nuestra mutante. En cambio, las proteínas Wzx de sistemas que poseen galactosa, como en el caso de S. enterica ó fucosamina en Pseudomonas aeruginosa, complementan parcialmente, pero solamente cuando se encuentran en alto numero de copias, mientras que las proteínas Wzx que translocarían exopolisacáridos no complementan el fenotipo en absoluto. En este trabajo demostramos que la proteína Wzx reconocería la presencia del primer azúcar de la subunidad O unido al Und-P ó a la enzima responsable de la formación de ese enlace.

32. CLONAMIENTO Y EXPRESIÓN DEL REGULADOR TRANSCRIPCIONAL SmvR DE Salmonella enterica sv. Typhimurium (Cloning and expression of the Salmonella Typhimurium SmvR transcriptional regulator).

Rodas, P., Santiviago, C. y Mora, G., Unidad de Microbiología, Facultad de Cs. Biológicas, P.Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. E-mail: aldustaria@yahoo.com.mx

El gen *smvR* codifica un represor transcripcional putativo que regularía la expresión de la bomba SmvA de *S.* Typhimurium, capaz de expulsar diversos compuestos de amonio cuaternario (CACs) tóxicos. Consecuentemente, mutantes *smvR* de *S.* Typhimurium presentan un marcado aumento en su resistencia a CACs tóxicos. Para confirmar que la hiper-resistencia observada se debe exclusivamente a la ausencia de SmvR, decidimos clonar el gen *smvR* y complementar nuestras mutantes. Para ello, se diseñaron partidores que permitieron amplificar por PCR el marco de lectura del gen *smvR* desde una cepa silvestre de *S.* Typhimurium. El producto obtenido se ligó al vector pBAD-Myc-His(C) y se seleccionó en *E. coli* DH5α. De esta forma, se generó el plasmidio pSmvR(6xHis) en el que *smvR* quedó bajo el control del promotor *P_{BAD}*, inducible por la presencia de L-arabinosa. La expresión de SmvR desde pSmvR(6xHis) se detectó mediante SDS-PAGE desde bacterias inducidas con distintas concentraciones de L-arabinosa. Como esperábamos, el plasmidio pSmvR(6xHis) complementó la hiper-resistencia a CACs tóxicos que presentaban nuestras mutantes *smvR* de *S.* Typhimurium. Estos resultados muestran que pSmvR(6xHis) expresa una proteína SmvR funcional. Por su parte, la complementación lograda confirma que el fenotipo de hiper-resistencia a CACs presentado por mutantes *smvR* de *S.* Typhimurium se debe únicamente a la ausencia de SmvR.

Financiado por el proyecto FONDECYT 1020485.

33. EL REPRESOR SmvR REGULA LA EXPRESIÓN DE LA BOMBA DE EFLUJO SmvA EN Salmonella enterica sv. Typhimurium (The SmvR repressor regulates the expression of the SmvA multidrug efflux pump in Salmonella Typhimurium).

Santiviago C., Rodas P. y Mora G., Unidad de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, P.Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. E-mail: csantivi@puc.cl

Previamente demostramos que el gen smvA de S. Typhimurium codifica una bomba de eflujo capaz de expulsar una variedad de compuestos de amonio cuaternario tóxicos, como el metil viológeno (MV). Advacente a smvA se localiza el gen smvR, que codifica un regulador transcripcional putativo, miembro de la familia de represores TetR. Notablemente, diversos sistemas bacterianos presentan el gen estructural de una bomba de eflujo adyacente al gen que codifica la proteína que regula su expresión. Para evaluar el papel de SmvR en la regulación del gen smvA, construimos una fusión del operón lacZY al promotor P_{smvA} en el genoma de una cepa silvestre de S. Typhimurium y determinamos la actividad transcripcional de esta fusión bajo distintas condiciones experimentales. Las mediciones se realizaron en presencia y ausencia de mutaciones que impiden la expresión de SmvR. Nuestros resultados mostraron que el gen smvA es regulado por la fase de crecimiento, expresándose mayoritariamente durante la fase estacionaria. Por otra parte, mutaciones en el gen smvR causaron un aumento significativo de la expresión del gen smvA bajo todas las condiciones estudiadas. Finalmente, la presencia de MV en el medio no afectó la expresión de la bomba bajo ninguna condición estudiada. En conclusión, nuestras observaciones indican que SmvR es un represor que regula la expresión de la bomba de eflujo SmvA de S. Typhimurium a nivel de la transcripción del gen que la codifica. Financiado por el proyecto FONDECYT 1020485.

34. ANÁLISIS MOLECULAR DEL SISTEMA DE EXPORTACIÓN DE LA MICROCINA E492 Y DE LA COLICINA V (Molecular analysis of the exporter system of microcin E492 and colicin V) Tello, M.*, Castillo J.A., Arbildua J.J., Monasterio O. y R. Lagos. Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. * mcg_tello@hotmail.com

La microcina E492 (MccE492) y la colicinaV (ColV) son bacteriocinas no homólogas (<20%) exportadas por sistemas ABC que comparten un 90% de identidad. Mediante estudios de complementación se demostró que el transportador de ColV es específico para ColV, en tanto que el transportador de MccE492 (MceG) exporta también ColV. Los mecanismos que regulan la especificidad de estos transportadores son desconocidos lo que motivó de este trabajo.

La primera aproximación para abordar este problema fue intercambiar los péptidos líderes de ColV y MccE492 en un sistema regulado por el promotor de arabinosa (pBAD) donde se encontró que la MccE492 fusionada al péptido lider de ColV no es exportada. Utilizando un modelo 3D de MceG se localizaron espacialmente los residuos que son diferentes entre MceG y ColV, pensando en que éstos son los que confieren especificidad a CvaB. Se modeló además los cambios en la estructura 3D de MceG produce la mutación de los cuatro últimos aminoácidos que anula la exportación de Mcc492 y ColV. Esta mutación cambia la estructura secundaria de la región vecina al sitio de unión a ATP del dominio ABC, probablemente impidiendo la dimerización del transportador. La localización subcelular de la Mcc492 determinada mediante inmunoblot de una mutante MceG indica que los eventos de procesamiento y exportación están coordinados. Estos resultados y el análisis del modelo 3D sugieren que el procesamiento del péptido líder ocurre por dimerización del extremo N-terminal del transportador cuando éste se encuentra en el estado abierto.

Financiado por Fondecyt 1020757 y Beca Conicyt Apoyo Tesis Doctoral a M.T.

35. ESTUDIO DE LA FUNCIONALIDAD DE LOS GENES REGULADORES tfd EN Ralstonia eutropha JMP134(pJP4). (Study of the functionality of tfd genes regulators in Ralstonia eutropha JMP134(pJP4)). Trefault, N., Manzano, M. y González, B. Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. nntrefau@puc.cl

Ralstonia eutropha JMP134 (pJP4) es una bacteria modelo para el estudio de la degradación natural de compuestos contaminantes cloroaromáticos. Sus capacidades catabólicas claves se encuentran codificadas en los genes tfd, ubicados en el plasmidio pJP4, organizados en dos módulos genéticos, $tfdC_1D_1E_1F_1$ y $tfdD_{II}C_{II}E_{II}F_{II}$. Dentro del cluster génico tfd, se encuentran tres genes reguladores tfdR, tfdS y tfdT, ubicados río arriba y divergentemente del cluster que regulan. Los genes tfdR y tfdS son idénticos y se encuentran formando una estructura de invertidos repetidos. El gen tfdT, está ubicado río arriba del módulo $tfdC_ID_IE_IF_I$ y se encuentra interrumpido por la presencia de la secuencia de inserción ISJP4. En los últimos años, se ha avanzado considerablemente en el conocimiento de la genética y bioquímica de la degradación de compuestos cloroaromáticos en R. eutropha JMP134, sin embargo la regulación de la expresión de los genes tfd en el plasmidio pJP4 no ha sido establecida completamente. En este trabajo se estudió la funcionalidad de los genes reguladores tfdR/S y tfdT mediante la obtención de mutantes en cada uno de estos genes. Mediante este enfoque se pudo determinar que el derivado de pJP4 que carece de la zona donde se encuentran los genes tfdR/S aún permite el crecimiento de R. eutropha en 3-CB, mientras que no permite el crecimiento en 2,4-D, sugiriendo que otras funciones plasmidiales o cromosomales podrían activar la expresión de los genes tfd durante el crecimiento en 3-CB. El análisis de la secuencia nucleotídica del pJP4 indicó que existen otros tres genes reguladores, potencialmente involucrados en el metabolismo de cloroaromáticos.

Financiamiento: FONDECYT 8990004 y 1030493. N.T. es becario de doctorado MECESUP.

36. FACTORES DE ADHERENCIA DISTINTOS A INTIMINA PRESENTES EN CEPAS CLINICAS DE Escherichia coli PRODUCTORAS DE SHIGATOXINA (STEC) (Adherence factors different to intimin in clinical strains of Shiga Toxin producing Escherichia coli (STEC). Vidal, M^{1*}., Vidal, R². y Prado, V². Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas, Programa de Microbiología, Facultad de Medicina-ICBM, Universidad de Chile. mvidal@canela.med.uchile.cl

Escherichia coli productor de Shigatoxina (STEC) se asocia a casos esporádicos y brotes de diarrea, colitis hemorrágica (CH) y síndrome hemolítico urémico (SHU). En las infecciones por STEC, la colonización intestinal es un aspecto clave y la proteína intimina codificada por el gen eae, es el único factor demostrado como importante en este proceso. El aislamiento de STEC que carecen del gen eae en pacientes con SHU, sugiere la existencia de factores de adherencia adicionales. Para determinar la presencia de genes relacionados con adherencia distintos de intimina, se analizaron tres cepas STEC eae negativas serogrupo no O157, aisladas de pacientes involucrados en brotes (BR,1) o con CH (2). Se estudió la presencia y expresión de genes de adherencia descritos previamente para E. coli (efa1, iha y lpf) mediante PCR y RT-PCR. Paralelamente, se realizó un análisis funcional al genoma de E. coli O157 (CLUSTALW, SignalP, PSort y BLAST) para identificar genes sin función asignada, pero cuya secuencia aminoacídica tenga homología con estructuras de adherencia previamente descritas en enterobacterias. Mediante PCR se observó la presencia de los genes efa1 e iha en las cepas estudiadas. El gen lpf no fue detectado en ninguna de las cepas. Al analizar la expresión por RT-PCR, sólo se observó la expresión del gen efa1 en una cepa de CH. Se analizaron 167 secuencias sin función conocida de las cuales 1 contiene regiones de homología con proteínas fimbriales, descrita para E.coli y Salmonella enterica. Los resultados muestran la presencia de factores de adherencia previamente descritos, en cepas de STEC eae negativas, aisladas en infecciones entéricas. Estos genes podrían mediar la adherencia de STEC en ausencia de intimina junto a otros potenciales que se deben caracterizar, Financiamiento: Beca de Apoyo Tesis Doctoral. *Becario Conicyt

37. CARACTERIZACION PARCIAL DE UN ANTIGENO DE SUPERFICIE DE Piscirickettsia salmonis .(Partial characterization of a surface antigen of P. salmonis)

Zahr, M.¹; Almarza, O.¹; Benz R.²; & Marshall S.³ ¹Laboratorio de Microbiología Molecular, ICBQ, Universidad de Valparaíso. marcela.zahr@uv.cl. ²Universidad de Würzburg - Alemania. ³Universidad

Católica de Valparaíso.

Piscirickettsia salmonis es el patógeno intracelular causante de la septicemia rickettsial salmonídea (SRS) o piscirickettsiosis, infección sistémica que afecta a la mayoría de las especies de salmónidos cultivadas en Chile, produciendo altas mortalidades y ocasionando importantes pérdidas económicas al sector salmonicultor. La naturaleza intracelular obligada de esta bacteria hace posible su crecimiento sólo en líneas celulares de cultivo, lo que hace dificil su estudio y la obtención de antígenos purificados. Por ello existe poca literatura relacionada con la caracterización antigénica de esta bacteria y la obtención de los antígenos in vivo. Además las terapias utilizando compuestos antimicrobianos tienen poca efectividad y las vacunas formuladas en base a bacterinas obtenidas de la célula completa de P. salmonis han demostrado baja protección. Este trabajo presenta la detección y caracterización parcial de una proteína de la membrana externa de la bacteria. Se observa su inmunoreactividad frente a anticuerpos policlonales de conejo y suero de peces infectados con la bacteria. Esta proteína, obtenida a través de un método de extracción diferencial a partir de tejidos naturalmente infectados, presenta una actividad de conductividad de canal de 1.25 nS medida en membranas planas de bicapas lipídicas. Este valor se encuentra dentro del rango conocido de conductividad medido para otras porinas bacterianas. La detección de este antígeno de superficie resulta de importancia para estudios posteriores de análisis inmunológicos de este patógenos y el desarrollo futuro de una vacuna eficaz contra la enfermedad. Financiamiento: Proyecto DIPUV Nº 30/2001 - PCCI, Proyecto DAAD 1999-2-135.

38. DETERMINACIÓN DE LA TEMPERATURA Y PH DE BIOOXIDACIÓN DE UN CONCENTRADO AURÍFERO REFRACTARIO MEDIANTE LA ARQUEA TERMÓFILA Sulfolobus metallicus (Determination of the temperature and pH for the biooxidation of a refractory gold concentrate by the thermophilic archaeon Sulfolobus metallicus). González P., Canales C., Gentina J.C. y Acevedo F., Escuela de Ingeniería Bioquímica, P. Universidad Católica de Valparaíso, Av. Brasil 2147, Valparaíso. facevedo@ucv.cl

Fundamento: La biooxidación de minerales de oro se emplea en varios países empleando cepas bacterianas mesófilas, principalmente de los géneros Acidithiobacillus y Leptospirillum. Actualmente existe interés en el uso de cepas termófilas extremas, tal como la arquea Sulfolobus metallicus. Estas cepas presentan ventajas frente a las bacterias mesófilas, como una mayor velocidad de solubilización y un mayor % de extracción de metales. Sus limitaciones están en su mayor susceptibilidad a altas concentraciones de mineral. Considerando estos antecedentes, el presente trabajo tiene por objetivo determinar las mejores condiciones de operación en cuanto a temperatura y pH para la biooxidación de un concentrado refractario de oro mediante Sulfolobus metallicus. Métodos: Se utilizará Sulfolobus metallicus BC cultivado en matraces agitados con medio 9K reemplazando el sulfato ferroso por 1% p/v de concentrado aurífero (Minera El Indio) de tamaño de partícula entre 38 y 75 µm. El concentrado contiene 38% pirita (FeS₂), 16% enargita (Cu₃AsS₄) y 10% calcopirita (CuFeS₂). Las temperaturas fueron 65, 70 y 75°C y los pH 1,3, 1,6, y 1,9. Se determinó cobre soluble por yodometría y hierro total extraído por cerimetría. Para cada condición de operación se determinaron los perfiles cinéticos de cobre y hierro. Con esa información se calcularon los porcentajes de extracción y las productividades. De esos resultados se concluye que las mejores condiciones de cultivo, tanto respecto a obtener el más alto grado de extracción como la más alta productividad, son 70°C y pH 1,6. En esas condiciones se obtiene un 100% de extracción de hierro, un 100% de extracción de cobre y productividades de 78 y 80 mg/L·d para Fe y Cu, respectivamente. La extracción total obtenida resulta notable, en especial comparada con los valores que se obtiene con bacterias mesófilas en condiciones equivalentes. Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1020768, proyecto DI-PUCV 203.726.

39. USO DE BACTERIAS DEL GENERO Acidithiobacillus y Thiobacillus EN EL TRATAMIENTO DE EFLUENTES GASEOSOS MEDIANTE BIOFILTRACION. Aroca, G., Nuñez, D., Tello, P. Escuela de Ingeniería Bioquímica, P. Universidad Católica de Valparaíso.

La biofiltración de gases se ha propuesto como una tecnología ventajosa en el tratamiento de gases contaminados con compuestos sulfurados reducidos volátiles o gases TRS. En el caso de la biofiltración de gases TRS la utilización de bacterias del género Acidithiobacillus y Thiobacillus resulta adecuada debido a sus simples requerimientos nutricionales y a su habilidad para utilizar compuestos azufrados reducidos como fuente de energía. Se presentan los resultados obtenidos en la remoción de H₂S en un biofiltro de turba inoculado con Th. thioparus, en un biofiltro de escurrimiento inoculado con At. thioxidans y Th. thioparus, y un sistema de oxidación química del H2S utilizando Fe+3 regenerado a través de de bioxidación de Fe⁺² mediante At. ferrooxidans. En la implementación de los sistemas de biofiltración se utilizaron columnas con un volumen útil de 1 L. La remoción máxima de H₂S en un biofiltro de escurrimiento fue de 290 gm⁻³ h⁻¹ (a un flujo de 0.140 m³ h⁻¹) a pH 3. El biofiltro de turba inoculado con Th. Thioparus alcanzó una eficiencia de remoción del 100% de eliminación operando a un flujo de 30 L/h y alimentaciones de hasta 355 ppm de H2S. El Tratamiento de aire contaminado con H2S mediante la utilización de soluciones férricas regeneradas con At. ferroxidans alcanzó el 100% de remoción operando hasta 1500 ppmv de H2S en la entrada y flujos de aire hasta 30 L/h. Se concluve que el establecimiento de poblaciones de Acidithiobacillus y Thiobacillus sobre soportes orgánicos o inorgánicos para desarrollar capacidades de remoción de gases sulfurados reducidos, permite obtener valores significativamente mayores que aquellos reportados en literatura para sistemas mixtos establecidos por adaptación. Financiamiento: P. Universidad Católica de Valparaíso, Proy. DI 203.733/2002 y 203.737/2003.

40. EVOLUCIÓN DE CÉLULAS PLANCTÓNICAS Y ADHERIDAS DE Sulfolobus metallicus EN LA BIOLIXIVIACIÓN DE CALCOPIRITA. (Evolution of planktonic and adhered cells of S. metallicus in the bioleaching of chalcopyrite). Escobar B., Hevia M.J. y Vargas T. Centro de Estudios en Hidro/Electrometalurgia. Deptos. de Ingeniería de Minas e Ingeniería Química. Universidad de Chile. bescobar@cec.uchile.cl

En el último tiempo se están utilizando microorganismos termofilicos como Sulfolobus metallicus para la biolixiviación de algunos sulfuros de cobre refractarios como calcopirita (CuFeS2) y enargita metallicus es una arquea termofilica estricta (70°C) con metabolismo quimiolitoautotrófico, la cual obtiene energía por oxidación de Fe(II) y/o compuestos de azufre reducido. Estos procesos de lixiviación se realizan en reactores agitados, en los cuales se monitorean los distintos parámetros como pH, Eh, hierro (II), hierro total, cobre y arsénico en la solución; las células planktónicas se monitorean por recuento directo al microscopio, un método rápido y simple que sin embargo, no se puede aplicar para determinar la población adherida a los minerales. En este trabajo se presenta la aplicación del método de determinación de proteínas mediante el método de Lowry modificado, para estimar separadamente, la evolución de las células libres y las adheridas durante la biolixiviación de un concentrado de calcopirita en matraces agitados con S. metallicus a 70°C. Las células planktónicas fueron además controladas mediante NMP de microorganismos hierrooxidantes. Durante estos experimentos, se obtuvo un crecimiento inicial de ambas poblaciones (fase exponencial). Después de 120 horas hubo una reducción neta de ambas poblaciones, las planctónicas y las adheridas, lo cuál evidenció un importante proceso de muerte y rompimiento celular, posiblemente debido a la carencia de sustrato, ya que en los frascos se produjo una fuerte precipitación de compuestos del tipo jarositas. Alrededor del 68% de las células de S. metallicus presentes en el frasco crecieron adheridas a las partículas de calcopirita, mientras que la población restante (32%) creció en solución Los resultados experimentales muestran que el crecimiento de células de S. metallicus se puede monitorear mediante el método de Lowry modificado. Por otro lado, la evaluación de las células totales en el proceso permite determinar la importancia relativa que presentan ambas poblaciones de microorganismos en el proceso de disolución de los sulfuros. Financiamiento: BHP Billiton y Conicyt Chile Fondef 00I 1050.

41. ESTUDIO DE QUORUM SENSING DE TIPO AI-1 EN Acidithiobacilus ferrooxidans. (STUDING OF QUORUM SENSING TYPE AI-1 IN Acidithiobacilus ferrooxidans). Farah C., Banderas A., Mobarec J. C., Valenzuela S., Jerez CA. Guiliani N. Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Dpto. de Biología e Instituto Milenio CBB. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. nguilian@codon.ciencias.uchile.cl

Acidithiobacilus ferrooxidans es una bacteria Gram-negativa quimiolitoautotrofica utilizada en biolixiviación de minerales para la extracción de metales. Un aspecto clave en su capacidad biolixiviante está relacionado con la interacción bacteria/mineral mediante la formación de biopelículas. En numerosas bacterias Gram-negativas se ha descrito que la formación de biopelículas es regulada por "Quorum Sensing" (QS) de tipo AI-1. Este sistema involucra dos familias proteicas: la familia LuxR, compuesta por reguladores transcripcionales cuya funcionalidad depende de su unión a homoserinalactona, y la familia LuxI, formada por sintetasas de homoserinalactona. Bajo la hipótesis de que el desarrollo de biopelículas podría estar regulado por QS de tipo AI-1, hemos iniciado la búsqueda y el estudio de este sistema en A. ferrooxidans. Mediante análisis bioinformáticos hemos encontrado dos marcos abiertos de lectura, afeR y afeI, que codifican para proteínas que presentan una alta identidad con LuxR y LuxI, respectivamente. Hemos determinado la estructura terciaria de AfeR y AfeI mediante modelamiento molecular. Además hemos clonado y sobreexpresado afeR y afeI en Escherichia coli. Actualmente estamos desarrollando estudios a nivel transcripcional de afeI y afeR mediante RT-PCR cuantitativo y a nivel proteico mediante western blot. Financiamiento: Proyecto DID I-02/4-2, Proyecto Fundación Andes C-13860. Proyecto ICM-P99-031-F.

- 42. IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LA POBLACIÓN MICROBIANA EN EL PROCESO DE BIOLIXIVIACIÓN EN PLANTA PILOTO DEL PROYECTO DE LIXIVIACIÓN DE SULFUROS DE ESCONDIDA. (Molecular identification of microbial community by molecular techniques at the bioleaching Pilot Plant of the Escondida Sulphide Leach Project). Demergasso C¹, Galleguillos P¹, Escudero L¹, Zepeda V¹, Castillo D².
- 1. Laboratorio de Microbiología Técnica, Departamento de Química Universidad Católica del Norte. Avda. Angamos 0610, Antofagasta, Chile.cdemerga@ucn.cl; 2. Proyecto Lixiviación de Sulfuros, Minera Escondida Ltda. Avda. de la Minería 501, Antofagasta, Chile, danny.i.castillo@bhpbilliton.com.

En el presente trabajo se resume la información obtenida en el análisis de la composición de la población microbiana en el proceso de biolixiviación, a escala piloto, en el Proyecto de Lixiviación de Sulfuros de Minera Escondida. Las muestras fueron obtenidas de diferentes gaviones y en tiempos diferentes. El análisis se realizó mediante extracción de DNA, amplificación por PCR de fragmentos 16S rRNA y electroforesis en gel con gradiente denaturante (DGGE). Posteriormente, los fragmentos separados se secuenciaron. De esta manera fue posible identificar en las muestras, por una parte, microorganismos encontrados comúnmente en los procesos de lixiviación de Cu, Leptospirillum ferrooxidans, Acidithiobacillus ferrooxidans, Sulfobacillus sp. y archeobacterias pertenecientes al linaje Thermoplasmales relacionados en forma cercana (96%) con el Clon SC 38 recuperado a partir de drenajes ácidos de mina en Iron Mountaiun, California. También forman parte de la población microbiana, otras dos especies bacterianas y 9 especies de Archaeas con un porcentaje de similitud menor del 97% con microorganismos descritos en ambientes similares, lo que indica la existencia de nuevas especies. Se detecta, además, la presencia de al menos otras 6 especies bacterianas y 2 especies archaeales que no han podido ser identificadas. La determinación de la abundancia relativa estimada por la intensidad de las bandas en el gel revela la predominancia en el proceso de Leptospirillum ferrooxidans y de una especie de archaeas pertenecientes a las Thermoplasmales. Debido a las limitaciones del método no ha sido posible evaluar la proporción de Archaeas respecto de las Bacterias en el proceso. Estos resultados amplían nuestro conocimiento acerca de la biodiversidad presente en procesos de lixiviación bacteriana, conocimiento que es clave en el desarrollo futuro de las aplicaciones comerciales. FONDEF D99I1026, Minera Escondida Ltda.

- 43. AISLAMIENTO Y CINETICA DE CRECIMIENTO EN BIOPELICULAS DE BACTERIAS METILAMINOGENICAS (Isolation and Biofilm Growth Kinetic of Methylaminogenic Bacteria). Jopia, P. (1), Aspe E. (2), Urrutia, H. (1)
- (1) Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. (2) Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de Concepción.

Los reactores anaerobios, colonizados con biopelículas metanogénicas metilaminotróficas (APMm) estimulan la metanogénesis, en la digestión de vertidos industriales ricos en sulfato. Para aumentar esta eficiencia, se ha estudiado la incorporación de bacterias productoras de metilaminas o metilaminogénicas (BMg), que producen sustratos no competitivo frente a bacterias reductoras de sulfato (BRS). Se tomaron muestras de un bioreactor anaerobio ambiental, del cual se aislaron cepas de BMg que producen sustratos metilados, medidos por HPLC. Las cepas seleccionadas se cultivaron en viales anaeróbicos, con betaína como única fuente de carbono (precursor de aminas). Se determinó la producción de metilaminas (mono, y trimetilaminas) y el consumo de betaína mediante HPLC y CG. Las cepas fueron inoculadas en viales con placas de cerámica como soporte para el estudio de la cinética de formación de biopelículas, determinándose la velocidad de crecimiento (µ) y el recuento bacteriano máximo (A) mediante el modelo de Gompertz. Se concluyó que estas cepas son capaces de colonizar soportes de cerámica en dos semanas y de producir aminas metiladas, que son liberadas al ambiente. Esto implica que su potencial incorporación al bioreactor anaerobio sería beneficiosa para la digestión de residuos proteicos y para la producción de metano.

Financiamiento: FONDECYT 1020999.

44. ACTIVACIÓN CRUZADA DE LA EXPRESIÓN DE LAS ENZIMAS BENZOATO 1,2-DIOXIGENASA (XYLXYZ) Y CIS-DIHIDRODIOL DESHIDROGENASA (XYLL) EN RESPUESTA A 3,5-DICLOROBENZOATO POR UN REGULADOR DCBR, CODIFICADO EN EL CROMOSOMA DE Ralstonia eutropha JMP134. (Cross-activation of benzoate 1,2-dioxygenase (XylXYZ) and cis-dihydrodiol dehydrogenase (XylL) expression in response to 3,5-dichlorobenzoate by DcbR, a chromosomally encoded regulator from R. eutropha JMP134). Ledger, T.¹, Pieper, D. H²., & B. González¹.¹: Lab. Microbiol. Dep. Gen. Molec. y Microbiol. Fac. Ciencias Biológicas. P. U. Católica de Chile. Santiago, Chile. ²: Div. Microbiol., GBF, Braunschweig, Alemania. tledger@genes.bio.puc.cl

Ralstonia eutropha JMP134, aislada por su capacidad para mineralizar el ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D), es también capaz de crecer en 3-clorobenzoato (3-CB), y 2,4,6-triclorofenol (2,4,6-TCP). La introducción de genes que codifican para las enzimas benzoato 1,2-dioxigenasa (xylXYZ) y cis-dihidrodiol deshidrogenasa (xylL), permite a esta bacteria crecer en 4-clorobenzoato (4-CB) y 3,5-diclorobenzoato (3,5-DCB). Sin embargo, se ha demostrado en cepas de Pseudomonas y en E. coli, que este último compuesto clorado no induce la expresión del operón xylXYZL mediada por el gen regulador nativo xylS. Para determinar si la inducción de xylXYZL en R. eutropha se debe a la presencia de un activador transcripcional distinto a XylS, se estudió la expresión de las enzimas codificadas por estos genes en E. coli y en la cepa JMP134, en presencia y ausencia del gen regulador nativo. Se pesquisó, además, la existencia de un gen regulador homólogo a xylS en el genoma de R. eutropha mediante hibridación Southern y PCR. El análisis de la secuencia genómica de JMP134, permitió identificar y clonar un gen regulador de la familia AraC/XylS, bautizado como dcbR, que da origen a una proteína de 368 aminoácidos con un 30% de identidad a XylS. Finalmente, se ensayó la función de este regulador en E. coli. Los resultados obtenidos demuestran que existe regulación cruzada de la expresión de xylXYZL en R. eutropha JMP134 en respuesta a 3,5-DCB mediada por el regulador DcbR. Financiamiento: FONDECYT 8990004 y 1030493; Colaboración CONICYT-Chile/BMBF-Alemania. T.L. becario de doctorado MECESUP.

45. FORMACIÓN DE BIOPELÍCULA EN REACTORES DE LECHO CIRCULANTE PARA EL TRATAMIENTO ANAEROBIO DE AGUAS RESIDUALES CON ALTO CONTENIDO DE SULFATOS.

Pizarro C., Larenas M., Jeison *D., Guerrero *L., R. Chamy M.

Escuela Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, General Cruz 34, Valparaíso, Chile. [†]Departamento de Ingeniería Química, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. ^{*}Departamento de Procesos Químicos, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.

cpizarrot@terra.cl

La presencia de sulfato en el tratamiento anaerobio trae consigo la inhibición de la metanogénesis debido a la competencia por sustrato entre las bacterias sulfatoreductoras y las metanogénicas; y por la toxicidad que presenta el H₂S, producto de la reducción de del sulfato. Este fenómeno produce una disminución en la eficiencia de transferencia de masa, por lo que la utilización de reactores Gas-lift, cuyo diseño permite mayores niveles de agitación, presentan una solución al problema, junto con propiciar un stripping interno del H₂S, lo que diminuye las concentraciones inhibitorias en el sistema. Con el fin de evaluar el comportamiento de este tipo de reactores frente a efluentes ricos en sulfatos, se tiene un reactor Gas-lift 2,5 litros de volumen útil, con 50 g/l de piedra pómez como soporte para la biopelícula. El soporte fue el seleccionado según pruebas de adherencia de biomasa realizadas con arena de mar y piedra pómez, la cual se midió en gramos de biomasa adherida por gramos de soporte, luego de ser contactados por treinta días con una suspensión de lodos anaerobios. Los resultados de tales pruebas arrojaron una mayor formación de biopelícula en la piedra pómez (50mg biomasa/g soporte) frente a la arena (3mg biomasa/g soporte). El trabajo presenta además las cinéticas de adherencia y evalúa los factores que inciden en la formación de la biopelícula.

Financiamiento: Fondecyt 1020201

46. DISEÑO DE UNA BIOPELÍCULA ANAEROBIA MIXTA PARA EL TRATAMIENTO DE EFLUENTES RICOS EN SULFATO. (Design of Mixed Anaerobic Biofilm to Anaerobic Treatment of High Sulfate Containing Effluent).

Ruiz-Tagle N., Sossa K., Jopia P., Saldías F., Salgado F., Quilodrán S., Aspé E. y Urrutia H. Depto. Microbiología. Universidad de Concepción. nruiztag@udec.cl

Ambientes ricos en sulfato y acetato favorecen el crecimiento de bacterias reductoras de sulfato (BRS) respecto de arqueas productoras de metano (APM). El H₂S producido por BRS inhibe la metanogénesis y corroe reactores que degradan efluentes orgánicos. Por tanto, el uso de precursores de metilamina (glicina/betaína), sustrato utilizado exclusivamente por APM metilaminotróficas (APMm) para la formación de CH₄, podría favorecer la metanogénesis. Por ello, se aislaron diferentes grupos tróficos y se diseñó una biopelícula anaerobia mixta compuesta por APMm, bacterias productoras de metilaminas (BMg), bacterias productoras de betaína (BPb) y BRS.

Los grupos (individuales y mezclados) fueron cultivados en anaerobiosis a 30°C, en medio rico en sulfatos y con cerámica como soporte. Las células fueron alimentadas con glicina/glucosa, acetato, betaína y/o metilamina. Se lavó la biopelícula y fueron incubadas con glicina/glucosa. Se estudiaron morfotipos por microscopia electrónica de barrido, diversidad comunitaria por análisis de ARNr 16S, composición de biogas por cromatografía de gases y carbono orgánico total (COT).

Los morfotipos celulares y el análisis molecular final de la biopelícula mixta mostraron predominio de *Methanosarcina* (APMm). El metano representó el 85% del biogas y el COT consumido fue de 90%. Los resultados sugieren que este diseño podría ser un buen modelo para desarrollar biopelículas para la degradación de efluentes industriales orgánicos con alto contenido de sulfatos.

Financiamiento: FONDECYT 1020999, FONDECYT 2010104.

47. BIOSINTESIS BACTERIANA DE POLI-β-HIDROXIALCANOATO, UTILIZANDO UN HIDROLIZADO DE RESIDUOS MADEREROS, COMO FUENTE DE CARBONO. (Bacterial

biosynthesis of poly- β -hydroxyalkanoates using wood residues hydrolizate as carbon source).

Silva, J, Martínez, M. Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción

E-mail: johsilva@udec.cl

El poli-β-hidroxialcanoato (PHA), es sintetizado y acumulado por numerosas bacterias, por sus propiedades físicoquímicas se considera una alternativa a los plásticos derivados del petróleo. La industria forestal genera residuos acumulables en el ambiente, cuyo contenido orgánico, puede ser útil para la síntesis de PHA.

En este trabajo se estudió, la utilización de la materia orgánica generada por la hidrólisis ácida del aserrín para la biosíntesis de PHA. En el hidrolizado, se midió la cantidad de carbono orgánico total (601.5 mg/lt) y el contenido de azucares (6.25mM). Se utilizaron 4 cepas bacterianas; 2 cocos Gram positivo, un bacilo Gram negativo fermentador y *Sphingopyxis macrogoltabida*. Las cepas se inocularon en el hidrolizado de aserrín conteniendo diferentes proporciones de C/N (100:30; 100:10 y 100:3.5) incubadas durante 5 días (30°C; 120 r.p.m.). En cada condición se evaluó el crecimiento bacteriano y la producción de PHA por citometría de flujo. En todas las relaciones C/N, se alcanzó valores cercanos a 1x10° UFC/ml y más del 60% de las células acumuló PHA.

Los resultados demuestran que el hidrolizado de aserrín permite el crecimiento bacteriano y la biosíntesis de PHA.

Financiado por proyecto DIUC 202.036.021-1.0

48. AISLAMIENTO Y CINÉTICA DE CRECIMIENTO DE UNA CEPA DE Methanosarcina sp TOLERANTE A AMONIACO ADHERIDA A CERÁMICA. (Isolation and growth kinetic of ammonia tolerant strain of Methanosarcina sp attached to ceramic). Sossa K., Echegaray V. y Urrutia H

Departamento de Microbiología, Universidad de Concepción, CHILE. ksossa@udec.cl

El amoníaco inhibe la actividad metanogénica de las *Archaea* productoras de metano (MPA), disminuyendo la eficiencia del tratamiento anaerobio de residuos industriales ricos en proteínas, por esto se aisló una cepa MPA tolerante a amoniaco y se estudio su actividad metanogénica y capacidad de adherencia sobre cerámica.

La cepa se aisló desde un reactor anaerobio para el tratamiento de efluente pesquero, haciendo diluciones sucesivas en medio modelo aumentando la concentración de amoniaco libre (200 a 1600 mg/L). Se monitoreó la producción de metano por cromatografia de gas y se analizó la cepa por microscopía electrónica de barrido y ARNr 16S. Se investigó su capacidad de adherencia sobre cerámica estudiando la cinética de crecimiento de la biopelícula mediante el modelo Gompertz.

Se aisló una cepa del género *Methanosarcina*, que crece a una concentración de 800 mg/L de amoniaco libre y produce 80% de metano en el biogas. Esta cepa formando biopelícula tiene una fase lag de 3,69 días y la velocidad de crecimiento específica es 0,603 d^{-1} ($r^2 = 0,96$).

Esta cepa de *Methanosarcina* puede ser usada para mejorar la tolerancia a amoniaco en reactores con biopelículas anaerobias para el tratamiento de efluentes ricos en proteínas.

Financiado por Proyecto FONDECYT 2010104

49. DETERMINACIÓN DE BACTERIAS REDUCTORAS DE SULFATO PREDOMINANTES EN COMUNIDADES MICROBIANAS CON ACTIVIDAD CORROSIVA (Determination of predominant sulfate-reducing bacteria from corrosive microbial communities) Valdebenito, E., Salgado, F., Jopia, P., Ruiz-Tagle, N., Sossa, K.

Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental. Universidad de Concepción. emkyvaldebenito@udec.cl

Las bacterias reductoras de sulfato (BRSs) son microorganismos anaeróbicos que usan sulfato como aceptor de electrones y cuya actividad metabólica (producción de H2S) induce corrosión, cuando forman biopelículas sobre superficies metálicas, causando pérdidas económicas significativas en las industrias petroquímica, de celulosa y minera. Se pretende demostrar que, en comunidades microbianas que Desulfovibrio, Desulfotomaculum y con actividad corrosiva, existen BRSs y se postula Desulfonema son los principales géneros. Desde reactores alimentados con biopelículas resuspendidas desde superficies metálicas industriales, se realizan cultivos en medio anaerobio, alimentados con acetato y lactato como únicas fuentes de carbono. Se incubó 30 °C, pH=7.5, 120 rpm. Se determinó la presencia de BRSs, mediante determinaciones periódicas de H2S producido, exámenes morfológicos por microscopia óptica (tinción Gram) y electrónica de barrido, presencia de desulfoviridina y caracterización molecular de ARNr 16S. Los resultados muestran la presencia de cultivos puros de bacilos (algunos eporulados) y filamentos Gram negativos, con evidente producción de H2S. Esto la comunidad esta compuesta por BRSs de los géneros Desulfotomaculum y Desulfonema. La caracterización molecular de ARNr 16S demuestra lo anterior. Esta experiencia nos ayuda a definir la etimología del proceso corrosivo y a diseñar estrategias de mitigación del problema.

50. EFECTO DE FUENTES DE CARBONO NO FERMENTABLES EN LA PRODUCCION DE ASTAXANTINA en *Xanthophyllomyces dendrorhous*. (Effect of non fermentable carbon sources in the astaxanthin production in *Xanthophyllomyces dendrorhous*).

Wozniak A.; Lodato P.; Barahona S.; Retamales P.; Lozano C.; Sepúlveda D., y Cifuentes V. Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. awozniak@icaro.dic.uchile.cl

Xanthophyllomyces dendrorhous es una levadura basidiomycete que sintetiza astaxantina como principal carotenoide y constituye una de las fuentes naturales del pigmento para la industria de la acuicultura. Estudios previos han establecido que un metabolismo aerobio favorecería la producción de astaxantina, ya que fuentes de carbono no fermentables como succinato permitieron una alta producción de la misma. En el presente trabajo se estudió la producción de carotenoides en cepas de X. dendrorhous silvestre y mutantes sobreproductoras de β-caroteno (atx5) y de astaxantina (atxS1) utilizando fuentes de carbono distintas a glucosa tales como glicerol, succinato y acetato de potasio. El crecimiento en glicerol para la cepa silvestre y atx5 fue similar al de glucosa a diferencia de la cepa atxS1 que mostró bajos niveles de crecimiento. No obstante, la producción de carotenoides a los 3 días de cultivo para todas las cepas estudiadas fue mayor en glicerol. En particular, la cepa atxS1 produjo 2 veces la cantidad de pigmento específico (µg de carotenoides por g de levadura seca) producido por la cepa silvestre. Sin embargo, la producción aumentó con el tiempo de cultivo ya que a los 5 y 7 días se observó un incremento aún mayor por unidad de biomasa. El análisis por HPLC de los carotenoides extraídos de las cepas silvestre y la mutante atxS1 demostró que en glucosa el único pigmento detectado es astaxantina. En cambio las mismas cepas en glicerol o succinato producen otros carotenoides además de astaxantina. Con el objetivo de desarrollar un proceso de escalamiento, fue optimizada la concentración de glicerol en el medio de cultivo y se observó una relación directa con la producción de pigmentos.

51. CONCENTRACIONES MÍNIMAS INHIBITORIAS DE CINCO ANTIBIOTICOS PARA CEPAS DE Staphylococcus aureus AISLADAS DE MASTITIS SUBCLÍNICA EN TRES SECTORES DE LA IX REGIÓN. (Minimum inhibitory concentrations of five antibiotics to Staphylococcus aureus strains isolated from bovine mastitis on three sectors of the IX Region). Betancourt O., Scarpa C., y Villagrán K. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Católica de Temuco. Montt 056. Temuco.

La elección del antimicrobiano para tratar la mastitis bovina se basa generalmente en las tendencias generales de susceptibilidad dentro de la práctica clínica. En este trabajo se estudiaron las variaciones en los patrones de susceptibilidad a antimicrobianos de uso en la terapia de la mastitis. Se determinaron las concentraciones mínimas inhibitorias de penicilina G, ampicilina, cloxacilina, neomicina y enrofloxacino para 39 cepas de Staphylococcus aureus aisladas de leche de vacas afectadas con mastitis subclínica provenientes de 3 sectores de la IX Región de la Araucanía (Chile), con el propósito de evaluar in vitro sus patrones de resistencia. Para ello se utilizaron los métodos de difusión (Kirby Bauer) y dilución en agar, según las recomendaciones del NCCLS. Además, se determinó la presencia de cepas productoras de β-lactamasa mediante el método de nitrocefin. Se detectó un alto porcentaje de cepas resistentes a penicilina G y a ampicilina. Cloxacilina, neomicina y enrofloxacino mostraron actividad hacia todas las cepas. La mayoría de las cepas productoras de betalactamasa provenían del sector Chivilcán. Un porcentaje importante de cepas inhibió su crecimiento a CMI de penicilina G v ampicilina superiores al punto de corte establecido por la NCCLS, observándose diferencias por sector. Resultados como los obtenidos aquí, fortalecen la necesidad de establecer planes de monitoreo de resistencia para tratamientos aplicados en Medicina Veterinaria con el fin de vigilar el uso racional de los antimicrobianos y proteger la salud pública.

52. LA EXPRESIÓN DEL GEN *QACC* de *Staphylococcus_epidermidis* CH CONFIERE RESISTENCIA A BROMURO DE ETIDIO Y OXACILINA EN HOSPEDEROS GRAM POSITIVOS Y GRAM NEGATIVOS.

Fuentes D., Navarro C., Tantaleán J.C., Araya M., Saavedra C., Pérez J.M, Calderón I., and Vásquez C. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile).

Recientemente en nuestro laboratorio hemos aislado una cepa de *Staphylococcus epidermidis* resistente a metales pesados que contiene un pequeño plasmidio de 2391 pb, el que fue totalmente secuenciado y denominado como pSepCH. Este plasmidio presenta una alta identidad con el plasmidio pSK89de *Staphylococcus aureus*, codifica entre otros genes una proteína de resistencia a drogas múltiples pequeña (SMR) de membrana interna que es miembro de las proteínas QacC del genero Staplylococcus. El gen *QacC* de *S. epidermidis* confiere resistencia a bromuro de etidio y a oxacilina tanto en su huésped natural Gram positivo como en los huéspedes heterólogos Gram negativos *Escherichia coli* K12 y *Salmonella enterica* sv. Typhimurium.

Utilizando cepas mutantes ΔTolC y ΔOmpD de S. enterica sv. Typhimurium se estudió la posible interacción de SMR de S. epidermidis con dichos canales de membrana externa en el proceso de eflujo de los tóxicos en estudio. Mediante determinación de concentraciones mínimas inhibitorias de las mutantes ΔTolC y ΔOmpD, y de estas mismas mutantes transformadas con smr de S. epidermidis, se concluyó que la resistencia a bromuro de etidio en S. enterica sv. Typhimurium es dependiente de TolC mientras que la resistencia a oxacilina no lo es. Estos resultados sugieren que las proteínas SMR podrían estar participando de bombas de eflujo multicomponentes de drogas múltiples. Financiado por Fondecyt 1030234 y Dicyt, USACH.

53. AISLAMIENTO Y FENOTIPIFICACION DE Enterococcus sp. EN MUESTRAS DE ALIMENTOS EN SUECIA. (Isolation and Phenotyping of Enterococcus sp. in Foods Samples in Sweden).

Kunh I, Colque P, **Otth, L.** Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. lotth@uach.cl

Los Enterococos son considerados patógenos oportunistas del ser humano. La incidencia, así como la severidad de las infecciones y la aparición de cepas multirresistentes a los antimicrobianos los colocan entre los patógenos emergentes del hombre. Las fuentes de infección involucradas son la microbiota endógena, la transmisión persona-persona y la transmisión a través de alimentos contaminados con estas bacterias, esta última se relaciona con la aparición de cepas multirresistentes. En este estudio realizado en Estocolmo, Suecia, se analizó 50 muestras de alimentos (25 de carnes, 3 de quesos, 18 de vegetales y 4 de platos preparados) para la búsqueda de Enterococos. Las muestras se diluyeron y maceraron en PBS y luego se filtraron en filtros Millipore, los que fueron sembrados en agar Enterococci, para posteriormente identificar las colonias sospechosas. En 30 muestras se aisló cepas de Enterococos (60%), siendo E. feacalis la especie más aislada en muestras de carnes y E. faecium la más frecuente en vegetales. De cada aislamiento se guardó hasta 16 colonias diferentes para determinarles el fenotipo mediante la técnica PhPlate y establecer cuantos clones diferentes había. Nuestros resultados muestran 34 clones diferentes de Enterococcus sp.

- 54. EVALUACIÓN DE LA RESISTENCIA ANTIBIÓTICA DE CEPAS DE Staphylococcus aureus AISLADAS DE PACIENTES Y PERSONAL DEL HOSPITAL REGIONAL DE IQUIQUE. (Evaluation of antibiotic resistance of Staphylococcus aureus strains isolated from patients and workers of the Iquique Hospital). Méndez F¹, Pastén B².
- 1. Laboratorio de Bacteriología, Hospital Regional de Iquique. fmendez albarracin@hotmail.com
- 2. Unidad de Paciente Crítico, Hospital Regional de Iquique.

Staphylococcus aureus continua siendo un patógeno importante de infecciones nosocomiales, y a ello, se agrega su gran resistencia a los diversos antibióticos. El propósito de este trabajo fue evaluar la resistencia a antibióticos de cepas de S. aureus aisladas de pacientes y personal de la Unidad de Paciente Crítico Adulto (UPCA) del Hospital Regional de Iquique. Se analizaron diferentes tipos de muestras proveniente de la UPCA, durante 1995 - 1998, y también, muestras nasales del personal de la UPCA. El aislamiento e identificación de las cepas de S. aureus se hizo por las técnicas de bacteriología recomendadas por el ISPCh. Para la resistencia a antibióticos, se usó técnica de difusión por discos en agar (Kirby-Bauer). Se observó una alta frecuencia de aislamiento de S. aureus (114 cepas) con una gran resistencia a los antibióticos, que fue en aumento a través de los semestres. En 1998, la resistencia alcanzada frente a penicilina fue 94 %. Para ciprofloxacino, cloxacilina, eritromicina y lincomicina fluctuó entre 78 y 80 %. La menor resistencia fue exhibida frente a cotrimoxazol (55 %) y rifampicina (8 %). No se observó resistencia a vancomicina. Se detectó un 20,5 % de portación nasal de S. aureus en el personal y las cepas fueron muy susceptibles a los antibióticos, solamente se registró resistencia a penicilina (100 %). Cerca del 60 % de las cepas clínicas mostraron multiresistencia a 5 y más antibióticos, sugiriendo la presencia de cepas epidémicas en la UPCA y no relacionadas con la portación nasal del personal, las que podrían deberse a infecciones endógenas en los pacientes.

55. MEASURING THE ANTIBODY RESPONSE: A DIAGNOSTIC TOOL FOR PATIENTS WITH DEEP STAPHYLOCOCCUS AUREUS INFECTIONS. Colque-Navarro P.*, Söderquist B., Palma M., Flock JI., and Möllby R. *MTC; Karolinska Institutet, 17177 Stockholm Sweden. patricia.colque@mtc.ki.se

Staphylococcus aureus is a multifactorial pathogen, expressing different virulence factors, why patients suffering of deep infections are exposed to a number of different antigens. Aim: To analyse the antibody response in S. aureus septicaemia in a well characterised clinical material (240 samples from 63 patients with positive S. aureus culture). 5 antigens were used in an indirect EIA: a) The most used antigen in diagnostic work as α-toxin, teichoic acid and lipase and b) Other antigens not used earlier in diagnosis as clumping factor (CF) and extracellular fibrinogen binding protein(Efb). Results: A considerable individual variation in the response to different antigens was found. a) In most cases the clinical course correlated well with the antibody response, indicating the possible use of serology for monitoring disease and recovery. Antibody levels against α-toxin measured in the EIA correlated with the α-toxin neutralising activity of the patient sera. Patients with initially low antibody levels displayed a more poor antibody response during the disease than those with initially higher antibody levels. This phenomenon was most pronounced with α -toxin (p < 0.001) but also seen for teichoic acid, and lipase. Furthermore, initially low antibody levels were associated with the development of a complicated septicaemia (11/13 patients). These latter observations point at the significance of low antibody levels in staphylococcal disease. b) The antibody response to Clf and Efb showed that, that these S. aureus fibrinogen binding proteins were produced in vivo during deep S. aureus infection.during disease. Furthermore, antibody levels against Efb were significantly lower in the acute sera than in sera from healthy individuals (p = 0.002). Conclusions:- a great variation between patients and different antigens:- the sensitivity of the serological diagnosis can be improved through the use of more than one antigen, - low antibody levels may have a prognostic value.

DESARROLLO DE UNA MEMBRANA CERÁMICA FILTRANTE REUTILIZABLE 56. PARA EL DIAGNÓSTICO DE DIARREA POR CAMPYLOBACTER. Abdón A., Messina G., Laciar A., Amaral M., Marchesse J. Área Microbiología y Laboratorio de Ciencias de Superficies y Medios Porosos. Universidad Nacional de San Luis (UNSL). Argentina. amabdon@unsl.edu.ar El método de filtración a través de membranas de nitrocelulosa (0,45 µm de poro), se basa en que las campilobacterias por su movilidad característica en forma de tirabuzón, logran transponer la membrana separándose del resto de la flora microbiana presente en las heces y se depositan sobre la superficie del medio de cultivo que actuará como sustrato para su crecimiento. El objetivo de este trabajo fue reemplazar las costosas membranas disponibles actualmente en el comercio por otras de cerámica reutilizables desarrolladas en laboratorios de la UNSL, a partir de aluminiosilicatos nacionales como materia prima. Doscientos microlitros de cada una de las suspensiones bacterianas (# 0,5 de Mc Farland y posteriores diluciones 1:5 y 1:25), se filtraron a través de las membranas cerámica (diámetro 30 mm, tamaño medio de poro 0,3-0,4 μm, porosidad 0,8-0,9 y espesor 1mm), colocadas sobre placas de Agar Brucella con 5% de sangre equina. Las membranas fueron retiradas después de 1h en reposo a 37°C y el filtrado se estrió con ansa. Los cultivos se incubaron a 42°C, 48h en microaerofilia. En el 100 % de las placas sembradas, se evidenció la presencia de C jejuni. Los resultados de esta etapa preliminar, permiten afirmar que las membranas de cerámica utilizadas, representan un método de enriquecimiento alternativo y apropiado para aislar Campylobacter a partir de muestras fecales. Además de sus propiedades selectivas, presentan una alta resistencia mecánica, química y térmica, lo que permite tratarlas en condiciones extremas de pH y/o esterilizarlas en autoclave; representando una ventaja importante sobre las tradicionales (desechables) de nitrocelulosa.

57. DETERMINACIÓN PREDICTIVA POR TÉCNICA CONDUCTIMÉTRICA DE CULTIVOS DE Escherichia coli ANTE VARIACIONES DE ph. (Predictive determination of Escherichia coli cultures affected by ph variations by a conductimetric technique). Arrieta A., Cabello D., Arancibia M. y Muñoz O. Laboratorio de Microbiología de Alimentos. Departamento de Ciencias Biológicas. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile. aarrieta@usach.cl.

La microbiología predictiva es una herramienta que en la actualidad juega un importante rol en la microbiología de alimentos para evaluar el aseguramiento de calidad. Entre las diversas variables de desarrollo poblacional de un cultivo bacteriano está la duración de su fase lag que depende de diversos factores siendo el pH uno a los que recurre frecuentemente la industria de alimentos para retardar el desarrollo de contaminantes.

Este trabajo tiene como objetivo correlacionar los modelos establecidos por el programa computacional "Pathogen Modelling Program" del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (versión 6.1), con los resultados obtenidos al monitorear por conductimetría diversos cultivos de *Escherichia coli* en medios de cultivo líquidos a diferentes valores de pH. Con un cultivo madre de *E. coli* mantenido en fase logarítmica, se inoculó con 1 ml celdas conductimétricas conteniendo 3 ml de caldo BFY, ajustándose una población inicial de 10³ UFC/ml. Las mediciones conductimétricas se programaron en un equipo Malthus en frecuencia de 10 lecturas por hora. Por cada ensayo se trabajó en triplicado, incubándose el sistema a 37°C hasta que el sistema determinó un cambio estadísticamente significativo, lo que permitió definir el tiempo de detección respectivo.

Las variaciones en el tiempo de detección generado por las variaciones de pH se calcularon en forma porcentual, lo que se comparó con los valores de las fases lag informados por el PMP, sometidas a condiciones similares. Los resultado obtenidos muestran una alta correlación entre las variaciones de pH, tiempo de detección y fase lag de los cultivos, con lo que se puede establecer una predicción por esta modalidad al usar sólo el pH como variable de estudio. Financiado por CECTA-USACH 15-2003.

58. PHENOTYPING OF BACTERIAL POPULATIONS: A USEFUL METHOD FOR MICROBIAL SOURCE TRACKING.

Kühn I. (1), Iversen A.(1), Bonjoch X.(2), Wallis J. (3), Ebdon J. (3), Taylor H. (3), Skraber S. (4), Pissarides N. (5), Papageorgiou GT. (5), Blanch AR. (2).

MTC, Karolinska Institute, SE 171 77 Stockholm, Sweden (1); Universitat de Barcelona, Spain (2); University of Brighton, UK (3); Université de Nancy I, France (4); State General Laboratory, Nicosia, Cyprus (5)

Microbial source tracking may be used to identify the origin of faecal pollution in the environment. Various methods, including geno- and phenotyping, can be used to compare microorganisms in a polluted environment with those found in a suspected faecal source. In the present study we have used a biochemical fingerprinting method (the PhenePlateTM system) to type more than 8000 coliform and enterococcal isolates from sewage and animal manure in five different European regions. The aim was to find out if certain parameters (diversity, population structure, species distribution) were associated with certain kinds of sewage, and also to determine if there were regional and host differences in the compositions of the bacterial populations related to humans and various animal species.

It was found that high diversities were associated with urban sewage, lower diversities with samples from slaughterhouses, and the lowest diversities were associated with samples from animal manure. Among the enterococci, *E.faecalis* and *E.faecium* dominated in samples of human and poultry sources. *E.hirae* was most common in cattle, also common in pigs and humans, but almost absent in poultry. The samples of urban sewage also showed a lower incidence of *E.coli* among the coliforms than samples of animal origin. These patterns were similar in samples from all countries studied (Spain, Sweden, UK, Cyprus, and France). Thus, The PhenePlateTM system might be a useful method for microbial source tracking.

59. A MICROBIAL ASSAY FOR RISQUE ASSESSMENT (MARA)

Kühn I, Gabrielsson J, Colque P, Möllby R.

MTC, Karolinska Institutet, SE17177 Stockholm, Sweden

Correo electronico: inger.kuhn@mtc.ki.se

The MARA assay is a toxicity test based upon the use of a standardized array of several (at least 11) bacterial strains, belonging to a diverse range of taxonomical groups, lyophilized in a microplate, that are subjected to a gradient of the compound of which the toxicity is to be tested. The toxicity is evaluated by the integrative response of the microbial array to the compound. The microplates are read with a normal flat bed scanner, and specially developed software determines the toxic activity and the toxic "fingerprint" of the tested compound. Fingerprints of compounds with unknown toxic properties can be compared to a data base of toxic fingerprints derived from compounds with known biological effects, and the outcome of the test might not only include a measure of toxicity, but also a predictive assessment of possible ecotoxicological effects.

60. LEPTOSPIRA SP. AISLADA EN ROEDORES DE LA COMUNA DE MAIPÚ, R.M., Y SU RELACION CON UN CASO HUMANO. PRIMER REPORTE EN CHILE. (Leptospira sp. Isolated in Rats from Maipú Township, R.M., Related with Human Disease). First Report in Chile. Styles. J., Cattan. P. E. Laboratorio de Leptospirosis, Subdepartamento de Laboratorios y Estación Cuarentenaria Pecuaria (bacteriología.pecuaria@sag.gob.cl.) Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

Fundamento: Considerando la aparición de un caso humano de Leptospirosis con desenlace fatal en la comuna de Maipú, RM, y la relación de esta zoonosis con roedores, se planificó investigar presencia de Leptospiras en roedores del sector, mediante serología y aislamiento. Método: Con trampas Sherman, se capturaron 35 roedores en el predio y alrededor de la vivienda. Por punción cardíaca, se obtuvo suero, que se analizó con la técnica M.A.T., frente a 12 antígenos vivos de Leptospiras. Se extrajeron riñones para efectuar aislamiento por cultivos en medio E.M.J.H. Resultados: Cinco ejemplares fueron reaccionantes al M.A.T., frente al antígeno Leptospira interrogans serovar copenhageni, con títulos desde 1/50 hasta 1/800. En los cultivos, a los 7 días de incubación a 30°C se desarrollaron Leptospiras, desde riñones de 3 ratas de la especie Rattus norvegicus. Conclusión: Los resultados de la serología y de los aislamientos, plantean a los roedores del lugar, como origen más probable del contagio. La importancia del presente estudio radica en el hallazgo de un agente infeccioso zoonótico, en reservorios relacionados con un caso humano. Financiamiento: Proyecto PNUD.2001-0402.

61. EVALUACIÓN DEL EFECTO FRENTE A Mycobacterium tuberculosis DE PRODUCTOS NATURALES Y DE SÍNTESIS (Evaluation of natural and synthesis products against Mycobacterium tuberculosis).

Gutiérrez, B¹., Araya J¹., Sagua H¹., Gómez B.², Olivares H²., Loyola L.A.³., Bórquez J³ Valderrama

J. A⁴., Darías, J⁵., González J.¹

¹Unidad de Parasitología, ²Unidad de Bioquímica, Facultad de Ciencias de la Salud. ³Departamento de Química Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Antofagasta, ⁴Facultad de Química, Universidad Católica de Chile, ⁵Universidad de la Laguna, Tenerife, España

Mycobacterium tuberculosis infecta a un tercio de la población mundial. La aparición de cepas multiresistentes, sumado a un tratamiento prolongado con varias drogas, crean la necesidad de buscar nuevas drogas. Así, los productos naturales y de síntesis son una potencial fuente de nuevos agentes antimicobacterianos. En este trabajo hemos evaluado, mediante un método espectrofluorométrico, el efecto antimicobacteriano de 206 compuestos entre productos naturales y extractos (aislados tanto de plantas como de organismos marinos) y productos de síntesis.

Del total de productos y extractos evaluados, 48 fueron activos contra *M.tuberculosis* a Concentraciones Inhibitorias Mínimas (CIM) ≤ a 250 μg/ml. El estudio de citotoxicidad frente a células VERO, de los compuestos con CEMa 250 μg/ml, mostró que 6 de éstos fueron altamente citotóxicos, 33 mostraron baja citotoxicidad y 9 resultaron ser atóxicos.

Se concluye que productos naturales y de síntesis poseen actividad antimicobacteriana, destacándose el promisorio efecto de compuestos TM-P4 (esteroide), aislado de *Trimusculus peruviensis* y los productos de síntesis ZS-111 (epóxido de quinona) y OE-1 (hidroquinona), todos los cuales mostraron una CIM de 62,5 µg/ml.

62. DETECCIÓN DE Mycobacterium bovis POR PCR EN SANGRE DE ANIMALES PROVENIENTES DE REBAÑOS CON DISTINTO GRADO DE PREVALENCIA A TBB (PCR detection of M. bovis in blood from herds with different prevalence to TBB).

Mancilla, M., Palavecino, C., Rehren, G., *Villarroel, M., *Araya, C., *Rivera, A., León, G y Zárraga, A.M. *Laboratorio SAG de Osorno. Instituto de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. azarraga@uach.cl

El diagnóstico oportuno de tuberculosis bovina en el animal vivo es de gran importancia en salud pública por la zoonosis y grandes pérdidas económicas que ocasiona. El método de PCR en sangre surge como una estrategia diagnóstica alternativa debido a su rapidez, sensibilidad, especificidad y fácil aplicación. Este trabajo detectó por PCR la presencia de *M. bovis* en 61 muestras de sangre de animales de la VIII región, provenientes de 10 rebaños diferentes con prevalencias a TBB entre 8 a 58 %, utilizando el cultivo como gold estandard. **Métodos:** el DNA total se extrajo de 1 ml de sangre en medio caotrópico y precipitado con etanol. 60 ng de DNA se utilizó para la reacción de PCR semianidado (Mycobacterium PCR kit de Biosonda). Los productos, se analizaron en gel de agarosa / bromuro de etidio. **Resultados**: de 61 animales infectados, 25 resultaron PCR + en sangre y 49 tuberculina +. De 32 animales de rebaños con prevalencias menores al 23 %, 12 resultaron PCR + en sangre (38%) y 31 tuberculina + (97%). En prevalencias sobre 23%, de 29 animales, 13 fueron PCR + en sangre (45%) y 18 tuberculina + (62%). **Conclusiones:** en rebaños con prevalencias alta, la sensibilidad de la tuberculina caudal disminuye. Comparativamente, la sensibilidad del PCR aumenta de 38% a 45%. Se sugiere el uso del PCR en sangre para detectar animales anérgicos y/o diseminadores de la enfermedad en rebaños con alta prevalencia.

Financiamiento: Fondef D02I-1111.

63. ANALISIS DE DNA FINGERPRINTING DE CEPAS CHILENAS DE Mycobacterium bovis. (DNA Fingerprinting analysis of Chilean M. bovis strains)

Palavecino, C., Mancilla, M., *Villarroel, M., *Araya, C., León, G., Zárraga, A. M. Instituto de

Bioquímica. Universidad Austral de Chile.* Laboratorio SAG, Osorno. azarraga@uach.cl

El trazado de rutas de contagio y detección de brotes epidémicos de M. bovis requiere definir los perfiles genéticos de cepas prevalentes. La tuberculosis bovina es una enfermedad endémica causante de cuantiosas pérdidas. Se desconocen las variantes genéticas de M. bovis en nuestro país. Este trabajo analiza el perfil genético de 40 cepas de M. bovis, crecidas en Stonebrink e identificadas en microplacas de ELISA por el método de nitrato, Tween 80 y catalasa. Cepas dudosas se confirmaron por PCR de oxyR y pncA. Método: El DNA se extrajo a partir de 2 a 4 colonias utilizando proteinasa K/ lisozima/ SDS descrito por Van Soolingen, 1999. 3 ug de DNA genómico se digirió con 10 U de Pvu II y el producto se analizó por Southern blot utilizando como sonda el fragmento de 181 pb, adyacente al sitio de corte de la enzima en el IS6110. Los híbridos se detectaron con el kit ECL DNA detector (KPL). Resultados: Se observaron 14 perfiles de fingerprint conteniendo entre 1 a 6 copias de IS6110 en fragmentos de 1,2 a 9,0 kb. El 45% de las cepas mostraron una única copia de IS6110 de largo variable, del tipo descrito para la cepa BCG (BCG-like). En un mismo rebaño se identificaron cepas conteniendo los fragmento de 1,7, 1,9 y 3.7 kb. Este polimorfismo, encontrado en cepas aisladas de rebaños de la IV a la Xa Región, podría atribuirse a rearreglos del locus DR de una única cepa o, a la introducción de nuevas variantes en el rebaño. Datos preliminares sugieren la presencia de cepas carentes del IS. Resultados más concluyentes se obtendrán al incorporar otros marcadores genéticos y cepas de distintas regiones del país.

FINANCIAMIENTO: Fondef D02I-1111.

64. COMPARACION DE TRES METODOS PARA EL ESTUDIO DE LA SUSCEPTIBILIDAD A DROGAS EN CEPAS DE Mycobacterium tuberculosis, AISLADAS EN EL NORTE DE CHILE (Comparisson of Three Methods for Drugs Susceptibility Study of Mycobacterium tuberculosis Strains Isolated in North of Chile).

Zambrano, A.1, Miranda, E.1, Gutiérrez, B.2, González, J2.

¹Hospital Clínico Regional de Antofagasta, ²Unidad de Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

La resistencia a las drogas antituberculosas es un problema de salud pública. En Chile, la resistencia reportada es baja y es permanentemente evaluada. El estudio de sensibilidad a las drogas antituberculosas se realiza mediante el método de las proporciones, el cual es laborioso y lento, requiriéndose de 30 días para leer sus resultados. Por ello, es necesario evaluar e implementar nuevos métodos que sean confiables y de lectura más precoz.

En este trabajo se evaluó la susceptibilidad de 20 cepas de *M. tuberculosis*, aisladas en los años 2002 y 2003, desde pacientes con tuberculosis pulmonar diagnosticados en Antofagasta, Arica y Ovalle. Las cepas fueron evaluadas frente a: isoniacida, rifampicina, estreptomicina, etambutol, y ciprofloxacino. Los ensayos utilizados fueron: el método de las proporciones, el de difusión en agar y el de microdilución seriada con lectura espectrofluorométrica, todos los cuales ya han sido validados en la literatura. Como control se utilizó la cepa sensible H37Rv.

La baja resistencia encontrada en estas cepas a las drogas fue concordante con lo reportado por otros investigadores. Los perfiles de sensibilidad fueron similares por los tres métodos, validando localmente su confiabilidad y permitiendo proponer el uso del método de lectura espectrofluorométrica por su lectura precoz y capacidad de evaluar simultáneamente un elevado número de cepas.

65. VAGINOSIS BACTERIANAS EN JÓVENES UNIVERSITARIAS. (Bacterial vaginosis on university students).

Urdanivia R, Araya V, Toledo I, Gahona J, Herrera N, Becerra S, Jofré M.

Departamento de Tecnología Médica, Universidad de Antofagasta. rurdanivia @ uantof.cl.

Fundamento: La vaginosis bacteriana (VB) es una de las infecciones a la que más recientemente se le ha atribuído la característica de enfermedad de transmisión sexual, lo cual está aún en discusión, ya que los principales agentes etiológicos, tales como *Gardnerella vaginalis* y *Mobiluncus* sp, independientemente, también son parte de la flora normal vaginal de un porcentaje importante de mujeres. En este estudio se quiso conocer la prevalencia de VB en estudiantes que consultan espontáneamente en el Servicio Médico y Dental de Alumnos (SEMDA) de la Universidad de Antofagasta, durante Abril y Octubre de 2002.

Método: En una muestra de 190 estudiantes se diagnosticó VB, según el criterio microbiológico de Nugent y clínico de Amsel; otros microrganismos patógenos aislados de la secreción vaginal fueron diagnosticados mediante técnicas microbiológicas estandarizadas.

Resultados: La prevalencia de VB fue 19% (36/190) y 38% (72/190) de otras patologías (OP); En OP se aisló 76% (55/72) Candida albicans, 15% (21/72) de bacterias, predominando Enterobacteriaceas y 3% (2/72) Tricomonas vaginalis. En el examen de PAP realizado a 106 estudiantes, seis presentaron virus Papiloma humano y uno, alteración celular por este virus. Se caracteriza la población estudiada, según formulario para atención gineco-obstétrica.

Conclusión: La prevalencia de VB en este estudio es comparable con un 15% y 24% encontrado en poblaciones estudiantiles. Prácticamente el 56% (20/36) de los casos de VB detectados son sintomáticos.

Financiamiento: Departamento de Tecnología Médica.

66. AISLAMIENTO DE *Lactobacillus* spp. VAGINALES EN MUJERES DE LA OCTAVA REGION DE CHILE (Isolation of vaginal *Lactobacillus* spp. from 8th Region's women).

Castro, E; Palma, I; Sánchez, M. Laboratorio de Bacterias Lácticas. Universidad de Concepción, (ercastro@udec.cl).

Fundamento: Los *Lactobacillus* spp. predominan en la vagina humana normal, protegiéndola tanto de la proliferación de la flora basal como de los patógenos exógenos.

Métodos: A 298 mujeres seleccionadas al azar de distintas áreas de la Octava Región se les evaluó, con consentimiento informado, la colonización de *Lactobacillus* spp. vaginales a través de medios selectivos e identificación a través de pruebas bioquímicas. Los aislamientos se relacionaron con la pesquisa de vaginosis empleando el Criterio de Nugent.

Resultados: En sólo 46.6% (139/298) de las mujeres se pesquisó *Lactobacillus* spp. vaginales, los que fueron obtenidos preferentemente de embarazadas. Sólo 54.6%, (76/139) de los aislamientos, correspondieron a estadíos de Nugent normal. Una importante proporción de los lactobacilos (36/139), se obtuvo de mujeres con vaginosis, principalmente trabajadoras sexuales.

Conclusión: La despoblación de *Lactobacillus* spp. vaginales parece ser un fenómeno frecuente en mujeres de la Octava Región, lo que justifica estrategias de intervención para su manejo y control. La proporción de lactobacilos obtenidos en mujeres con vaginosis es mayor que lo reportado internacionalmente, lo que merece futuras investigaciones.

FINANCIAMIENTO:PROYECTO FONDEF Nº DO111121.

67. DIAGNOSTICO DE LABORATORIO DE LAS INFECCIONES RESPIRATORIAS AGUDAS BAJAS EN EL HOSPITAL REGIONAL DE ANTOFAGASTA. (Laboratory diagnostic of lower acute respiratory infections in the Clinical Regional Hospital of Antofagasta).

Mejías E1, Silva J2, Godoy F2.

- 1. Laboratorio de Microbiología, Hospital Clínico Regional de Antofagasta. evamejias@hotmail.com
- 2. Depto Tecnología Médica-INDES, Universidad de Antofagasta, Antofagasta.

Las infecciones respiratorias agudas bajas (IRAB), de origen viral en niños menores de 5 años, son una de las causas más importantes de morbimortalidad, a nivel mundial. El propósito de este estudio fue conocer la prevalencia de virus respiratorios causantes de IRAB en la ciudad de Antofagasta. Para ello, se examinaron un total de 3.330 muestras de aspirados nasofaríngeos que fueron remitidas al Laboratorio de Microbiología del Hospital Clínico Regional de Antofagasta, período 1998-2002. En 1.356 (40,7 %) muestras, se encontraron virus respiratorios y fueron detectados : Adenovirus (Ad), Virus Respiratorio Sincicial (VRS), Parainfluenza (PI), Influenza A (IA) y Influenza B (IB), mediante la técnica de Inmunoflurescencia Indirecta (IFI), recomendada por el Instituto de Salud Pública de Chile. Los resultados obtenidos, en los 5 años de estudios, muestran una alta prevalencia de virus respiratorios en niños menores de 2 años. En 1998, se detectó un 96 % de virus respiratorios y disminuyó a un 90 % en el 2002. En general, se observa una mayor prevalencia de VRS (70,4 %), seguido de PI (12 %), Ad (10 %), IA (5,5 %) y IB (1,1 %). También, los mayores porcentajes de virus respiratorios se presentaron en los períodos Mayo - Agosto de cada año. El VRS se detectó en una alta frecuencia en la población infantil menor de 2 años, pero su prevalencia es mayor en el grupo etario de 0-5 meses, alcanzando al 79,4 %, con respecto a otros agentes virales. Finalmente, se pudo comprobar que los PI, IA y IB aumentan su frecuencia de detección en los grupos etarios mayores de 2 años.

68. RESULTADOS INDETERMINADOS POR VARIACIÓN DE SECUENCIA GÉNICA DE VIRUS HERPES SIMPLEX EN LÍQUIDO CEFALORRAQUÍDEO (LCR) DETECTADO POR REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA (PCR) EN TIEMPO REAL.

(Indeterminate Results Due to Genetic Sequence Variations in Virus Herpes Simplex Detected in Cerebrospinal Fluid (Csf) by Real-Time PCR).

Soto J, Salinas AM, Poggi H, Romeo E, Saa JL, García P, Lagos M.

UDA Laboratorios Clínicos, Pontificia U. Católica de Chile. mailto: jsotom@puc.cl

La detección y tipificación de virus Herpes simplex (HSV) tipo 1 y 2 en nuestro laboratorio se realiza por PCR en tiempo real (PCR-TR). Este método altamente sensible y rápido permite la tipificación de los virus por análisis de la curva de "melting" del producto de PCR y distingue ambos tipos virales al hibridar con sondas específicas que determinan una temperatura de melting (Tm) diferente para cada tipo. Se han procesado 306 LCR (extracción ADN por QIA amp DNA QIAGEN) en LightCycler® amplificando una región del gen de la ADN polimerasa viral y monitoreando el producto de PCR con sondas fluorescentes específicas para HSV 2 (HSV 1 difiere en dos bases con la secuencia de la sonda). Obtuvimos 28 (9.2%) LCR positivos, de los cuales 75.0% (n=21) fueron HSV 1 y 7.1% (n=2) correspondieron a HSV 2. En el 17.9 % restante (n=5) se obtuvieron temperaturas de melting atípicas no correspondiendo a las esperadas para HSV tipo 1 ni 2. De estos 5 productos de PCR, 4 fueron secuenciados en un analizador genético ABI 310 (Applied Biosystem), mostrando el alineamiento de los productos una base de diferencia en la región de hibridación con la sonda. Las mismas muestras se analizaron por PCR Herplex Pharma Gen y por una PCR "in house" (con digestión del producto de PCR), los que amplifican una región diferente del mismo gen, correspondiendo a HSV 1 en los 4 casos. En los 4 LCR con Tm atípica, se identificó una mutación puntual en la región del gen de la polimerasa viral donde híbrida con la sonda. En la rutina de laboratorio, estas muestras deben ser reanalizadas por otra metodología que utilice sondas dirigidas a otra región del gen para identificar el tipo viral, o que amplifique un gen diferente.

69. ESTUDIO DEL TÉRMINO DE LA REPLICACIÓN DEL GENOMA DEL VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA. (The study of the end of Infectious Pancreatic Necrosis Virus genomic replication). González R., Soto R., Jashés M., Sandino A.M. Laboratorio de Virología, Facultad Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. ryf_97@yahoo.com

El virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) es el virus de mayor incidencia en la acuicultura mundial incluyendo a Chile. Este virus pertenece a la familia Birnaviridae, por poseer características tales como: un genoma compuesto por 2 segmentos de RNA doble hebra, una cápside icosahédrica sin envoltura y una proteína VPg unida covalentemente al extremo 5' de cada segmento de RNA. Estudios de la replicación del genoma de IPNV realizados en nuestro laboratorio indicaron que el virus sintetiza la hebra negativa de RNA y ésta es utilizada como templado de la síntesis de la hebra positiva. Este proceso de replicación ocurre fuera de la partícula viral, por lo que se encontró una gran cantidad de genomas incompletos libres en el citoplasma de la célula. Por este motivo, el objetivo de este trabajo es estudiar si los genomas incompletos son encapsidados dando origen al provirus y el término de la replicación del genoma de IPNV ocurre dentro de los proviriones para dar lugar a la partícula viral madura; o si el término de la replicación del genoma ocurre en el citoplasma y en este caso el genoma completo es encapsidado para dar lugar al provirus. Mediante el desarrollo de ensayos de síntesis de dsRNA "in vitro" se completó la síntesis de RNA en presencia de (P32) GTP utilizando purificaciones de genomas incompletos, proviriones y virus maduro. Luego estos se separaron en gradientes de cloruro de cesio, con el fin de seguir la incorporación de la marca. Los resultados mostraron que la finalización de la replicación del genoma ocurre fuera de los proviriones, por lo tanto el genoma completo es encapsidado en el provirus para finalmente dar lugar al virus maduro.

70. CLONAMIENTO Y EXPRESIÓN DE LA GLICOPROTEÍNA G DEL VIRUS RÁBICO FIJO CEPA 51 DESDE Escherichia coli.

González P. (1), Obrest A. (1), Favi M. (3), Yung V. (3), Riveros B. (1), Velásquez F. (1), González R. (2), Cachicas V. (1), Vásquez A. (1).

(1) Centro de Investigación y Desarrollo, (2) Sección Antirrábica. Subdepartamento de Vacunas, Departamento de Producción. (3) Sección Diagnóstico de rabia, Departamento de Laboratorios de Salud. Instituto de Salud Pública de Chile. avasquez@ispch.cl

La rabia debido a su amplia distribución y a sus características de zoonosis constituye un problema relevante en la salud pública mundial, se describe como una encefalitis viral, siendo el perro el principal reservorio, sobre todo en los países en desarrollo. En Chile gracias a las vacunaciones caninas masivas ha sido posible controlar esta enfermedad. La glicoproteína G del virus rábico (67 kDa), es la responsable de la inducción de anticuerpos neutralizantes contra esta letal enfermedad y que genéticamente es la más conservada. Se ha descrito como una buena alternativa para el desarrollo de una nueva vacuna antirrábica.

Clonar y expresar el gen de la glicoproteína G del virus rábico fijo cepa 51. (aislado desde virus calle de perro). Se diseñaron partidores y ciclos de amplificación a partir de secuencias del gen descritas en la literatura. La reacción de RT-PCR se realizó desde RNA purificado del virus rábico fijo cepa vacuna 51. El fragmento amplificado se purificó y ligó a un vector comercial para el clonamiento del producto de PCR. El clon seleccionado se secuenció para establecer la identidad del gen amplificado. El gen secuenciado se subclonó en el vector de expresión pET15b y se expresó en *E. coli* BL21 DE3.

Se amplificó por RT-PCR un fragmento de aproximadamente 1500 pb. desde RNA purificado de virus rábico. El fragmento de DNA fue clonado en el vector comercial y la proteína fue expresada en E. coli BL21DE3. La secuencia del gen clonado corresponde a lo descrito para esta proteína, manteniendo un alto grado de homología con otras secuencias descritas para este gen. La secuencia del gen clonado y el tamaño de la proteína expresada desde la cepa del virus rábico 51 corresponden a lo descrito en la literatura. Los resultados obtenidos sugieren que hemos clonado y expresado la glicoproteína G del virus de la rabia cepa 51. El clonamiento y expresión de esta glicoproteína da inicio al desafío del CID de Depto. de Producción del ISP de desarrollar una vacuna de subunidad para la rabia, utilizando diferentes medios de formulación disponible en nuestro laboratorio para la presentación de éste antígeno.

71. LINFOCITOS T Th1 Y Th2 ESPECIFICOS PARA LA GLICOPROTEINA DEL VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL (VRS) EN SANGRE PERIFERICA DE LACTANTES INFECTADOS CON VRS. (Th1 and Th2 T lymphocytes specific for respiratory syncytial virus (RSV) G glycoprotein in periphery blood from young infants infected with RSV). Fernández J.A. (1), Carrión F. (2), Palomino M (1). y Larrañaga C (1). Programa de Virología ICBM, Facultad de Medicina Universidad de Chile (1). Facultad de Medicina Universidad Los Andes (2). ifernand@machi.med.uchile.cl

La respuesta inmune celular puede tener un papel patogénico en la infección VRS. Aunque en lactantes primoinfectados es posible detectar respuesta inmune celular anti-VRS se desconoce qué antígenos virales son reconocidos por los linfocitos T (LT) de estos sujetos. LT de adultos hiperinmunes reconocen la glicoproteína G del VRS (G-VRS). Hipótesis: Los lactantes desarrollan una respuesta de linfocitos T específica contra la glicoproteína G del VRS. Objetivo: Identificar en lactantes infectados con VRS linfocitos T específicos para G-VRS mediante estimulación ex vivo con G-VRS, detección citoquinas intracelulares y análisis por citometría de flujo. Métodos: Sangre total de lactantes hospitalizados por infección VRS u otro virus fue estimulada ex vivo con G-VRS A2 recombinante. Las células fueron luego teñidas con anticuerpos anti-CD3, permeabilizadas e incubadas con anticuerpos anti IFN-γ y anti-IL-13. Se analizaron un total de 10.000 eventos por muestra utilizando un citómetro Coulter Epics-XL. Resultados: En 11/15 casos VRS+ se detectó producción específica de IFN-γ y en 4/10 casos para IL-13. No se detectó producción de citoquinas en controles VRS (-) Conclusiones: La glicoproteína G del VRS es un antígeno reconocido por LT Th1 y Th2 durante la primoinfección VRS. El IFN-y es aparentemente la citoquina predominante producida. Estudios futuros permitirían correlacionar la respuesta de LT anti-G-VRS con la severidad de la primoinfección.

Financiado por DID U.Chile I07-00/2 y FONDECYT 1020544.

72. AMEBAS DE VIDA LIBRE EN EQUIPOS DE AIRE ACONDICIONADO Y SU SUSCEPTIBILIDAD A DESINFECTANTES. (Free-living amoeba in air conditioning equipments and their susceptibility to disinfectans). Alarcón V.¹, Moreno J¹., Astorga B²., Navarrete E¹. ¹Facultad de Ciencias de la Salud, Carrera de Tecnología Médica, Universidad San Sebastián, Concepción, ¹Instituto de Salud Pública, Santiago de Chile. Vealrich10@hotmail.com

Las amebas de vida libre pueden encontrarse en equipos de aire acondicionado, pero en Chile no existen antecedentes al respecto. En este trabajo, se investigó la presencia de estas amebas en 48 muestras de agua y 24 muestras de aire de equipos de aire acondicionado del Instituto de Salud Pública. Las muestras se cultivaron en agar no nutriente, sembradas con *Escherichia coli* e incubadas por 18-24 h a 37°C. Se identificaron las amebas por observación microscópica a nivel de Género, se cultivaron a distintas temperaturas y se determinó su susceptibilidad a un derivado de amonio cuaternario, glutaraldehído hipoclorito de sodio y limipiador alcalino (hidróxido de sodio, 2-butoxietanol, triplifosfato de sodio y alquilbencenosulfonato de sodio).

Se encontraron amebas en el 71% de las muestras de agua y en el 29% de las muestras de aire. El 35% de ellas creció a 41° C. Las únicas amebas identificadas correspondieron al Género Acanthamoeba.

Los quistes de morfología estrellada fueron más susceptibles al compuesto de amonio cuaternario y los de morfología esférica a glutaraldehido, hipoclorito de sodio y limpiador alcalino.

Las amebas de vida libre son frecuentes en equipos de aire acondicionado y algunas de ellas pueden ser potencialmente patógenas. La susceptibilidad a desinfectantes de estas amebas es diferente según la especie de ameba en cuestión.

73. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LA SUB UNIDAD REGULATORIA DE FOSFATASA DE PROTEINA 2B (CALCINEURINA) DE Trypanosoma cruzi. (Molecular Characterization of Regulatory Subunit the Protein Phosphatase 2b (Calcineurin) in Trypanosoma cruzi).

Araya, J.E*., Yoshida, N**., Cornejo, A.*, Cortes, M*., Neira, I.*, Rodriguez S.*, Cordero, E*., Santos, M.R**., da Silveira, J.F**., Sagua, H*. y González, J*.

*Unidad de Parasitología. Universidad de Antofagasta-Chile.** Disciplina de Parasitología. UNIFESP.Sao Paulo-Brasil.

Cyclosporina A, un fuerte inhibidor de fosfatasa de proteína 2B (PP2B) que actúa específicamente a nivel de la sub-unidad regulatoria, denominada de Calcineurina (CnB), inhibe de forma evidente el proceso de invasión en células HeLa de las formas meta cíclicas de *Trypanosoma cruzi* cepa CL, demostrando así que este complejo enzimático cumple un importante rol en dicho proceso.

A partir de la secuencia de aminoácidos ya conocida de CnB y de otras especies depositadas en la central de datos GeneBank, se sintetizaron oligonucleótidos degenerados. Por PCR se amplificó un fragmento de 914 bp, el cual fue clonado en el vector pGEM-T easy. Uno de los clones obtenidos, fue completamente secuenciado y caracterizado por técnicas moleculares (Southern, Northern y Cromo blot). La secuencia de aminoácidos deducida de la secuencia de nucleótidos, reveló una fase de lectura abierta que codifica para un polipéptido de 146 aminoácidos generando una proteína de 19 kDa. El análisis realizado en BLAST 2.2.3. basado en la información NCBI (GeneBank), muestra que esta proteína, presenta homología con CnB de diferentes especies. Una identidad de 79% con *Leishmania major* y solo un 56% con *Homo sapiens*.

Con todos estos antecedentes reportamos por primera vez el gen regulatorio de PP2B en *T. cruzi* y su potencial rol en el proceso de invasión de este protozoo parásito.

Financiamiento: WHO/TDR ID 990957 y FONDECYT Nº 1010270.

74. PAPEL DE LA FOSFATASA DE PROTEÍNA 1 (PP1) EN LA DIVISIÓN CELULAR DE Trichomonas vaginalis (Role of protein phosphatase 1 (PP1) in celular division of Trichomonas vaginalis)

Pérez, M., Sagua, H., Araya, J., González, J.

Unidad de Parasitología, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Antofagasta-CHILE

Trichomonas vaginalis, es un protozoo flagelado que se transmite de persona a persona mediante contacto sexual, reportándose 170 millones de nuevos casos cada año.

Con el propósito de conocer el papel de la fosforilación en la división celular de *T.vaginalis*, evaluamos el crecimiento del protozoo en presencia o ausencia de inhibidores de quinasas y fosfatasas. De todos los inhibidores, sólo caliculina A, bloqueó la multiplicación de *T.vaginalis*, sugiriendo el probable papel de PP1.

Mediante PCR, utilizando partidores universales, amplificamos un fragmento de 570 pb, el cual fue clonado y secuenciado. La secuencia de aminoácidos deducida de la secuencia de nucleótidos del clon mostró una homología de 62 % con la PP1 de eucariontes como *Medicago sativa*, *Dictyostelium discoideum* y *Saccharomyces cerevisiae*. Dentro de los protozoos, la mayor homología se observó con la PP1 de *Plasmodium falciparum* (59%).

En análisis de Northern-blot reveló la presencia de un transcrito de 1,5Kb el cual hibridó específicamente con la sonda de TvPP1. El análisis de Southern-blot mostró la existencia de un bajo número de copias del gen de PP1. El papel de PP1 en la biología de *T. vaginalis* son aquí discutidos. FINANCIAMIENTO: FONDECYT 1010270.

75. EXPRESION EN CELULAS PROCARIOTICAS Y EUCARIOTICAS DE LA SUBUNIDAD CATALITICA DE FOSFATASA DE PROTEINA 2A DE *Trypanosoma cruzi*. (Expression in Procariotical and Eucariotical Cells of the Catalytic Subunit of Protein Phosphatase 2a from *Trypanosoma cruzi*).

Rodríguez CM, Cordero E, dos Santos M, Sagua H, da Silveira F, González J, Araya JE. Unidad de

Parasitología, Universidad de Antofagasta. jearayar@uantof.cl

La invasión celular de *Trypanosoma cruzi*, es seguida de un significativo remodelamiento que permite la transformación del estadio de tripomastigote en amastigote. Recientemente hemos demostrado que el remodelamiento del parásito sería regulado por procesos de fosforilación y desfosforilación. Siendo específicamente, la desfosforilación de proteínas realizada por medio de fosfatasas de proteínas tipo PP2A (Tc-PP2A), uno de los principales efectores responsables.

El gen que codifica para Tc-PP2A fue clonado, secuenciado y caracterizado. Sin embargo, la producción de proteína recombinante, en vectores de expresión, ha sido poco exitosa por dos razones: bajos niveles de expresión y por la formación de corpúsculos de inclusión que tornan a la proteína insoluble e inactiva.

En el presente estudio evaluamos la expresión y producción de PP2A de *T. cruzi*, en diversos vectores de expresión. Así, la región codificadora del gen Tc-PP2A fue amplificada por PCR con un cebador que contenía el primer ATG (Forward primer) y otro que contenía el codon de terminación TGA (Revers primer), fue introducida en fase de lectura abierta en: pGEX-1Tλ (expresión en *Escherichia coli* BL21), pPIC3,5 y pPIC9 (expresión en *Pichia pastoris* cepas GS115 y KM71) y en pEXP1-DEST (expresión "in vitro" en *E.coli*) "Expressway plus expresión System". Los resultados obtenidos, así como la utilidad en los estudios biológicos y funcionales de Tc-PP2A, mediante la proteína recombinante, serán aquí discutidos.

Financiamiento: FONDECYT Nº 1010270; OMS/TDR ID-990957.

76. CLONAJE MOLECULAR DE ADNC QUE CODIFICAN PARA DOS ISOFORMAS DE LA SUBUNIDAD CATALITICA DE FOSFATASA DE PROTEINA 2A DE *Trypanosoma cruzi* (Molecular Cloning of CDNAs Encoding Two Isoforms of the Catalytic Subunit of Protein Phosphatase 2a from *Trypanosoma cruzi*)

Sossa PP, Rodriguez CC, Cordero EM, dos Santos M, Sagua H, da Silveira F, González J, Araya JE. Unidad de Parasitología, Universidad de Antofagasta. jearayar@uantof.cl

En nuestro laboratorio, hemos demostrado que fosfatasa de proteína 2A de *Trypanosoma cruzi* (Tc-PP2A) esta involucrada en el proceso de remodelamiento, específicamente en la transformación de tripomastigote a amastigote. Para ello, el gen y su proteína fue caracterizado bioquímica y molecularmente.

Recientemente, empleando sondas confeccionadas a partir de Tc-PP2A, fueron aislados de genotecas de ADNc de *T. cruzi*, nuevos clones que codifican para la sub unidad catalítica de PP2A. Análisis de las secuencias indican que dos especies diferentes de ARNm codifican para esta enzima. La deducida secuencia de aminoácidos muestra las dos formas, denominadas de TcPP2A-1 y TcPP2A-2, las enzimas presentan una identidad de un 92% y muestran entre un 71% a 86% de identidad con secuencias parciales aisladas de otras especies. El uso de oligonucleotidos específicos empleados como sondas indican que ARNm que codifican para las formas TcPP2A-1 y TcPP2A-1 son de alrededor de 2,1 kilobases de tamaño. Ellos están presentes en igual cantidad en las formas metacíclicas del parásito y fueron producto de la transcripción de dos genes distintos. Análisis de Southern y Chromo blot usando la región codificadora de la isoforma TcPP2A-2 ADNc como sonda, sugiere la existencia de genes adicionales relacionados con genes de fosfatasas de proteínas.

La importancia y mayor relevancia de estos hallazgos en la biología del parásito serán aquí discutidos.

Financiamiento: FONDECYT Nº 1010270; OMS/TDR ID-990957.

CARACTERIZACION FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE CEPAS DE Salmonella 77. enteritidis. (Phenotype and genotype characterization of Samonella enteritidis strains). Aravena C¹, Silva J¹, Araya J¹, Colque-Navarro P.², Kühn I², Möllby R² y Löfdahl S². 1.Depto Tecnología Médica-INDES. Universidad de Antofagasta, Chile. E-mail: isilva@uantof.cl. 2. Microbiology and Tumorbiology Center, Karolinska Institute, Stockholm, Sweden.

Salmonella enteritidis es un patógeno zoonótico emergente en todo el mundo. En Chile emergió con características epidémicas desde el norte al sur del país. En el análisis epidemiológico de estos casos adquieren una gran importancia, los métodos de tipificación de las cepas epidémicas. En este estudio se evalúan técnicas fenotípicas y genotípicas para caracterizar 25 cepas de S. enteritidis de origen clínico y aviario aisladas en Antofagasta, Chile (1997-2000). El sistema Phene Plate Systems (Ph-S48), la fagotipia (FT), el perfil plasmidial (PP), la presencia de genes de virulencia (Pef) y la electroforesis de campo pulsado (PFGE), se usaron para tipificar las cepas de S. enteritidis. A cada una de estas técnicas se les determinó la capacidad de discriminación, a través del índice de Simpson de diversidad (D). Los resultados de D obtenidos fueron: D Ph-S48 = 0,863, DFT = 0,690, DPP = 0,220, DPef = 0,480 y D_{PFGE}=0,153. La mejor discriminación de este grupo de bacterias, se logra a través del sistema Ph-S48 de caracterización bioquímica con un 86,3 % de discriminación, seguido de la fagotipia con un 69%. El Ph-S48 resultó en 11 tipos bioquímicos diferentes y la fagotipia en 5 tipos. El PFGE presento el nivel más bajo de discriminación con un 15,3%, ya que sólo permitió caracterizar 3 tipos genéticos diferentes, usando la enzima de restricción Xba I. La discriminación por el PFGE podría aumentarse usando otras enzimas de restricción. En cambio, los métodos fenotípicos Ph-S48 y fagotipia permitieron la identificación de tipos dominantes y en algunos casos, fueron comunes para ambos métodos. El Ph-S48 permite además establecer la relación entre las cepas bacterianas, seleccionando los tipos prevalentes a los cuales pudieran hacerse otros ensayos genotípicos. Financiamiento: Proyecto FNDR 3328.

DETECCION DE β-LACTAMASAS EN CEPAS HOSPITALARIAS DE Pseudomonas 78. aeruginosa (Detection of β-lactamases among nosocomial strains of Pseudomonas aeruginosa). Alíster C.1, Bello H.1, Domínguez M.1, Mella S.2, Zemelman R.3, González G.1 Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, ²Depto. de Medicina Interna. Facultad de Medicina. Universidad de Concepción. ³Facultad de Ciencias y Tecnología. U. San Sebastián. Concepción. Chile. hbello@udec.cl

P. aeruginosa es un importante patógeno oportunista que presenta multiresistencia a los antibióticos y que en el caso de los β-lactámicos es mediada, principalmente, por la producción de β-lactamasas (βL). En este trabajo se detectó e identificó BL producidas por cepas hospitalarias de P. aeruginosa resistentes, a lo menos, a una cefalosporina. Se incluyó 75 cepas aisladas en hospitales de 5 ciudades chilenas, entre los años 2000 y 2001. Se determinaron los niveles de resistencia a antibióticos βlactámicos según lo recomendado por NCCLS (2001). Se evidenció la síntesis de BL con el test de nitrocefina y se detectaron los genes para estas enzimas y para integrones clase 1 y 2 mediante PCR. Más de un tercio de las cepas (36 %) produce alguna βL y dentro de este grupo todas ellas sintetizarían una BL del tipo AMP-C, ya que son resistentes a cefoxitina. Adicionalmente, en 55 % de estas cepas se encontró una βL tipo TEM, en 33 % una tipo SHV y en 3 % una tipo OXA-10. La frecuencia de cepas resistentes a cefalosporinas, aminoglicósidos y ciprofloxacina fue siempre mayor en las cepas con βL, variando entre 14 y 66 % para cefalosporinas de tercera generación (ceftazidima y cefotaxima, respectivamente). Sólo 29.2 % de las cepas posee integrones clase 1, no encontrándose cepas con integrones clase 2; sin embargo, los genes bla no se encontraron asociados a estos integrones.

79. GENES DE RESISTENCIA A CLORANFENICOL EN BACILOS GRAM NEGATIVOS AISLADOS EN HOSPITALES CHILENOS. (Chloramphenicol-resistant genes in Gram-negative bacilli isolated from Chilean hospitals).

Ramos, L.¹, Domínguez, M.¹, Bello H.¹, Mella S.², Zemelman R.³ González G.¹

¹Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, ²Depto. De Medicina Interna. Facultad de Medicina. Universidad de Concepción. ³Facultad de Ciencias y Tecnología. U. San Sebastián Concepción. Chile. **ggonzal@udec.cl**.

La resistencia a cloranfenicol (CAF) en bacilos Gram negativos (BGN), puede estar mediada por tres mecanismos, siendo el más importante la inactivación enzimática producida por una cloranfenicol acetil transferasa (CAT). Los otros mecanismos, menos prevalentes, se basan en bombas de eflujo codificadas por los genes *cmlA* y *flo*. Estos genes frecuentemente están asociados a integrones. En este trabajo se detectó genes de resistencia a CAF y se relacionó su presencia con integrones clase 1 y 2. Se estudiaron 284 cepas de BGN fermentadores y no fermentadores aisladas entre 1998 y 2001. Se determinó la CMI de CAF utilizando el método de dilución seriada en agar (NCCLS, 2001) y se pesquisó los genes *cat*, *cmlA*, *flo*, *int11* e *int12* mediante PCR, confirmando su presencia por RFLP del amplicón con enzimas de restricción.

El nivel de resistencia en la mayoría de las cepas fue elevado (CMI₅₀ y CMI₉₀ de 128 y 1.024 μl/ml, respectivamente). En 52 % de las cepas se confirmó la presencia del gen *cat*; en cambio, el gen *flo* sólo se detectó en 3 cepas de *A. baumannii* (1 %) y el gen *cmlA* no fue detectado. El 59 % de las cepas posee alguna clase de integrón, pero no se relacionaron con los genes de resistencia a CAF. Este trabajo demuestra que los altos niveles de resistencia a cloranfenicol están, principalmente, mediados por la síntesis de una CAT.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT Nº 1000352.

80. TASAS DE PREVALENCIA DE PATOGENOS ENTÉRICOS EN NIÑOS ASINTOMÁTICOS. (Prevalence rates of enteric pathogens in asymptomatic infants). Morales ME., Troncoso M y Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile. gfiguero@uchile.cl

Introducción: Los portadores fecales de enteropatógenos bacterianos constituyen un reservorio de infección y revelan la prevalencia de estos microorganismos en una comunidad. En si mismos son además una vía de dispersión de patógenos en el ambiente ya que excretan en forma intermitente o continua a estos agentes. Objetivo: Evaluar la prevalencia de enteropatógenos bacterianos en deposiciones de lactantes asintomáticos menores de 2 años. Métodos: Se analizó coprocultivos seriados de 464 niños menores de 18 meses de edad, de nivel socioeconómico bajo. Las muestras fueron obtenidas en tres períodos: 1984-1986 (n=248), 1998-1999 (n=123) y 2002-2003 (n=93). Los cultivos fueron realizados en placas selectivas de agar EMB, MC, XLD, agar sangre con ampicilina, agar Skirrow y en caldo selenito, ellos se incubaron por 24 a 48 h a temperatura y atmósfera adecuada para cada microorganismo. La identificación se realizó mediante pruebas bioquímicas, en el caso de E. coli, Salmonella y Shigella se confirmó por serología y se realizó también ensayos de susceptibilidad a antibióticos por difusión en agar. Resultados: Se encontró una tasa global de portación de enteropatógenos en 93/464 (20%): ECEP en 14%, C. jejuni 4%, Aeromonas hydrophila/sobria 0,6%, Shigella 0,4 % y Salmonella spp 0,2%. La portación de ECEP disminuyó de 18,5% (1984-1986) a 8,6% (2002-2003), siendo los serotipos 0111, 026 y 0142 los más frecuentes. En cambio C. jejuni aumentó su prevalencia de 2% en el período 85-86 a un 12% en el 2003. Conclusión: La portación asintomática de enteropatógenos bacterianos es frecuente en niños que viven en un medio con deficiente saneamiento ambiental. Los resultados indican en el caso de C. jejuni un incremento notable de la infección o portación asintomática y una paulatina disminución de la portación de ECEP.

81. RESISTENCIA A ANTIBIOTICOS EN CEPAS DE Escherichia coli AISLADAS DE COLIMETRIAS EN ANALISIS BACTERIOLOGICO DE AGUAS DE LA X REGION DE CHILE. (Antibiotic resistance in E. coli strains isolated with the MPN method from water samples in the X Region of Chile)

Muñoz, J.¹, González G.¹, Bello H.¹, Domínguez, M.¹, Ernst, R², Ramírez, G.³, Singer, R.⁴

Facultad Cs. Biológicas, Univ. de Concepción. ²Facultad Cs. Veterinarias. Univ. Austral de Chile. ³Servicio de Salud Valdivia. Chile. ⁴Department of Veterinary PathoBiology, University of Minnesota, E.E.U.U jeamunoz@yahoo.com

E. coli es flora normal del intestino de animales, incluyendo el ser humano, y su hallazgo en muestras de agua o alimentos puede indicar contaminación fecal. Su presencia se determina, comúnmente, por el método del número más probable. En este trabajo se seleccionó 214 cepas de *E. coli* aisladas desde tubos positivos para colimetría fecal de muestras de agua de ríos y de consumo humano en diferentes lugares de la X Región de Chile. Se estudió la actividad de 18 agentes antibacterianos por difusión en agar (NCCLS, 2003) y se investigó la presencia de genes de resistencia a antibióticos y de integrones clase 1 y 2, mediante PCR. Se encontró que la frecuencia de cepas resistentes varía de acuerdo al antibiótico ensayado (26,2 % a estreptomicina, 14,5 % a cefradina, 2,8 % a amikacina, 2,3 % a ampicilina 2,3 % a tetraciclina y 0,5 % a gentamicina). Los patrones de resistencia fueron más amplios en las cepas aisladas en lugares con mayor actividad humana y sólo una cepa presentó integrón clase 2, en tanto que, no se encontró integrones clase 1. Se detectó los genes *aadA1*, *bla_{TEM}* y *tet A*. Se concluye que la mayor amplitud de los patrones de resistencia se podría deber a la adquisición de genes de resistencia provenientes de cepas de ambientes con mayor presión selectiva.

Financiamiento University of Illinois Research Board; USDA National Research Initiative Competitive Grant (00-35212-9398).

82. SUSCEPTIBILIDAD DE Arcobacter butzleri A 6 ANTIMICROBIANOS. (Susceptibility of Arcobacter butzleri to six antimicrobials).

Otth, L, Wilson M, Cancino R, Fernández H

Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. lotth@uach.cl

Arcobacter butzleri ha sido aislado en muestras de sangre y de deposiciones de pacientes inmunocomprometidos. Las vías de transmisión para el hombre están dadas por el consumo de alimentos y aguas contaminadas, y sólo unos pocos estudios se refieren al comportamiento de esta especie frente a los antimicrobianos.

Nosotros estudiamos el comportamiento de 50 cepas de *A.butzleri* aisladas de deposiciones de diferentes animales, mariscos, macerados de hígado de pollo y agua, frente a ampicilina, ciprofloxacino, cloramfenicol, eritromicina, gentamicina y tetraciclina, utilizando el método de doble difusión en agar descrito por Kirby y Bauer

Los resultados obtenidos muestran que los 2 antimicrobianos de menor potencia *in vitro* fueron cloramfenicol y ampicilina, con un 100 y 92 % de cepas resistentes, respectivamente, y que los 2 más activos fueron gentamicina y tetraciclina frente a los cuales no se encontró cepas resistentes. Además a través del método de la cefalosporina cromógena - se pudo establecer que de las 46 cepas resistentes a ampicilina, solo 2 fueron productoras de esta enzima

Financiamiento: Proyectos FONDECYT 1030245 y DID-UACh S-2001-33

83. ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE HERRADURAS DE COBRE (Antibacterial activity of copper horseshoes) Rivas P, Acuña M, Figueroa A, Troncoso M, Cárdenas M,Ruiz M y Figueroa G. Lab. de Microbiología, INTA, Universidad de Chile — patocarolina@yahoo.es

Patologías infecciosas pueden afectar al casco de los caballos. Estudios recientes demuestran que el cobre metálico o sus aleaciones ejercen efecto antibacteriano sobre Escherichia coli O157:H7, Salmonella enterica y Campylobacter jejuni. Objetivo: Evaluar la actividad antibacteriana de herraduras de cobre sobre los agentes que causan patologías en el casco. Métodos: Se evaluaron 40 muestras de tejido de casco de caballos, 20 experimentales herrados con cobre y 20 controles herrados con hierro. Se identificó y cuantificó cualitativamente la presencia de agentes aerobios y anaerobios. Se determinó la susceptibilidad in vitro a SO₄Cu de 11 cepas del grupo experimental y 12 del grupo control. Se empleo la técnica de dilución en caldo con concentraciones de SO₄Cu entre 62.5 y 16000 µM. Resultados: En el grupo herrado con cobre hubo escaso desarrollo microbiano, solo 2/20 (10%) tenían Klebsiella mientras que en el grupo control fue abundante, 19/20 (95%) mostraron presencia de una o más Enterobacteriaceas, con E. coli y Proteus (60%). En el caso de Bacillus sp fue detectado en el grupo experimental en 9/20 (45%) en escasa cantidad, mientras que en el grupo control se asiló en 15/20 (75%) con abundante desarrollo. S. aureus solo se detectó en el grupo con hierro. Con respecto a los anaerobios C. novvi fue aislado en el grupo experimental en escasa cantidad mientras que, en el grupo control C. perfringens en abundante cantidad. B. gracilis fue identificada en ambos grupos, con menor desarrollo en el grupo con cobre. Las CIM para el cobre oscilaron entre 4000 y 8000 µM sin mostrar diferencias entre ambos grupos. Conclusión: El escaso desarrollo bacteriano así como la ausencia de cultivos polimicrobianos en el grupo de caballos herrados con cobre a diferencia del grupo control, sugieren que este metal ejerce una acción antibacteriana local sobre los agentes patógenos. Financiamiento: **PROCOBRE**

84. SUSCEPTIBILIDAD DE Arcobacter butzleri A METALES PESADOS. (Susceptibility of Arcobacter butzleri to heavy metals).

Solís G, Fernández H y Otth L. Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. e-mail: gabys20@yahoo.com

El género Arcobacter es considerado como patógeno emergente capaz de producir diarreas en humanos y distintos cuadros infecciosos en animales. Se aísla frecuentemente de deposiciones de animales, carcasas de pollos, mariscos filtradores y aguas contaminadas. En este trabajo se determinó la susceptibilidad de 50 cepas de A. butzleri aisladas de diferentes reservorios frente a Mercurio (Hg), Cromo (Cr), Plata (Ag), Fierro (Fe), Niquel (Ni), Cobalto (Co), Molibdeno (Mo), Manganeso (Mn) y Plomo (Pb) mediante el método de doble dilución en agar. Los rangos de concentración usados fluctuaron entre 100 y 0.01 mmol/l. Los resultados mostraron que el 100% de las cepas fueron resistentes a Mo, Mn, Ni, Co, Pb y Fe, en cambio la totalidad de las cepas fue sensible a Hg, Cr y Ag. El comportamiento de las cepas frente a la mayoría de los metales pesados fue poco homogéneo ya que se encontró una gran dispersión en los valores de CIM obtenidos.

La importancia de este estudio radica en contribuir en alguna medida a un mayor conocimiento sobre la susceptibilidad de *Arcobacter sp.* a metales pesados y su relación con el medio ambiente del cual es normalmente aislada.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1030245.

85. ANTICUERPOS IGA ESPECÍFICOS PARA LPS DE Yersinia enterocolitica Y OTRAS BACTERIAS ARTRITOGÉNICAS EN PACIENTES DEL COMPLEJO SANITARIO SAN LUIS (ARGENTINA). (IgA antibodies to LPS of Yersinia enterocolitica and other arthritogenic bacteria in patients of Complejo Sanitario San Luis (Argentina)).

Di Genaro, M.S.*, Tamashiro H.**, Lacoste G.*, Feas S.**, Stefanini de Guzmán, AM.*

* Area Microbiología. Fac. de Química, Bioquímica y Farmacia. Universidad Nacional de San Luis. Chacabuco y Pedernera. (5700) San Luis. Argentina.** Complejo Sanitario San Luis. Av. Caídos en Malvinas. (5700) San Luis, Argentina. sdigena@unsl.edu.ar

Infecciones por Yersinia enterocolitica, Salmonella Enteritidis y Shigella flexneri pueden desencadenar artritis reactiva (ARe). El lipopolisacárido (LPS) es uno de los antígenos artritogénicos. Elevada respuesta de IgA es característica de ARe. El objetivo fue investigar la presencia de IgA específica para LPS de Y. enterocolitica, S. Enteritidis y S. flexneri en pacientes con artropatías del Complejo Sanitario San Luis. Se analizaron 45 sueros (36 FR negativo y 9 FR positivo) y 42 líquidos sinoviales (LS) [5 de pacientes con espondiloartropatías (SpA), 17 con artritis reumatoidea (AR) y 20 con artrosis]. Se investigó por ELISA la presencia de IgA específica para LPS de Y. enterocolitica O:8, O:9, O:5, S. Enteritidis y S. flexneri. El punto de corte fue calculado empleando sueros normales o LS de pacientes con artrosis. Se demostró respuesta de IgA específica para LPS de Yersinia en 11 sueros FR(-) y 1 FR(+), y para LPS de Shigella en 2 sueros. IgA anti-LPS de Shigella fue detectada en 1 LS de un paciente con SpA y en 3 con AR. Se concluye que infecciones por Yersinia u otras bacterias artritogénicas podrian ser la causa de enfermedades articulares regionales.

Financiamiento: Universidad Nacional de San Luis. Proyecto 8803.

86. Salmonella typhi INTERACTÚA CON UN MYXOMYCETE AISLADO DEL MEDIO AMBIENTE. (Salmonella typhi can interact with a free living myxomycete).

Tesser B., Villagra N., Mora G.

Unidad de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile.

Santiago.

Salmonella typhi es el agente etiológico de la fiebre tifoidea y es además un patógeno intracelular facultativo que tiene por único hospedero conocido al ser humano. Basados en la similitud con otros patógenos bacterianos, postulamos que S. typhi posee reservorios alternativos entre los protozoos que habitan en los cursos de agua que normalmente habita la bacteria. Métodos: Se hicieron incubaciones de una cepa de S. typhi marcada con la proteína verde fluorescente (GFP), en muestras de agua de diferente origen y ricas en protozoos. Mediante microscopía de epifluorescencia y subcultivos en medio sólido (placas de agar suplementadas con Escherichi coli muerta) se aislaron aquellos organismos que acumulaban la bacteria y en los cuales esta persistía por más de una semana. Resultados: Al cultivar S. typhi con una muestra de agua proveniente del Canal San Carlos, se determinó que la bacteria persistía asociada a un cuerpo amorfo, pero móvil, el cual presentaba afinidad por Rojo Congo. Subcultivos de esta entidad sobre medio sólido permitieron aislar a un organismo con varios estadios de desarrollo: esférula, ameba, plasmodio y un cuerpo fructífero. Lo cual concuerda con las etapas de desarrollo de un mixomicete. Incubaciones de S. typhi, marcada con GFP, con el microorganismo aislado confirman que la bacteria se concentra en este organismo. Como producto de esta asociación la bacteria se protege de la acción de 3 bacteriófagos Conclusión: S. typhi interactúa físicamente con un mixomicete ambiental y en él se protege de la acción de tres bacteriófagos.

Financiamiento: Fondecyt Nº 1020485. Bruno Tesser es becario de DIPUC.

87. INTERFERENCIA DE Salmonella thyphimurium EN LA FUNCIÓN DE LA CÉLULA DENDRÍTICA COMO MECANISMO DE EVASIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE MEDIADA POR LINFOCITOS T (Interference of Salmonella typhimurium in dendritic cell function as a mechanism of T-cell mediated immune evasion). Tobar J., Jakovljevic T., González P, Sanhueza A. y Kalergis A. Laboratorio de Inmunogenética Molecular, Unidad de Microbiología, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, P. Universidad Católica de Chile. kalergis@genes.bio.puc

La célula dendrítica (DC) es la principal presentadora de antígenos bacterianos a linfocitos T vírgenes. Dado que este proceso es clave para la adquisición de inmunidad antibacteriana, el desarrollo de mecanismos de escape al procesamiento por la DC sería una estrategia ventajosa para patógenos bacterianos. En este trabajo investigamos la capacidad del patógeno intracelular facultativo Salmonella enterica serovar Typhimurium (S. Typhimurium) de escapar al procesamiento y presentación de antígenos por parte de las DCs. Evaluamos la capacidad de las DCs de ratón de capturar bacterias, procesar antígenos derivados de éstas y presentárselos a linfocitos T. Como modelo utilizamos cepas recombinantes de S. Typhimurum que expresan, ya sea Ovalbúmina (OVA) o GFP, en forma constitutiva. Estas cepas recombinantes permiten seguir la presentación de antígenos bacterianos a linfocitos T (con Salmonella-OVA) o detectar la localización de las bacterias en el interior de la DC (con Salmonella-GFP). Nuestros resultados muestran que Salmonella interfiere con la capacidad de la DC de activar linfocitos T específicos para antígenos bacterianos. Como mecanismo de inhibición, Salmonella evita la degradación de proteínas bacterianas y la complejos péptido-MHC cargados con péptidos derivados de la bacteria. Apoyan este mecanismo estudios de microscopía confocal que demuestran la ausencia de colocalización entre Salmonella y marcadores lisosomales. Además, microfotografías electrónicas muestran a la bacteria intacta residiendo en una vacuola espaciosa dentro de la DC. Estos resultados describen una nueva e importante estrategia en la patogenicidad de Salmonella, por la cual la bacteria podría evadir la iniciación de la respuesta inmune adquirida. Financiado por Proyecto DIPUC 2002/11E, FONDECYT 1030557, FONDAP 13980001

FRECUENCIA DE β-LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO (βLEE) EN 88. SUBESPECIES DE Klebsiella pneumoniae HOSPITALARIAS Y DE LA COMUNIDAD. (Frequency of extended-spectrum β-lactamases from nosocomial and community subspecies of Klebsiella pneumoniae). Trabal N¹., Bello H.¹, Domínguez M.¹, Mella S.², Zemelman R.³, González G. Depto. de Microbiología, Fac. Cs. Biológicas, Depto. Medicina Interna. Fac. Medicina. U. de Concepción. 3 Fac. Cs. y Tecnología. U. San Sebastián. Concepción. Chile. natiaf@lycos.com K. pneumoniae es un importante patógeno causante de enfermedades infecciosas cuyo aislamiento ha aumentado en las últimas dos décadas debido, principalmente, a la producción de βLEE, lo que la hace resistente a cefalosporinas de tercera generación. El objetivo de este trabajo fue determinar la frecuencia de βLEE en subespecies de K. pneumoniae de origen hospitalario y no hospitalario. Se identificaron 84 cepas hospitalarias y 20 cepas provenientes de laboratorios clínicos privados entre el 2002-2003. Se determinó los patrones de resistencia a diferentes antibióticos β-lactámicos y se estudió la presencia de BLEE mediante pruebas screening y confirmatorias recomendadas por el NCCLS (2003). En las cepas hospitalarias y de la comunidad la subespecie predominante fue pneumoniae (84,5% y 85%, respectivamente); en cambio, las subespecies rhinoscleromatis y ozaenae fueron muy poco frecuentes. El 84 % de las cepas hospitalarias fue resistente a ampicilina; en cambio, la resistencia a cefalosporinas fue menor: 40 % a cefalotina, 30 % a cefuroxima, 25 % a cefpodoxima, cefotaxima y ceftazidima. De estas últimas solo el 28 % produce BLEE. Las cepas aisladas en la comunidad son mayoritariamente susceptibles y no producen βLEE. Se concluye que las cepas de K. pneumoniae productoras de βLEE solo se aíslan desde el ambiente hospitalario. Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1020454.

89. INFECCIÓN POR Campylobacter jejuni EN PACIENTES CON SÍNDROME DE GUILLAIN-BARRÉ (Campylobacter jejuni infection in GBS patients). Troncoso M., Reyes A., López M., Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile. mtronco@ inta.cl

Campylobacter jejuni (Cj) es un importante agente de diarrea y también se asocia a patologías severas como el Síndrome de Guillain Barré (SGB), una polineuropatía que suele desencadenarse luego de la enteritis. Objetivo. Evaluar la tasa de infección a Ci en pacientes con diagnóstico confirmado de SGB o neuropatía desmielinizante. Métodos: Se estudió 67 pacientes con diagnóstico clínico de SGB de Hospitales y Clínicas de Santiago. Se incluyó a 18 menores de 7 años (grupo A): 14 niños entre 8 y 15 años (grupo B), 21 adultos jóvenes de entre 20 y 40 años (grupo C) y 14 adultos mayores de entre 45 y 80 años (grupo D). La infección por Cj se confirmó mediante serología y coprocultivo (agar Skirrow a 42°C en microaerofilia). Los niveles de IgG para Cj y GM₁ se determinaron mediante ELISA. Se comparó los resultados con sueros de individuos asintomáticos pareados en edad. Los valores de corte para cada grupo etario se calcularon con sueros de individuos no infectados. Resultados. Se detectó una alta tasa de anticuerpos IgG séricos para Ci en los 67 pacientes (63%), siendo de 72, 71, 52 y 57% para los grupos A, B, C y D respectivamente. Por el contrario, los individuos asintomáticos presentaron una menor frecuencia de infección (34% en niños y 18% en adultos). Cj fue aislado en 6/45 (13%) de los casos. En 18/25 (72%) de los LCR estudiados se demostró anticuerpos para Cj. Se detectó anticuerpos para el gangliósido GM1 en 23, 10, 36 y 38% de los casos Cj+ en los grupos A, B, C y D Conclusión: La presencia de anticuerpos anti-gangliósido y la alta tasa de seropositividad para Cj en casos de GBS parecen confirmar el rol de Campylobacter jejuni en la génesis de esta patología.

90. RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN BACILOS GRAM NEGATIVOS (BGN) AISLADOS DESDE PREDIOS LECHEROS DE LA PROVINCIA DE ÑUBLE (Antibiotic resistance among strains of Gram-negative bacilli isolated from milk state from Ñuble county)

Viera A.¹, Cerda, F.¹, Bello, H.², Domínguez, M.², González, G.²

¹Depto. Ciencias Pecuarias. Facultad de Medicina Veterinaria, Campus Chillán. ² Depto. de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. aviera@udec.cl

En la Provincia de Ñuble existe alta prevalencia de mastitis subclínica, cuyos principales agentes etiológicos son *Staphylococcus aureus* y BGN, principalmente enterobacterias, que poseen amplios y variados perfiles de resistencia a antibióticos. Se estudió, mediante difusión en agar, la actividad de diversos antibióticos de uso común en lecherías: ampicilina (AMP), sulfa-trimetoprim (STM), estreptomicina (ESM), tetraciclina (TET), cefoperazona (CPZ) y enrofloxacino (ERF) y otros agentes que permitieron dilucidar los mecanismos de resistencia de las cepas. Se aisló 384 cepas de BGN desde leche y se seleccionó e identificó 48 cepas (12.5 %) con el requisito de presentar resistencia a dos o más antibióticos. Se encontró cepas de los géneros *Escherichia* (18.8 %), *Enterobacter* (16.6 %), *Serratia* (18.8 %), *Shigella* (2.1 %), *Proteus* (2.1 %), *Citrobacter* (8.3 %), *Klebsiella* (6.3 %), *Hafnia* (2.1 %), *Pseudomonas* (16.6 %) y otros BGN (2 %). La mayor frecuencia de resistencia correspondió a ESM (54.2 %), seguido de AMP (50 %), CPZ (37,5 %), TET (10,4 %) y ERF (2 %). No se encontró cepas resistentes a SMT; sin embargo, sí cepas sólo resistentes a sulfadiazina o trimetoprim (12 %). Se concluye que los principales mecanismos de resistencia involucrados son enzimáticos y bombas de eflujo.

91. VARIABLES QUE INFLUYEN EN EL DESARROLLO DE Saprolegnia SP. Y DETERMINACIÓN DE CONCENTRACIONES INHIBITORIAS MÍNIMAS. (Variables that influence in the development of Saprolegnia sp. and determination of minimum inhibiting concentration). Alvarez E.¹, Zaror L¹, Bohle H.², Landskron E³., Avendaño F.⁴y Gómez A.⁵ Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina. Universidad Austral de Chile. lzaror@uach.cl. ²ADL Diagnostic Chile Ltda., Castro. ³Novartis Chile S.A Pto. Varas. ⁴Marine Harvest Chile S.A., Puerto Montt. ⁵Aquatic Health Chile S.A., Puerto Varas.

Las micosis de los peces son un tema complejo y poco estudiado en acuicultura. Esto obedece fundamentalmente al desconocimiento de los agentes etiológicos, a la escasez de ictiomicólogos y a la dificil prevención y control de la saprolegniasis. La saprolegniasis es una enfermedad superficial, con desarrollo de micelio blanco, en cabeza y aletas, causada principalmente por *Saprolegnia parasitica*. Se estudiaron 50 cepas de *Saprolegnia sp*, provenientes de ovas y peces adultos de especies salmonídeas, cultivadas en el sur de Chile. Fueron sembradas en distintos agares, para evaluar desarrollo, fructificaciones y pigmentación. Se cultivaron en agua adicionada de mitades de semillas de cáñamo, para observar estructuras sexuadas para su identificación. Todas las cepas correspondieron a *Saprolegnia parasitica*. Se evaluó, espectrofotométricamente, velocidad de crecimiento en medios líquidos. El desarrollo óptimo fue al día 9. Se determinó las C.I.M. de formalina, NaCl, H₂O₂, Bronopol y HB1 por diluciones seriadas. Con formalina no se observó desarrollo a 1000-1500 μL/L. En H₂O₂ a 500 y 1000 μL/L no se observa desarrollo. Todas las cepas fueron susceptibles a Bronopol a concentración de 10 mg/L. HB1 purificado, presentó CIM de 0,000625g/mL (dilución 1/64). Las 50 cepas no crecieron a salinidades superiores al 1,8 %.

92. IDENTIFICACION DE ESPECIES DE Candida AISLADAS DE PACIENTES CON ESTOMATITIS SUBPROTESICA. (Identification of Candida Species Isolated from Patients with Subprothesic Stomatitis). Cancino J., Brevis P., Abaca P. Laboratorio de Micología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Talca. pbrevis @utalca.cl

La estomatitis subprotésica es una de las alteraciones que con mas frecuencia se diagnóstica en patología oral, afectando entre un 2,5 a 72 % de los pacientes portadores de prótesis. Se caracteriza por un área eritematosa y atrófica bajo la zona del soporte protésico. La presencia de *Candida albicans* es considerada como el factor principal en la aparición de la estomatitis subprotésica.

El universo de estudio correspondió a 100 pacientes desdentados parcial o totalmente, portadores de prótesis removibles acrílicas o metálicas, que acudieron por atención odontológica al Centro de Clínicas Odontológicas de la Universidad de Talca y al Departamento de Prótesis del Hospital Regional de Talca. Las muestras fueron recolectadas desde la mucosa palatina con tórula estéril, siendo sembradas en Chromagar Candida, posteriormente a las colonias que se desarrollaron se les realizó las pruebas del tubo germinal y auxonograma. De los 100 pacientes estudiados, el 75% presentaban la mucosa alterada por estomatitis subprotésica, obteniéndose de estos un 60% de cultivos positivos. De las 40 muestras con cultivos positivos, 30 correspondieron a Candida albicans (75%), 6 a Candida tropicalis (15%) y 4 a Candida albicans, Candida tropicalis (10%). A todas las cepas de Candida se les realizó un estudio de sensibilidad a Nistatina y Fluconazol, en agar RPMI 1640-glucosa utilizando discos Sensitab. El 100% de las cepas de Candida fueron sensibles a ambos antimicóticos.

93. SUSCEPTIBILIDAD IN VITRO A ITRACONAZOL, FLUCONAZOL Y KETOCONAZOL DE CEPAS DE Candida SPP AISLADAS DE MUESTRAS CLÍNICAS EN ANTOFAGASTA. (In vitro susceptibility to itraconazole, fluconazole and ketoconazole de Candida spp strains isolates from clinical simples in Antofagasta. Collado D., Martínez Y., Rodríguez C., Becerra S. y Silva S. Depto. de Tecnología Médica – INDES, Universidad de Antofagasta (jsilva@uantof.cl)

Las infecciones micóticas de tipo oportunista han adquirido una importancia creciente en patología médica. El género Candida es uno de los más recurrente, aislándose con mayor frecuencia *C. albicans*, pero también se reportan infecciones por *C. tropicalis*, *C. parapsilosis*, *C. glabrata* y *C. Famata*. El propósito de este trabajo era conocer la prevalencia de especies de *Candida* causantes de micosis en Antofagasta y determinar su susceptibilidad a antimicóticos. Se incluyeron 88 cepas de levaduras identificadas como *Candida* spp de distintos Centros de Salud de Antofagasta, las que fueron identificadas por el sistema API Candida (Biomerieuex) y prueba de la filamentación. La susceptibilidad in vitro a itraconazol, fluconazol y ketoconazol se determinó por una técnica de dilución seriada en placa. Se identificaron 67 cepas de *C. albicans* (76,1 %), 9 cepas de *C. glabrata* (10,2 %), 8 cepas de *C. famata* (9,1 %), 3 cepas de *C. tropicales* (3,4 %) y 1 cepa de *C. parapsilosis* (1,1 %). Fluconazol fue el más activo de los antimicóticos contra todas las especies de *Candida*. La resistencia fluctúa entre 10,4 a 33,4 %, encontrándose cepas resistentes a más de 256 µg/ml de fluconazol. *C. glabrata* presentó la mayor resistencia de todas las especies ensayadas.

94. CARACTERIZACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA SOBRE Botrytis cinerea DE ANTRAQUINONAS E HIDROANTRAQUINONAS SINTÉTICAS. (Characterization of antifungal activity against Botrytis cinerea of synthetic anthraquinones and anthrahydroquinones). Lagos C., Mendoza L., Araya R. y Cotoras M. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. mcotoras@lauca.usach.cl

Botrytis cinerea es un hongo fitopatógeno ampliamente distribuido en Chile. El uso indiscriminado de fungicidas para controlar las enfermedades causadas por este hongo ha generado cepas resistentes a estos fungicidas. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de antraquinonas e hidroantraquinonas sintéticas sobre B. cinerea y estudiar el posible mecanismo de acción de un compuesto activo contra este hongo. Métodos: En este trabajo se utilizó seis antraquinonas y seis antrahidroquinonas sintéticas, las que fueron incorporadas a los medios de cultivo y se determinó el porcentaje de inhibición del crecimiento micelial y de la germinación en B. cinerea. Resultados: Todos los compuestos estudiados inhibieron el crecimiento micelial. La mayor inhibición fue causada por derivados de antraquinona de naturaleza más apolar. Sólo alguno de estos compuestos inhibieron la germinación. Sin embargo, no hubo correlación entre la polaridad de la molécula y la capacidad de inhibir la germinación. El mecanismo de acción, se estudió con el compuesto 4,4-dimetil-antra-1(4H)ona, que inhibe el crecimiento micelial y la germinación de B. cinerea. Se determinó que este compuesto provocó salida de fósforo desde el micelio y que este efecto no se debería a una interacción directa del compuesto con los lípidos de la membrana. Conclusión: Estos estudios pueden contribuir, en un futuro, al diseño de nuevos compuestos con actividad fungicida contra este hongo. Financiamiento: Proyectos Nº C/2807-2 y Nº F/3115-1 de la IFS

SEÑALES INVOLUCRADAS EN LA GERMINACIÓN DE CONIDIOS DE Botrytis 95. cinerea.(Germination signaling in Botrytis cinerea conidia). García C. y Cotoras M. Departamento de Universidad Santiago Ouímica y Biología, de de Facultad Biología,

mcotoras@lauca.usach.cl

Botrytis cinerea es un hongo fitopatógeno que infecta las partes aéreas de más de doscientas especies de plantas. La germinación es uno de los eventos principales en la colonización de un vegetal por un hongo fitopatógeno. En estudios previos realizados con los aislados U5, U1 y U11 de B. cinerea se demostró que tienen diferentes requerimientos para germinar. U11 germina en agua. En cambio, U5 y U1 requieren de una fuente de carbono. El objetivo de este trabajo fue identificar procesos y/o señales que estimulan la germinación de estos conidios de B. cinerea. Métodos: Para realizar estos experimentos se determinó el porcentaje de germinación de los conidios de B. cinerea en presencia de inhibidores o activadores de la transcripción, traducción o de vías de transducción de señales. Resultados: La germinación en los tres aislados estudiados fue estimulada por el contacto con una superficie sólida, ya que la velocidad de germinación fue mucho mayor en medios de cultivo sólidos que en líquidos. Para la germinación de los tres aislados se requiere de la síntesis de proteínas y no de la síntesis de RNA, probablemente estos conidios poseen un pool de mRNA preexistentes. Finalmente, los resultados de este estudio sugieren que en la germinación de los aislados U5 y U1, no así en U11, participaría una protein kinasa dependiente de cAMP y no señales de Ca⁺² mediadas por la fosfolipasa C. Conclusión: Existen diferencias en los requerimientos de germinación en los aislados de B. cinerea analizados, como también en las señales involucradas en este proceso. Estos estudios pueden contribuir, en un futuro, al diseño de nuevos compuestos con actividad fungicida contra este hongo. Financiamiento: Proyecto IFS Nº C/2807-2 y Proyecto DICYT de la Universidad de Santiago de Chile.

MICROEVOLUCIÓN Y SUSCEPTIBILIDAD A FLUCONAZOL EN CANDIDA ALBICANS AISLADAS DE INDIVIDUOS INMUNOCOMPETENTES. (Microevolution and susceptibility to Fluconazole in Candida albicans from the immnunocompetent individuals). Tapia, C., Vidal, M., Díaz, M.C., Abarca, C., Silva, V. y Hermosilla, G. Programa de Microbiología y Micología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago,

Chile. E-mail: cetapia@machi.med.uchile.cl

Candida albicans es una levadura comensal que puede causar infecciones superficiales o severas principalmente en individuos inmunocomprometidos. Actualmente, Fluconazol es una de los antifungicos usados con mayor frecuencia para tratar el cuadro clínico de candidiasis, debido a que puede ser suministrado vía oral y carece de efectos secundarios no deseados. En nuestro país ya se ha registrado la aparición cepas resistentes a Fluconazol. Por otro lado, algunos estudios en esta levadura, han revelado pequeñas variaciones genéticas entre colonias de origen clonal, fenómeno denominado microevolución, cuyo significado biológico es desconocido, aunque se ha sugerido su relación con la emergencia de cepas resistentes.

Nuestro objetivo fue evaluar la microevolución en cepas de C. albicans aisladas desde la cavidad oral de individuos sanos, mediante genotipificación por RAPD, y posteriormente, estudiar la susceptibilidad

a Fluconazol, con el fin de evaluar su relación con la microevolución.

De 94 individuos inmunocompetentes analizados, 14 (14,9 %) mostraron colonización por C. albicans. Se utilizó como estrategia el análisis múltiple de colonias-simples, desde los individuos I-18, I-44 e I-91. Nuestros resultados revelaron microevolución, con valores de SAB promedio de 0,94±0,04, 0,95±0,06 y 0,94±0,03, para los individuos 18, 44 y 91, respectivamente. Todas las colonias analizadas del individuo I-44 fueron sensibles a Fluconazol, con CIM ≤ 0,25 μg/ml. Por otro lado, todas las colonias analizadas de los individuos I-18 e I-91, también fueron susceptibles a Fluconazol, pero 4 y 2 colonias, respectivamente, presentaron un valor CIM ≤ 0,5 µg/ml, mientras que las restantes exhibieron un CIM ≤ 0,25 μg/ml. No se detectó correlación entre los valores CIM y algún genotipo particular. Nuestros resultados son importantes para comprender como C. albicans desarrolla resistencia a los antifungicos.

97. ESTUDIO COMPARATIVO DE LA ACCIÓN DE MUPIROCINA Y NISTATINA SOBRE DIFERENTES CEPAS DE Candida albicans. (Comparative Study of the Mupirocin and Nistatin Action on Differents Candida albicans Strains).

Toledo P, Albornoz M, Brevis P, Abaca P. Laboratorio de Micología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Talca. pbrevis@utalca.cl

Recientes publicaciones científicas han destacado la acción de mupirocina en el tratamiento de la candidiasis perianal causada por *Candida albicans*.

En este trabajo se estudió la sensibilidad de 46 cepas de *C. albicans* de origen clínico frente a Mupirocina y Nistatina a través de la prueba de Nathan de difusión en agar-placa.

En placas de agar Mueller-Hinton que contenían un inóculo de *C. albicans* (10⁴/ml), se hicieron dos pocillos de 6 mm. de diámetro inoculándose en cada uno: 12-15 mg de pomada de mupirocina al 2% y de crema de nistatina (100.000 U/gr). Las placas de agar se incubaron a 30°C durante 18 h y luego se examinaron las zonas de inhibición. La pomada de mupirocina tópica produjo una zona de inhibición media de 28 mm mayor que la crema de nistatina que produjo una zona de inhibición media de 18 mm. Se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) de mupirocina frente a las 46 cepas de *C.albicans* usando el método de dilución en tubo. Dado que en la candiadasis perianal se suelen presentar infecciones secundarias bacterianas especialmente por *Staphylococcus aureus*, se realizó un estudio de sensibilidad al mupirocina a 40 cepas de *S. aureus* meticilina resistente aisladas de muestras clínicas del Hospital de Talca. Se utilizó el método de difusión en agar, con discos de mupirocina de 5 ug. Los resultados indicaron que el 100% de las cepas de *S. aureus* meticilina resistente eran sensible a mupirocina.

98. CARACTERISTICAS FISICOQUÍMICAS DE LA ADHESIÓN DE Candida albicans in vitro. (Chemicals-physicals Characteristics of the Adhesion Candida albicans in vitro).

Sepúlveda V.; Abarza J.; Brevis P. Universidad de Talca, Facultad de Ciencias de la Salud, Escuela de Tecnología Médica. xvirus@terra.com

La adherencia de *Candida albicans* es un paso importante que precede a la colonización e infección de este patógeno oportunista. Son muchos los factores que pueden modificar este fenómeno *in vitro*. El objetivo de este trabajo fue conocer la influencia que tiene tanto el pH como la temperatura en la adherencia de *Candida albicans* a células epiteliales *in vitro*. Se trabajó con células epiteliales bucales y vaginales, junto con cepas de levaduras obtenidas desde infecciones vaginales y de estomatitis subprotésica tipo III, según la técnica de Gibbons y Van Houte con algunas modificaciones. En el ensayo se estudió la adherencia a temperaturas a 25°C y 37°C y a los pH de 4.3, 7.2 y 8.6. Los resultados obtenidos sugieren que *Candida albicans* obtenidas de secreción vaginal se adhieren mejor a pH 4.3 y 7.2 a temperaturas de 25°C y 37°C respectivamente, cuando son enfrentadas con células epiteliales vaginales y a células epiteliales bucales. En tanto, las células obtenidas de estomatitis subprotésica tipo III el pH y la temperatura óptimas son similares a los resultados anteriores. Como conclusión, se puede decir que *Candida albicans* expresa diferencias en su adherencia dependiendo de las características fisicoquímicas donde se encuentra *in vitro* lo cual es importante como factores predisponentes en la colonización de dicho patógeno.

99. EFECTO DE LA CAPACITACIÓN SOBRE ALGUNOS PARÁMETROS MICROBIOLÓGICOS EN UNA QUESERÍA ARTESANAL DE LA COMUNA DE VILLARRICA, IX REGIÓN. (Training's effects on some microbiological parameters in a handmade cheese of Villarrica commune, IX Region). Betancourt O. y Quijada C. Escuela de Medicina Veterinaria. Universidad Católica de Temuco. Montt 056. Temuco. Obetanco@uct.cl

En la provincia de Cautín, la mayoría de las queserías artesanales, autorizadas por el Servicio de Salud del Ambiente, presentan serias deficiencias en la carga microbiana de la materia prima y producto final, lo que indica fallas en las Buenas Prácticas de Manufactura. En esta experiencia se evaluó el efecto de la capacitación de lecheros proveedores y queseros sobre la carga total y de coliformes en leche cruda, pasteurizada y quesos de 20 días de maduración, en una quesería de Villarrica. Las muestras fueron colectadas asépticamente, mantenidas en refrigeración y enviadas al Laboratorio, donde se prepararon baterías de diluciones para proceder a su análisis, según criterios microbiológicos expresados en el Reglamento Sanitario de los Alimentos y metodología indicada en el Manual de Técnicas Microbiológicas para Alimentos y Aguas del ISP. Los resultados indican que la carga microbiana de la leche que recibe el fabricante de quesos es alta y no mejora posterior a la capacitación, lo que sí ocurre con la calidad de la leche pasteurizada (RAM y coliformes fecales/mL) y con el recuento de Enterobacterias (<2,5 x 10³ ufc/mL), y de Escherichia coli (<3 E. coli/gr) en el caso de los quesos. Es probable que los tópicos de Buenas Prácticas de Elaboración y Sanitización e Higiene abarcados durante la capacitación influyeran positivamente en los resultados. No obstante, aspectos como infraestructura y la racionalidad en la línea de proceso, que influyen en la carga microbiana, no siempre son responsabilidad del manipulador y, por lo tanto, no influenciadas por esta capacitación.

100. CONTRIBUCIÓN AL ESTUDIO DE LA PRESENCIA DE Listeria monocytogenes EN LONGANIZAS FABRICADAS EN LA CIUDAD DE TEMUCO, IX REGIÓN. (Contribution to the study of Listeria monocytogenes presence in sausages manufactured in Temuco city, IX Region). Betancourt O., Muñoz F. y Villagrán K. Escuela de Medicina veterinaria. Universidad Católica de Temuco. Montt 056, Temuco. Obetancour@ct.cl

En los últimos años ha aumentado la importancia de la listeriosis como ETA y en Chile ya se ha reportado la presencia de L. monocytogenes en alimentos de diverso origen. El objetivo de este estudio fue aportar información sobre la presencia de la bacteria en un producto de alto consumo (longanizas artesanales) en la ciudad de Temuco. Las muestras provinieron de 12 fábricas de longanizas común artesanal y fueron colectadas en bolsas estériles, mantenidas a 4°C y enviadas al Laboratorio (primavera-verano 2002). Para el aislamiento e identificación de L. monocytogenes se usó la metodología aprobada por el FDA, con incubación previa de 25 g de muestra en 225 mL de caldo selectivo de preenrriquecimiento para Listeria, pero a 30° C. Posteriormente, se sembró este caldo en agares selectivos Oxford y Palcam y se incubó a 35°C. Las colonias típicas fueron sometidas a pruebas de identificación: Gram, catalasa, motilidad en caldo a 25° C (en tumbos), fermentación de manitol, ramnosa y xilosa, hemólisis en agar sangre de cordero al 5%, y Test de CAMP con S. aureus. Del total de muestras analizadas se aislaron 64 cepas de L. monocytogenes y 4 cepas de L. innocua. Estos resultados indican que la presencia de L. monocytogenes en alimentos cárnicos en Temuco es alta, e indicaría que las materias primas, los procesos de manufactura y los procedimientos de higienización son deficientes y poco controlados. Se considera que el riesgo de listeriosis en Chile transmitida por ingesta de alimentos contaminados ha sido subestimada y requiere mayor estudio. Financiado por Proyecto DIUCT 2002-3-03.

101. CALIDAD MICROBIOLÓGICA DE QUESOS DE CABRA DE LA LIGUA, V REGIÓN, CHILE. (Microbiological Quality of Cheeses of Goat of La Ligua, V Region, Chile). Cid M., Irarrazabal C., Acevedo F., Astete E. Laboratorio Ambiental, Departamento Subdirección Ambiental, Servicio de Salud Viña del Mar-Quillota. Correo electrónico: labo@ssvq.cl

En los sectores rurales de La Ligua (V Región) existe una producción artesanal de quesos, los que son distribuidos en diversas zonas urbanas. Es sabido que la inadecuada elaboración, manipulación y maduración de ellos pueden provocar severos riesgos a la salud de los consumidores; de hecho, estos quesos están considerados como aquellos de mayor riesgo. El objetivo de este trabajo fue evaluar la calidad microbiológica de quesos de leche de cabra elaborados bajo condiciones artesanales.

La oficina del Servicio de Salud Viña del Mar-Quillota de La Ligua, realizó una vigilancia de las condiciones sanitarias de ellos, preferentemente en las zonas rurales, durante Noviembre y Diciembre del 2000. Se efectuaron 29 muestreos con un total de 144 unidades de muestra, las que fueron analizadas para determinar la posible presencia de *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Enterobacterias* y *Salmonella*, de acuerdo a técnicas internacionales (FDA/BAM, 8° ed.) y protocolos entregados por el Instituto de Salud Pública de Chile (ISP).

Se identificaron dos tipos de Salmonella: Salmonella Grupo B y Salmonella San Diego (identificación serológica efectuada en el ISP), lo cual representa el 1,39% de las muestras. Además, se detectaron 24 muestras (26,97%) con E.coli, 36 muestras (25%) con S.aureus y 19 muestras (13,19%) con Enterobacterias. La magnitud de los recuentos indican una deficiente manipulación e inadecuado almacenamiento del producto por parte de los productores, por lo que se requiere un mayor control sobre ellos.

102. CARACTERISTICAS PROBIOTICAS DE Lactobacillus spp. AISLADOS DEL TRACTO GASTROINTESTINAL DE Onchorhynchus mykiss (trucha arcoiris). (Probiotics characteristics of Lactobacillus spp. isolated from O.mykiss (rainbow trout)'s gastrointestinal tract.). Castro E., Encina M. Laboratorio de Bacterias Lácticas. Universidad de Concepción. (ercastro@udec.cl).

Fundamento: La acuicultura a nivel mundial está promoviendo el control biológico. Se investigaron características probióticas de cepas de *Lactobacillus* spp. Provenientes del tracto gastrointestinal de *O. mykiss* de pisciculturas de la Octava Región.

Métodos: A 40 cepas de *Lactobacillus* spp.(32 de estómago y 8 de intestino) se les evaluó propiedades de superficie (hemaglutinación e hidrofobicidad con hexadecano, xileno y tolueno), capacidad y cinética de producción de peróxido de hidrógeno (H₂O₂) e inhibición de patógenos (*Escherichia coli* y *Listeria monocytogenes*).

Resultados: Sobre 60% de las cepas presentaron un grado alto o medio de hidrofobicidad y todas algún grado de hemaglutinación. La producción de H₂O₂ la presentaron 21/40 cepas a 37°C. La cinética de H₂O₂ de 12 horas varió entre 0.16 a 0.58 mM. El sobrenadante de un *L.budraerii*, inhibió el crecimiento de *E.coli* y de *L.monocytogenes* (halo de 5 y 6 mm respectivamentee).

Conclusión: Se obtuvo *Lactobacillus* spp. con excelentes propiedades benéficas que podrían emplearse potencialmente para uso probiótico en *O. mykiss*.

Financiamento del Proyecto: FONDEF Nº DO111121.

103. ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE CEPAS DE LACTOBACILLUS AISLADAS DE DE NIÑOS CHILENOS. (Antibacterial activity of Lactobacillus strains isolated from Chilean infants.). Faúndez G., López M y Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile. gfaundez@uec.inta.uchile.cl

Antecedentes: Probióticos se utilizan en alimentos funcionales y en el campo clínico por las propiedades benéficas que se asocian con su consumo, que incluyen disminución de los síntomas de cuadros diarreicos asociados al uso de antibióticos o a la intolerancia a la lactosa y alivio en casos de gastroenteritis por enteropatógenos. Las cepas probióticas deben colonizar temporalmente el epitelio intestinal y producir substancias antibacterianas como ácidos orgánicos o bacteriocinas. Objetivos: Evaluar la actividad antibacteriana in vitro de cepas de Lactobacillus spp. aisladas de lactantes sanos, y su resistencia a la presencia de bilis. Cepas y Métodos: Se evaluaron 450 cepas de Lactobacillus spp, aisladas de deposiciones de niños sanos. La identificación se realizó mediante microscopía, PCR y el sistema API 50 CHL. La actividad antibacteriana se evaluó con ensayos de doble capa en agar MRS modificado para minimizar la inhibición por producción de ácidos. Las cepas blanco fueron: S. aureus, S. flexneri, E. coli O157:H7 y S. enterica. La sobrevivencia en bilis se realizó por cultivo en caldo MRS con bilis al 0,3 %. Resultados: Se obtuvieron 20 cepas de Lactobacillus spp. con actividad inhibitoria, de ellas 5 resultaron ser efectivas contra todas las cepas blanco usadas. Se obtuvieron además tres cepas que presentaron sobrevivencia y crecimiento en presencia de bilis, además del efecto antibacteriano. Conclusiones: Se dispone de varias cepas de Lactobacillus aisladas de niños chilenos con propiedades inhibitorias en contra de patógenos entéricos y contaminantes de alimentos y resistentes a la presencia de bilis. Ellas presentan un potencial para su uso como probióticos u otra aplicación biotecnológica.

104. ELECTROFORESIS EN GEL DE CAMPO PULSADO DE CEPAS DE Yersinia enterocolitica AISLADAS DE HUEVOS DE GALLINA. (Pulsed field gel electrophoresis of Yersinia enterocolitica strains isolated from hen eggs). Favier GL, Escudero ME., Guzmán AMS. Área de Microbiología. Fac. de Qca, Bioqca y Fcia. Universidad Nacional de San Luis. gifavier@unsl.edu.ar

Yersinia enterocolitica es un enteropatogeno que causa infección en el hombre debido al consumo de aguas o alimentos contaminados. La especie comprende seis biotipos y más de 60 serotipos. Los biotipos 2 a 5 y los serotipos O:3, O:9, O:8 están asociados a patogenicidad en humanos. La electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) es utilizada para la caracterización molecular de esta bacteria porque es un método reproducible y altamente discriminatorio que permite la subtipificación de cepas pertenecientes al mismo biotipo o serotipo; lo cual es esencial en estudios epidemiológicos y en la investigación de la fuente, modo de transmisión y distribución geográfica. En este trabajo se analizaron ocho cepas de Y. enterocolitica B2 O:9 aisladas de la superficie de cáscaras de huevos de gallina y la cepa de referencia Y. enterocolitica W1024 O:9. El ADN de cada cepa bacteriana fue insertado en bloques de agarosa, digerido con la enzima de restricción de corte poco frecuente XhaI y sometido a electroforesis en el equipo CHEFF DR III, en el cual la polaridad de la corriente es cambiada a intervalos de tiempo predeterminados. Se obtuvieron distintos perfiles de restricción y según el dendrograma la mayor semejanza correspondió a las cepas F y G, seguida por las cepas G y H con 94,70 % y 89, 50 % de similitud respectivamente, entre sus perfiles genómicos. Se puso en evidencia la heterogeneidad entre cepas pertenecientes al mismo bioserogrupo y aisladas del mismo tipo de alimento, lo que constituye un interesante aporte al estudio epidemiológico de esta especie en nuestro medio. Proyecto 8803 UNSL. CONICET 2430/00.

105. ESPECIES DE BACTERIAS ACÉTICAS EN UVAS CON Y SIN PUDRICIÓN ÁCIDA. (Acetic bacteria in grapes with and without sour rot disease). Figueroa A, Troncoso M., Faúndez G., Navarrete P., Reyes A., Rivas P., Figueroa G., Arancibia C. Lab. Microbiología, INTA, Universidad de Chile y Fundación para el Desarrollo Frutícola. afigueroa@inta.cl

La producción de uva es hoy una importante actividad económica que se ve afectada por una nueva enfermedad, la pudrición ácida. Su etiología es controversial pero se ha mencionado la participación de hongos, levaduras y bacterias acéticas (Acetobacter, Gluconobacter y Gluconoacetobacter). Objetivo: Aislar e identificar bacterias acéticas en uvas cv. Thompson seedless y Red globe con síntomas de pudrición ácida. Métodos. La presencia de bacterias acéticas se analizó en 181 muestras de uvas enfermas y 104 de uvas sanas, de los cv. Thompson seedless y Red globe provenientes de la IV, V. Metropolitana y VI Regiones en diferentes etapas de producción. Los cultivos se hicieron en agar WL y Schramm (recuentos y pre-enriquecimiento): la identificación de especie se realizó mediante PCR y RFLP. Resultados: La presencia de bacterias acéticas se demostró en 89/181 muestras enfermas (49%), mientras en sanas fue de 6/104 (6%). En uvas enfermas predominó Acetobacter aceti con 50/70 (71%), seguido de Gluconoacetobacter hanseni con 11/70 (16%). También se aisló Acetobacter pasteurianus 4/70 (6%) y Gluconobacter oxidans 1/70 (1%). En 4/70 (7%) de los casos, hubo asociación de dos especies acéticas, ello fue mas frecuente en etapas avanzadas de producción. La mayor incidencia de A. aceti se detectó en las regiones IV y V, mientras que la mayor asociación de esta con G. hansenii se presentó en la Metropolitana y la VI. Conclusión: Estos resultados parecen indicar que las bacterias acéticas tienen asociación con la etiología de la pudrición ácida. Financiamiento: FONTEC 203 3498

106. DIAGNÓSTICO DE LA BRUCELOSIS BOVINA MEDIANTE LA PRUEBA ANILLO EN LECHE EN EL DEPARTAMENTO DEL CUSCO – PERÚ. (Diagnosis of the Bovine Brucellosis through the Test Ring in Milk in the Cusco Department, Perú).

Flores D., Ardiles E. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco – Perú. darielaflores@hotmail.com, emiguel@hotmail.com

El trabajo se fundamentó, en la búsqueda de *Brucella abortus* en la leche proveniente de ganado vacuno, aparentemente sano, de los diferentes establos de las provincias de Anta y Calca, Departamento del Cusco Perú. El método empleado para el análisis fue la prueba de anillo de leche para lo cual en 39 establos lecheros (se recogieron 49 muestras de leche Prov. Anta y 26 muestras de leche Prov. Calca), determinándose mediante el diagnóstico cualitativo, que la Prov. de Calca presentó 38,48 % muestras sospechosas y la provincia de Anta 26,53 %. De estos resultados se realizo el diagnostico cuantitativo, concluyéndose que el 100% de las muestras fueron negativas en todas las muestras, afirmándose que *B. abortus* está ausente en las provincias estudiadas, sin embargo, cabe mencionar que las muestras sospechosas dan un titulo inferior a 1/16, esto se correlaciona a la existencia de otro tipo de infección por bacterias que presentan similar membrana citoplasmática a la de *B. abortus*, entre las cuales se citan *Yersinia enterocolitica*, *Salmonella sp. Escherichia coli*, *Pseudomonas* y otras que pueden estar causando trastornos en la salud del animal.

107. CALIDAD MICROBIOLOGICA DE CONDIMENTOS Y ESPECIAS CONSUMIDOS EN LA CIUDAD DE SAN LUIS, ARGENTINA. Microbiological quality of condiments and spices consumed in San Luis' city. Argentina.

Aguilera, M O; Stagnitta PV y Guzmán AMS. Area de Microbiología. Universidad Nacional de San Luis. Chacabuco y Pedernera. San Luis. Argentina.moaguile@unsl.edu.ar.

Los condimentos y especias (C y E) se usan para resaltar el sabor y el aroma de las comidas. El objetivo de este trabajo fue analizar los C y E y comparar la calidad de los C comerciales y los de recolección doméstica. Se analizaron 100 muestras de C y E, 52 muestras comerciales y 48 domésticos. Se determinó el recuento bacterias mesófilas totales usando el medio agar para recuento en placa incubando durante 48 h a 37° C; recuento de hongos y levaduras usando el medio agar Sabouraud glucosa incubando durante 48 a 72 h a 28 °C; las bacterias coliformes se determinaron por el número mas probable (NMP) usando caldo Mac Conkey y EC, incubando por 48 h a 37 °C. Se efectuó el recuento de Clostridium perfringens por NMP usando el medio leche-hierro, el que se incubó a 45,5°C entre 16-18 h. Las bacterias mesófilas totales estuvieron comprendidas entre 3 x 10² y 2.17 x 10⁶ para C y E comerciales y entre 7 x 10¹ y 6,55 x 10⁵ para los domésticos, los hongos y levaduras estuvieron comprendidos entre 2 x 10² y 1,16 x 10⁶ para los comerciales y entre 6 x 10¹ y 3,09 x 10⁵ para los domésticos: los coliformes se hallaron en 29 (55,76%) de las muestras comerciales con recuentos entre 4 y 1100 NMP/ g de alimento, y en 25 (52,08%) de las muestras domésticas con recuentos entre 3 y 200 NMP/g. Se aislaron 15 cepas de C.perfringens en C comerciales (28,84%) y 25 cepas en los domésticos (52,08%) con recuentos entre 4 y 1100 NMP/g. No se hallaron diferencias significativas en los recuentos de los gérmenes estudiados entre comerciales y domésticos, el hecho de encontrar bacterias coliformes y C. perfringens indica una deficiente calidad microbiológica, reflejando riesgos para la salud de los consumidores si no se mejora la misma. Proyecto 8803, CyT. UNSL.

108. TASA DE SOBREVIVENCIA DE ENTEROPATÓGENOS EN LA SUPERFICIE DE FRUTAS ALMACENADAS EN CÁMARAS FRIGORÍFICAS. (Survival resistance of enteropathogens in the surface of refrigerated fruits). López M., Adriazola P, Troncoso M, Vergara C, Faúndez G. y Figueroa G. Lab. Microbiología INTA, Universidad de Chile, gfiguero@inta.cl

La exportación de frutas es una importante actividad económica nacional. La presencia de agentes implicados en cuadros de toxi-infección alimentaria puede constituirse en un riesgo para los consumidores y por ende para la capacidad exportadora de Chile. Las condiciones de frío y humedad en que se transporta la fruta al exterior puede afectar la sobrevivencia de enteropatógenos provenientes de etapas previas de producción en la superficie de las frutas. Objetivos: Evaluar la sobrevivencia de microorganismos indicadores en la superficie de frutas que fueron contaminadas experimentalmente luego de los procesos de producción. Manzanas, uvas y frambuesas fueron almacenadas en cámaras a 0°C y 87 % de humedad relativa, previa inoculación por inmersión con los siguientes indicadores: E. aerogenes como indicador sustituto de Salmonella spp. y E. coli ATCC 25922 como suplente de E. coli O157:H7 y Shigella. Métodos: La presencia de los indicadores se determinó por recuentos y preenriquecimiento en medios selectivos específicos. Las colonias fueron confirmadas mediante pruebas bioquímicas, PCR y susceptibilidad antibiótica. Resultados: En uvas ambos indicadores persistieron solo por un día post-inoculación. En las frambuesas los dos indicadores persistieron viables hasta el día 6. En manzanas E. aerogenes y E. coli se mantuvieron detectables hasta el día 52 y 19 respectivamente. Conclusiones: De los resultados obtenidos se infiere que Salmonella spp persistiría en las manzanas por períodos prolongados de almacenamiento en frío. Por otra parte tanto Shigella como E. coli O157:H7 no parecen sobrevivir en la etapa de frio.

Financiamiento: FONTEC: 200-2382.

PESQUISA DE Listeria spp. Y ESTUDIO DE LA SUSCEPTIBILIDAD DE L. monocytogenes ATCC 3970 A AGENTES QUÍMICOS UTILIZADOS DURANTE LA ELABORACIÓN DE SUBPRODUCTOS CÁRNICOS. (Detection of Listeria spp. susceptibility of L. monocytogenes ATCC 3970 strain of chemical agents used in the meat industry.) Ríos, S.* M.V., Cerda, F.*MSc., Morales, R* fcerda@udec.cl *Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de Concepción. Programa Magister en Cs. Veterinarias. Campus Chillán. Listeria monocytogenes ha emergido como un importante patógeno de alimentos, es una bacteria ubicua y puede ser diseminada por contaminación cruzada en industrias de alimentos. La pesquisa de este patógeno es un requisito básico para la exportación. En una planta elaboradora de hamburguesas de la Octava región, se determinó la presencia de L. monocytogenes y su susceptibilidad a aditivos y agentes desinfectantes. Se tomó muestras de frotis ambientales y del producto hamburguesa a lo largo de la línea de elaboración. Se realizó pesquisa de Listeria a cada una de las muestras por medio de la metodología del BAM y se identificaron por medio de API Listeria. Se estudió el efecto de los aditivos y conservantes químicos utilizados en la industria de alimentos: Pluscolor®, Emulcol®, Kilol®, Quitosan® y Tecsa clor®. Se inoculó la cepa L. monocytogenes ATCC 3970 en tubos que contenían los aditivos, en concentraciones de uso recomendadas por los fabricantes, se realizó recuentos bacterianos a tiempo fijo por medio de la técnica de la microgota. L. monocytogenes, no fue aislada desde la planta, probablemente por el funcionamiento de HACCP. Sin embargo, se pesquisó L.

ivanovii. Emulcol®, Pluscolor® no inhibieron el crecimiento de L. monocytogenes ATCC 3970. Quitosan® (1g/kg) sólo determinó ser agente inhibitorio, ya que Listeria mantuvo un crecimiento constante y reducido en el tiempo. Kilol® (800ppm/kg) y Tecsa clor® (1ppm/Kg) resultaron ser

ACÉTICAS BACTERIAS A **ANTIMICROBIANOS** SUSCEPTIBILIDAD DE 110. (Susceptibility of acetic bacteria to antimicrobial agents). Nina K., Faúndez G., Arancibia C., Troncoso M., Figueroa A., Rivas P., Figueroa G. Lab. Microbiología, INTA Univ. de Chile. gfiguero@uchile.cl La "pudrición ácida" es una patología que afecta tanto a la uva de mesa como la vinífera, entre los agentes causales se incluyen bacterias acéticas, levaduras y hongos filamentosos. Objetivo: Evaluar la susceptibilidad de bacterias acéticas a distintos agentes antimicrobianos. Métodos: Se determinó la CIM mediante dilución en caldo de 20 cepas provenientes de uvas enfermas de la variedad Red Globe y Thompsom Seedless. Las especies bacterianas probadas fueron: Acetobacter aceti (n:15) Gluconoacetobacter hansenii (n:2), Acetobacter pasteurianus (n:2) y Gluconobacter oxydans (n:1). Los antibióticos probados fueron ampicilina, tetraciclina, cloranfenicol, gentamicina y ácido nalidíxico en concentraciones entre 8 a 256 µg/ml. Resultados: A. aceti mostró niveles elevados de resistencia a ácido nalidíxico y cloranfenicol con una CIM >a 256 μg/ml en 12/15 (80%) y 10/15 (67%) respectivamente. Para ampicilina se encontró una CIM de 128 µg/ml en10/15 (67%) de las cepas. Para gentamicina y tetraciclina la CIM fue de 64µg/ml en 8/15 (53%) y en 7/15 (47%) de los casos. Con respecto a Ga. hansenii las 2 cepas ensayadas mostraron niveles de CIM entre 128 y 256µg/ml para cloranfenicol, entre 64 y 128μg/ml para ácido nalidíxico y finalmente de 64μg/ml para gentamicina. En el caso de A. pasteuriamus las 2 cepas analizadas mostraron una CIM elevada entre 128 y 256 μg/ml tanto para ácido nalidíxico, gentamicina y cloranfenicol. Por último, la cepa de G. oxydans tuvo una CIM >256µg/ml tanto para ácido nalidíxico como para cloranfenicol. Conclusiones: Las cepas de bacterias acéticas probadas muestran elevados niveles de resistencia a agentes antimicrobianos de diferentes grupos. En el futuro se deberá estudiar cómo y por qué es que bacterias ambientales poseen tal resistencia a los antibióticos.

Financiamiento: Proyecto FONTEC 203 3498.

bactericidas contra L. monocytogenes ATCC 3970.

111. DESARROLLO MICROBIANO DE BACTERIAS ACÉTICAS A 0° Y 25°C. (Behavior of acetic acid bacteria at 0° and 25°C). Ponce M.*, Troncoso M., Rivas P., Figueroa A., Faúndez G., Arancibia C. y Figueroa G. *Residencia de Bioquímica MSP, Salta, Argentina y Laboratorio de

Microbiología, INTA, Universidad de Chile - poncemavi@topmail.com.ar

Las bacterias acéticas se asocian a la pudrición ácida de la uva de mesa y vinífera, patología que ha adquirido creciente importancia en la industria nacional generando considerables pérdidas económicas. Objetivo: Evaluar la curva de crecimiento bacteriano de cepas de bacterias acéticas frente a dos temperaturas, 0°C y 25°C. Métodos: Se analizaron 4 cepas: Gluconobacter oxydans Acetobacter pasteurianus, Acetobacter aceti y Gluconoacetobacter hansenii aisladas de uvas de la variedad Red Globe, afectadas por pudrición ácida. Cada curva se inició con un inóculo de 106 UFC/ml ajustado mediante espectrofotometría. El seguimiento se realizó por recuentos en placa de agar WL por 5 días. Se consideró t1:24 h, t2:48 h, t3:72 h, t4:86 h y t5:110 h . Resultados: Se observó que a 25°C todas las cepas analizadas en el t1 mostraron un incremento en el recuento bacteriano de 3 log. En el t2 G. oxydans, A. pasteurianus y Ga. hansenii presentaron el máximo desarrollo alcanzando un recuento entre 1010 y 1011 UFC/ml. En cambio A. aceti mostró su máximo potencial de crecimiento 24 h más tarde (t3) con un recuento similar. Finalmente la fase estacionaria fue alcanzada dentro de las 72 h para el caso de G. oxydans, A. pasteurianus, Ga. hansenii., a diferencia de A. aceti que lo hace en el t4. La curva de crecimiento a 0°C demostró que todas las cepas evaluadas mantienen prácticamente el inóculo inicial, con variaciones que oscilan entre 106 y 107 UFC/ml. durante todo el periodo de estudio. Conclusión: Los datos muestran claramente que a 0°C las bacterias acéticas disminuyen la velocidad de crecimiento y prolongan su fase de latencia, por lo que el frío ejercería un importante efecto inhibidor. Financiamiento: FONTEC 203 3498.

112. PERSISTENCIA EN POLLOS DE f3αSE, UN BACTERIÓFAGO BIOCONTROLADOR DE Salmonella enteritidis. (Persistence in chicken of f3αSE, a biocontroling bacteriophage of Salmonella enteritidis).

Krüger, E*., J. Santander*, P. Zurita**, C. Borie**, J. Robeson*.

*Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Laboratorio de Bacteriología. Av. Brasil 2950, Valparaíso, Chile. jrobeson@ucv.cl.

**Universidad de Chile. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias. Laboratorio de Microbiología.

Av. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago, Chile.

Salmonella enteritidis es un patógeno asociado a la industria avícola, particularmente a huevos contaminados. En gallinas adultas la infección es asintomática y la bacteria se transmite a los huevos durante su formación, siendo estos el vehículo de infección para el humano. En el último tiempo se ha renovado el interés en el uso de bacteriófagos como agentes biocontroladores alternativos. En nuestro Laboratorio hemos descrito recientemente tres bacteriófagos biocontroladores de S. enteritidis, siendo el fago $f3\alpha$ SE el más eficiente para controlar dicha bacteria in vitro. Consecuentemente, puede pensarse en el uso del bacteriófago $f3\alpha$ SE para el control de S. enteritidis en aves, en el entendido de que dichos virus puedan persistir en el organismo animal. Para probar esto se inocularon oralmente dos grupos de 15 pollos cada uno con 10^6 y 10^7 UFP de $f3\alpha$ SE respectivamente. Luego de 1 h se inocularon 10^6 UFC de una cepa animalizada de S. enteritidis. Los controles consistieron en dos grupos de pollos, uno sólo con fagos y otro sólo con bacterias. Los pollos se sacrificaron luego de 10 días y se disectaron, obteniéndose hígados e intestinos. Se determinó mediante caracterización bacteriológica y molecular que el bacteriófago $f3\alpha$ SE puede persistir en dichos órganos de los pollos al cabo de los 10 días de tratamiento. Este fago ciclado podría ser más eficiente en el control de S. enteritidis en aves, ya que es capaz de resistir las condiciones sistémicas del ave.

113. RIESGOS MICROBIOLÓGICOS EN EL PROCESO DE MARINADO EN CARNES DE AVE. (Microbiological risks during chicken marinating). Ruiz M, Troncoso M, Faúndez G, Cárdenas M, y Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile, ruizacin@yahoo.com

Introducción: El proceso de marinado de las carnes de aves pretende mejorar las características organolépticas de este producto de alto consumo. Por sus propiedades intrínsecas (alto contenido de nutrientes y actividad de agua) y la eventual presencia de patógenos hacen que este producto constituya un riesgo microbiológico cuando la cocción es insuficiente. Objetivos: Estudio microbiológico comparativo de carnes de ave y pavo marinadas y sin marinar. Metodología: Se evaluó la presencia de Salmonella, C. jejuni, L. monocytogenes y el Recuento de Microorganismos Aerobios Mesófilos (RAM) en 165 muestras de trutros y pechugas; 60 de pavo (20 muestras sin marinar) y 105 de pollos (45 muestras sin marinar). La determinación de los parámetros microbiológicos se realizó en base a las metodologías recomendadas por la FDA. Resultados: El RAM demostró que todas las muestras (marinadas y no marinadas) mostraban niveles inferiores a 10⁴ UFC/g (Reglamento Sanitario de los Alimentos m< 106 UFC/g) siendo el promedio mayor en las carnes de pavo que las de pollo. En 5/150 (3%) de las muestras analizadas se detectó Salmonella enteritidis, de las cuales 4 correspondieron a productos marinados. Se detectó también L. monocytogenes en 12/60 (20%) muestras analizadas, 4 de ellas correspondieron a productos marinados. C. jejuni se aisló en 25/150 (17%) de las muestras analizadas. Conclusiones: El proceso de marinado aparentemente no incide sobre los recuentos microbiológicos en carnes de aves. El empleo de métodos de pre y enriquecimiento hacen que los indicadores de calidad microbiológica no se correlacionen con la presencia de patógenos en estos alimentos.

114. VIRULENCIA Y GENOTIPIFICACIÓN DE Yersinia enterocolitica AISLADA DE ALIMENTOS (Virulence and genotyping of Yersinia enterocolitica isolated from food).

Lucero Estrada, CSM; Velázquez, L; Escudero, ME; Di Genaro, S; Mattar, A; Vega, A; Stefanini de Guzmán, AM.

Área de Microbiología. Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia. Univ. Nac. de San Luis. Chacabuco y Pedernera. (5700). San Luis. Argentina. E-mail: luceroceci@hotmail.com.

Un prerrequisito para la expresión de la patogenicidad de *Yersinia enterocolitica* es la presencia de un plásmido de virulencia de 70-75 kb (pYV) que codifica para una proteína de adhesión, YadA, y proteínas involucradas en la inhibición de la respuesta inmune inespecífica del huésped, Yops. Los objetivos de este trabajo fueron determinar la virulencia de 13 cepas de *Y. enterocolitica* aisladas de distintos alimentos y realizar su tipificación molecular. La virulencia fue determinada por: a) autoaglutinación (AA), b) dependencia de calcio a 37°C (MOX), c) piracinamidasa (Pir) y d) extracción de plásmidos. La tipificación molecular se llevo a cabo mediante amplificación al azar de ADN polimórfico por reacción en cadena de la polimerasa (RAPD-PCR). De las cepas estudiadas 4 dieron la prueba de AA positiva, 3 resultaron MOX positivas, 4 fueron Pir negativas y 4 evidenciaron presencia de plásmido. En la técnica de RAPD-PCR el iniciador A08 de Promega brindó un alto grado de discriminación y reproducibilidad entre las cepas estudiadas. Es de fundamental importancia conocer la virulencia de las cepas de *Y. enterocolitica* ya que no todos los bioserotipos son patógenos humanos. La técnica de RAPD-PCR puede considerarse una herramienta valiosa para la tipificación molecular de esta bacteria. Proyectos: 8803 UNSL. CONICET 2430/00.

115. RELACIÓN ENTRE MICORRIZACIÓN, FERTILIDAD DE SUELOS Y HÁBITO DE VIDA VEGETAL (Relation between mycorrhizal, soil fertility and plant life-form) Aguilera LE¹, Gutiérrez JR y Meserve PL², Fac. Ciencias, Depto. Biología, Universidad de La Serena¹, Department of Biology, Illinois University² - laguiler@userena.cl

Las interacciones benéficas entre microorganismos y plantas a nivel de la rizósfera son determinantes primarios de la salud vegetal, mineralización de la materia orgánica y fertilidad de suelos. Las micorrizas arbusculares son las simbiosis microbianas más importantes para la mayoría de las plantas, y bajo condiciones de escasez de nutrientes, se relacionan positivamente con la nutrición mineral y productividad. Nosotros probamos la hipótesis que clasificando a las plantas según su hábito de vida se explicaría de manera importante las variaciones en la fertilidad de suelos y niveles de micorrización de arbustos de ambientes áridos. En abril del 2003, se muestreó suelos y raíces de una asociación arbustiva formada por Porlieria chilensis-Adesmia bedwellii-Prustia pungens presentes en el Parque Nacional Bosque Fray Jorge. En los suelos se determinó el contenido de materia orgánica, N, P, K, pH, humedad, conductividad eléctrica y en las raíces asociadas se cuantificó el porcentaje de infección de micorrizas arbusculares. Se encontró un mayor porcentaje de micorrización en las especies deciduas P. chilensis y A. wedwellii que en la siempre verde P.chilensis. Los suelos rizosféricos de P. chilensis presentaron significativamente una mayor cantidades de materia orgánica y K, y se encontró una correlación negativa y significativa entre la fertilidad de los suelos estudiados y el porcentaje de micorrización. La micorrización sería el estado más frecuente e importante para la nutrición de las plantas deciduas en relación a especies siempre verdes presentes en las zonas áridas de Chile. Financiamiento: Proyecto Fondecyt Nº: 1030225

116. VARIACIÓN DE AGARICALES EN PARCELAS FERTILIZADAS CON NH₄NO₃ EN UN BOSQUE DE NOTHOFAGUS OBLIQUA, X REGIÓN CHILE. (Variation Agaricales in fertilized plots in Nothofagus obliqua forest of the X Region, Chile). ¹Barría D., ¹ Valenzuela E. & ² Godoy R. ¹Instituto de Microbiología, ² Instituto de Botánica. Fac. de Ciencias. Universidad Austral de Chile. Casilla 167, Valdivia, Chile. dbarria27@yahoo.es

En los suelos de la X Región de Chile los aportes de nitrógeno se han incrementado debido a las actividades agrícolas (aplicación de purines) y ganaderas. Lo que podría influir en la química del suelo y producir un cambio cuali-cuantitativo de los hongos ectomicorrízicos. Se relacionaron los tratamientos dados a parcelas fertilizadas (con NH₄NO₃) y control, la temperatura, humedad relativa y las concentraciones de NO₃ de un bosque de *Nothofagus obliqua* (Valdivia) con las determinaciones cuali-cuantitativas de basidiocarpos de *Agaricales*. El recuento y recolección de los basidiocarpos se realizó por muestreos quincenales. La taxonomía por la metódica tradicional.

Se registraron 52 Taxa de Agaricales y 734 basidiocarpos. En la parcela control se registraron 12 especies micorrízicas (90 basidiocarpos), 3 especies micorrízicas (10 basidiocarpos) en la parcela fertilizada 1 y en la parcela fertilizada 2, solo una especie micorrízica (2 basidiocarpos). En la parcela control predominaron las especies de los géneros Cortinarius e Inocybe y en las fertilizadas Cortinarius vaginatus. La fertilización con NH4NO3 estaría influyendo en la estructura de la comunidad fúngica, disminuyendo la diversidad de hongos micorrízicos y la producción de cuerpos fructíferos a través de diferentes gradientes de NO3.

Financiamiento: FONDECYT1020989.

117. DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES DE Frankia Y DE LA COMUNIDAD BACTERIANA ASOCIADAS A LA RIZÓSFERA DE PLANTAS DE Colletia hystrix. (Genetic diversity of Frankia natural populations and bacterial community from Colletia hystrix rhizosphere). Chávez M., Carú M. Facultad de Ciencias. Universidad de Chile. Casilla 653 – Santiago.

Las plantas actinorrícicas se adaptan a suelos marginales por su capacidad de autoabastecerse de nitrógeno mediante la simbiosis con Frankia. En Chile, Frankia esta asociada con plantas nativas del género Colletia, pero se desconoce la diversidad genética de las poblaciones naturales de Frankia en el suelo y de la comunidad microbiana total asociadas a estas plantas. El objetivo de este trabajo fue determinar la diversidad genética de las poblaciones de Frankia presentes en el suelo y rizósfera de plantas de Colletia hystrix, mediante el polimorfismo en la conformación de la simple hebra (SSCP) de productos amplificados de la región espaciadora entre los genes que codifican para el RNA ribosomal 16S-23S. La diversidad de la comunidad microbiana total se determinó mediante un análisis en el polimorfismo de los fragmentos de restricción terminales (T-FRLP) del rDNA 16S, empleando partidores universales para el grupo bacteria. Los análisis se realizaron en muestras derivadas de tres sitios diferentes: la rizósfera de Colletia hystrix, la rizósfera de plantas no hospederas y del suelo sin cobertura vegetal. Los resultados muestran 6 perfiles SSCP, de los cuales sólo un perfil se distribuyó entre los tres sitios muestreados. En los perfiles T-RFLPs, se destacó la presencia de los grupos fijadores de nitrógeno, entre ellos Frankia, con una mayor abundancia en la rizósfera de Colletia, indicando que la presencia de la planta hospedera estaría favoreciendo el desarrollo del microsimbionte. Además, la comparación de los perfiles de T-RFLPs entre los sitios muestra que la comunidad microbiana asociada a Colletia hystrix forma cluster separado de las otras comunidades microbianas.

118. ANÁLISIS DE FLUJOS METABÓLICOS APLICADO A CULTIVOS CONTINUOS DE Pichia pastoris PRODUCTORA DE LIPASA RECOMBINANTE.

Bastidas, J.*, Ferrer, P.*, Aroca, G.*, Gentina, J.* y Altamirano, C.*

Escuela de Ingeniería Bioquímica, Universidad Católica de Valparaíso. P. O. Box 4059, Valparaíso. Email: claudia.altamirano@ucv.cl

Se desarrolla y valida un modelo metabólico de tipo estequiométrico de *Pichia pastoris* productora de *lipasa* recombinante. Para estimar los flujos intracelulares se utiliza información generada en cultivos continuos (CC) bajo distintos substratos (glicerol y metanol) y mezclas de los mismos. Se determinó que la disminución en la concentración de glicerol y aumento del metanol provocó una disminución en el crecimiento celular y un incremento en la producción de proteína extracelular. A partir de los flujos intracelulares se calculó la producción de CO₂ (CER) y el consumo de O₂ (OUR) y, posteriormente, el cuociente respiratorio (CER/OUR). Los valores calculados están en el rango reportado, lo que confirma las bondades de la red metabólica planteada y los datos experimentales obtenidos. El modelo permitió estimar la redistribución de los flujos intracelulares que se produce al emplear diferentes sustratos, información que es analizada y discutida, y que brinda interesantes antecedentes para futuras experiencias.

Financiamiento: DURSI/CONICYT 2002/6/136; Beca Movilidad Estudiantil PUCV.

119. EFECTO DEL ACIDO KAURENOICO Y LA RESINA SUPERFICIAL PRODUCIDOS POR LA PLANTA Pseudognaphalium vira vira SOBRE LA MICROBIOTA DEL SUELO. (Effect of kaurenoic acid and superficial resin of the plant Pseudognaphalium vira vira over soil microbiote). Gil F., Mendoza L., Wilkens M. Facultad Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. fgilm@lauca.usach.cl

El ácido kaurenoico, un diterpeno mayoritario en la resina superficial de la planta *Pseudognaphalium* vira vira presenta actividad antibacteriana frente a bacterias Gram positivo. El objetivo del trabajo fue determinar la actividad de la resina y el compuesto sobre bacterias aisladas de suelo y el efecto sobre la

microbiota del suelo asociado a la planta.

Mediante determinación de la concentración mínima inhibitoria se comprobó que tanto la resina como el ácido kaurenoico presentan actividad antibacteriana frente a bacterias Gram positivo a una concentración entre 0,5 y 1 μg/μL y frente a bacterias Gram negativo la actividad fue menor (≥ 4 μg/μL). Por cromatografía en capa fina y RMN ¹H se pudo comprobar que el ácido kaurenoico permanece estable a 0 y 15 días de incubación, pero a los 30 días aparecen algunas impurezas y la cantidad de ácido kaurenoico disminuye.

Mediante la técnica de T-RFLP se determinó que tanto la resina como el ácido kaurenoico alteran la microbiota del suelo asociado a la planta a los 15 días de incubación observándose disminución o

desaparición de poblaciones bacteriana.

En este trabajo se concluye que la resina superficial y el ácido kaurenoico presentan actividad específica frente a bacterias Gram + aisladas del suelo. Además, mediante el análisis molecular se concluye que tanto la resina como el compuesto producen modificaciones en la microbiota del suelo asociado a la planta. Financiamiento: DICYT-USACH.

120. Haloalcalophilium atacamensis gen. nov., sp. nov., UNA NUEVA ARQUEA HALÓFILA EXTREMA DEL SALAR DE ATACAMA. (Haloalcalophilium atacamensis gen. nov., sp. nov., a novel extremely halophilic archaea from Atacama Saltern). Lizama, C^{1,2}., Monteoliva-sánchez², M., Suárez A²., Campos V.³ y Ramos-Cormenzana, A.². 1. Depto Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de Antofagasta. 2. Depto de Microbiología, Facultad de Farmacia Universidad de Granada, España. 3. Lab. Microbiología ambiental, Facultad de Ciencias Básicas, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. clizama@uantof.cl.

El Salar de Atacama, presenta alta salinidad, altas radiaciones electromagnéticas, y variaciones de temperatura. La Laguna de Tebenquiche situada en el centro norte del Salar con una salinidad sobre el 20% de NaCl y un rango de pH entre 7,2 y 7,5 %, es uno de los puntos seleccionados para el aislamiento de haloarqueas. A partir de un estudio taxonómico preliminar de 82 cepas de haloarqueas aisladas en la Laguna de Tebenquiche y Zona Poligonal (Lizama y col., 2001), se seleccionó la cepa ALT5-92, de características fenotípicas muy similares al género Haloarcula, pero con un perfil lipídico diferente. La cepa ALT5-92 presentó como glicolípido principal SDGD-1 y no se detectó PGS ambos característicos y distintivos de las especies del género Haloferax. En los géneros Halobaculum y Halococcus también se ha descrito el glicolípido SDGD-1, pero en ambos casos está presente el fosfolípido PGS. El análisis filogenético relacionó a la cepa ALT5-92 con Haloarcula marismortui en un porcentaje de similitud del 92%. De acuerdo a Devereaux et al., (1990) y Fry et al., (1991), porcentaje que permite clasificar a esta cepa como un género diferente. Estos resultados se confirmaron con el bajo porcentaje de hibridación genómica, inferiores a 25%, entre esta cepa y las especies de referencia de los géneros de haloarqueas más relacionados. De acuerdo a los resultados del análisis filogenético, molecular y quimiotaxonómico, y características fenotípicas diferenciales, consideramos que la cepa ALT5-92 corresponde a un nuevo taxón en la familia Halobacteriaceae. Proponemos el nombre de Haloalcalophilium atacamensis gen. nov., sp. nov., para esta nueva haloarquea.

121. CARACTERIZACION QUIMICO-BIOLOGICA DE Nostoc sp., AISLADO DEL BOFEDAL MACHUCA, II REGION, CHILE. (Chemical and biological characterization of Nostoc sp. isolated from Machuca wetland, II Región-Chile).

Olivares H.^{1,3}, Manquez M.², Monardez V.³ y Gómez-Silva B.^{1,3} (holivares@uantof.cl)

Unidad de Bioquímica¹, Unidad de Nutrición Humana², Instituto del Desierto³. Universidad de Antofagasta. Chile.

Los bofedales son formaciones vegetales de hierbas, juncos y prados turbosos que crecen en forma compacta en áreas pantanosas del altiplano. Machuca es un humedal local, que está a 4031 msnm y a 50 Km al Este de San Pedro de Atacama, II Región, en el que crece naturalmente un microorganismo fotosintético conspicuo de ese humedal, cuyas macrocolonias se observan abundantemente en este sitio, y son usadas por la población local como complemento alimenticio. Métodos. Por espectrofotometría de absorción atómica se analizó la composición química del agua. Las macrocolonias naturales se evaluarón registrando la forma, grosor, textura, tamaño y peso húmedo. El aislamiento y purificación se realizó con técnicas microbiológicas habituales. Para los cultivos se usó el medio mineral Arnon con iluminación y aireación continua. La clasificación se realizó usando claves morfológicas con microscopía óptica. Resultados y conclusiones. Las características de las macrocolonias naturales como las del crecimiento en placas y medio líquido indican que este microorganismo es una cianobacteria filamentosa formadora de heterocisto del género Nostoc. El agua del bofedal presenta un pH de 8,6 siendo los iones Ca, Na, Cl, Mg, SO₄ y PO₄ las especies más abundante. De la composición química de las macrocolonias destaca el contenido de proteinas con un 31,5 % de la biomasa seca. El posterior estudio de las condiciones óptimas de crecimiento permitirá diseñar sistemas de cultivo masivo aplicables por la comunidad de Machuca.

Financiamiento: PEI 1354/03; PROIM-1337-1. Universidad de Antofagasta.

122. EXTREMÓFILOS RESISTENTES A LA DESECACIÓN EN LA ZONA COSTERA DEL DESIERTO DE ATACAMA, II REGIÓN DE CHILE. (Dryness- resistant Extremophiles from the Coastal Atacama Desert. II Region-Chile).

Gómez-Silva B. 1,2, Olivares H. 1,2, Rainey F. 3, Araya J. 4, McKay C. 5 (bgomez@uantof.cl)

Instituto del Desierto¹, Unidad de Bioquímica², Unidad de Parasitología⁴, Univ. de Antofagasta, Chile; Depto. Biol. Sc.³, Luisiana State Univ., B. Rouge, LA; Ames Res. Center⁵, NASA, USA.

El Desierto de Atacama (DAT) es un laboratorio natural para estudiar los límites impuestos por el medioambiente a la vida. Su alta radiación solar y ausencia de agua líquida le hacen uno de los habitats más áridos en la Tierra. ¿Qué organismo resiste las condiciones de sequedad de DAT? La escasa flora endémica sólo se encuentra en contadas zonas costeras de DAT-II Región. Lo restante es un árido, inerme, desierto costero. La vida, no obstante, existe como comunidades hipolíticas resistentes a la desecación. Métodos. To y humedad relativa (RH) se registraron con sensores autónomos. Microorganismos litobiónticos se aislaron de biopelículas con metodología microbiológica estándar. Se cultivaron en medio mineral (cianobacterias) y orgánico (bacterias heterotróficas). Para identificación y clasificación, se usaron criterios morfológicos y moleculares (microscopía de transmisión y barrido, secuenciación de DNAr 16S). Resultados y Conclusiones. La interface suelo-roca y las fisuras de rocas de cuarzo del desierto costero son colonizadas por bacterias del género Chroococcidiopsis y Streptomyces. Cuarzo, único sustrato rocoso colonizado por la comunidad extremófila, proporciona las propiedades ópticas para el proceso fotosintético, atenuando la radiación solar y UV. Niveles de RH superiores a 60% sólo se alcanzaron durante la noche. Condensación de agua atmosférica y un sustrato rocoso adecuado generan las condiciones para la vida de una comunidad compuesta de biopelículas de cianobacterias y bacterias heterotróficas.

Financiamiento: Proyecto NASA-344502101; UAFTA-1337-1.

123. USO DE ASOCIACIONES NEMÁTODO-BACTERIA EN EL MEJORAMIENTO DE LAS CONDICIONES DEL SUELO PARA LAS PLANTAS EN UN TRANQUE DE RELAVE.

(Use of nematode-bacteria associations in the improvement of soil conditions for plants in a mining waste deposit). Boehmwald F.**, Campano M., Salas E.**, Santander J.*, Robeson J.*, Montenegro E**. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, **Laboratorio de Nematología y *Laboratorio de Bacteriología. Av. Brasil 2950, Valparaíso, Chile. esalas@ucv.cl

Bacterias y hongos son los principales descomponedores primarios de materia orgánica en el suelo. La fauna microbívora constituye el segundo nivel trófico, en el que los nemátodos son los principales consumidores de bacterias en la rizósfera. Al regular la biomasa bacteriana influencian la tasa de ciclamiento de nutrientes, acelerando la descomposición de materia orgánica. En este contexto, el exceso de nitrógeno asimilado por los nemátodos bacterívoros es excretado en forma mineral (NH4+) lo que incrementa la disponibilidad de nitrógeno para las plantas. Los nemátodos bacterívoros contribuyen adicionalmente a dispersar bacterias activando los procesos de formación del suelo.

En función de desarrollar nuevas metodologías que aumenten la riqueza microbiológica y la disponibilidad de nutrientes para el crecimiento y sustentabilidad de cubiertas vegetales en áreas altamente impactadas, se aislaron y seleccionaron nemátodos bacterívoros colonizadores nativos de la familia Rhabditidae y Cephalobidae los cuales se mantuvieron en cultivos masivos mixtos alimentados con la bacteria amonificante nativa Pseudomonas sp TMP2/3. Los cultivos masivos se inocularon en la rizósfera de plantas, (Algarrobo y Aromo) ubicadas en parcelas experimentales del tranque de relave Planta Matta, ENAMI, Copiapó. Las inoculaciones se realizaron en 40 plantas cada tres meses con el objetivo de permitir el asentamiento microbiano. Usando un electrodo ión – selectivo se determinaron los niveles de amonio en la rizósfera de las plantas, encontrándose un aumento significativo del amonio en los ejemplares inoculados en comparación con controles no inoculados. Además, se recuperaron nemátodos y bacterias introducidos, lo que sugiere que la asociación nemátodo- bacteria, actúa como un biomejorador autosustentable de la disponibilidad de nitrógeno en el suelo.

Financiamiento: Proyecto FONDEF DOOI-1101.

124. PRODUCCIÓN A ESCALA INDUSTRIAL DE NEMATODOS BACTERÍVOROS PARA SU UTILIZACIÓN COMO BIOFÉRTILIZANTE EN LA FITOREMEDIACIÓN DE SUELOS CONTAMINADOS CON METALES PESADOS.

Rebolledo C, Herrera N, Araneda P, Chamy R. Escuela Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, General Cruz 34, Valparaíso, Chile. rchamy@ucv.cl

Para potenciar el crecimiento de las plantas acumuladoras de metales pesados, se plantea la utilización de nematodos colonizadores-persistidores, pertenecientes a la familia *Rhabditidae*, que han sido aislados desde una zona afectada (Ventanas, V Región). El uso de estos microorganismos se explica debido a que como producto final de su metabolismo proteico secretan amonio y han sido asociados a procesos de estimulación de la actividad bacteriana y de recirculación de nutrientes inmovilizados.

El objetivo de este trabajo es evaluar la producción a escala industrial de nematodos bacterívoros para utilizarlos como biofertilizante en la fitoremediación de suelos contaminados con metales pesados. Los nemátodos utilizados fueron aislados desde la zona afectada y fueron cultivados en placas Petri en un medio sólido conteniendo *Escherichia coli* OP:50 como fuente prioritaria de nutriente, en esta etapa hay un acondicionamiento a un medio sin metales pesados. Una vez que se han mantenido por alrededor de 8 días y a 24 °C se suspenden en una solución salina (7g/L NaCl) con objeto de ser almacenados; para posteriormente ser traspasados a un cultivo líquido en matraces Erlenmeyer a 25 °C y a 100 rpm de agitación, con 20g/L de *E. coli* OP:50. El cultivo en estas condiciones se realizó por 14 días. Una vez determinada la concentración de E. *coli* OP:50 crítica para el crecimiento de los nemátodos, el siguiente paso es producirlos en gran escala. Para esto se evalua un bioreactor Airlift con loop externo, en el cual se tiene un mayor tiempo de contacto entre nemátodos hembras y machos, esto se debe a que el reactor presenta una zona de velocidad de líquido bajo, aumentando así la posibilidad de contacto entre los nematodos.

125. AUMENTO DEL AMONIO EN EL SUELO DE LA ZONA RADICULAR DE PLANTAS MEDIANTE EL USO DE UNA ASOCIACIÓN NEMÁTODO - BACTERIA. (Ammonium increase in soil around plant roots using a bacteria-nematode association).

Slimming, M.*, J. Santander*, F. Boehmwald**, E. Salas**, E. Montenegro**, J. Robeson*.

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, *Laboratorio de Bacteriología y

**Laboratorio de Nematología. Av. Brasil 2950, Valparaíso, Chile. jrobeson@ucv.cl.

El N2 del suelo es un elemento fundamental para el crecimiento de cubiertas vegetales, encontrándose disponible para las plantas en forma de NH₄⁺ y NO₃⁻. El NH₄⁺ proviene de la descomposición de la materia orgánica, proceso conocido como mineralización de N2 o amonificación, el cual es realizado por bacterias, hongos, protozoos y nemátodos de vida libre los que también producen NH4+ como desecho metabólico. Además, éstos pueden distribuir poblaciones de bacterias relativamente inmóviles potenciando así sus actividades metabólicas en el suelo. Recientemente hemos aislado la cepa amonificante Pseudomonas sp TMP2/3, la que in vitro atrae al nemátodo bacterívoro Caenorhabditis elegans, el que la ingiere, la utiliza como alimento y la dispersa. En consecuencia es posible pensar que la asociación bacteria amonificante-nemátodo bacterívoro, debería aumentar los niveles de NH4+ en el suelo de la zona radicular de las plantas. Para poner a prueba esta idea se realizaron ensayos en tubos con 20 gr de suelo franco arcilloso estéril, preparado con Pseudomonas sp TMP2/3 (107 UFC/gr de suelo) y nemátodos bacterívoros nativos de vida libre (Cephalobidae y Rhabditidae; 10 nemátodos/gr de suelo); en cada uno de 35 tubos se sembró una semilla pre-germinada estéril de Lycopersicon esculentum. Las plántulas de tomate se incubaron con un fotoperíodo de 15 h luz, durante 35 días. Usando un electrodo ión-selectivo determinamos que los niveles de NH4+ en el suelo aumentan significativamente con el tratamiento bacteria amonificante-nemátodo bacterívoro, respecto a los controles sin adición de microorganismos ó con adición de bacterias y nemátodos por separado. Además, determinamos que el número de nemátodos aumenta y que los niveles de la bacteria se mantienen encontrándose ésta en estrecha asociación con la raíz. Concluimos que la asociación nemátodo - bacteria actúa como un biomejorador de la fertilidad del suelo. Proyecto D.I. PUCV 122.774/2003.

126. BACTERIAS DEGRADADORAS DE ACIDO 2,4-DICLOROFENOXIACETICO Y CAPTAN, AISLADAS DESDE SUELOS DE LA VIII REGION, CHILE. (2,4-dichlorophenoxyacetic acid and captan degrading bacteria, isolated from soils of the VIII Región, Chile). Aguayo J., Martínez, M. Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. joaguayo@udec.cl

Para mejorar la producción agrícola se utilizan pesticidas, los cuales generalmente son recalcitrantes y tóxicos; afectan también al componente bacteriano. En este trabajo se estudió la capacidad de bacterias aisladas desde suelos agrícolas de la VIII Región, para degradar ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D)

y captan.

Para ello se prepararon microcosmos conteniendo 90 ml de Medio Salino (MS) y 10 g de suelo agrícola, adicionados con 2,4-D y captan en concentraciones de 50, 100, 200 o 400 μgml⁻¹, incubados por 10 días (30°C, 120 r.p.m.). La degradación fue seguida por espectrofotometría UV (250-350 nm). En todos los tratamientos se constató la desaparición de 2,4-D. Se aislaron cuatro cepas, 3 bacilos Gram negativos no fermentadores y un bacilo Gram positivo, con capacidad para degradar 2,4-D (100 μg ml⁻¹). Estas cepas también degradaron el 65% de la concentración de captan (100 μg ml⁻¹). Pero, como única fuente de carbono los pesticidas no permitieron el crecimiento bacteriano.

En suelos agrícolas de la VIII Región existen bacterias con la capacidad para degradar 2,4-D y captan,

las que participarían en procesos de autodepuración.

Financiado: Proyecto DIUC 202.036.021-1.0

127. IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS DEGRADADORAS DE SIMAZINA Y CARACTERIZACIÓN DE SUS GENES CATABÓLICOS. (Identification of simazine degrading bacteria and characterization of their catabolic genes). ¹Ávila M., ¹Hernández M., ¹Villalobos P., ²González B. y ¹Seeger M. ¹Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento Química, Universidad Técnica Federico Santa María. ²Laboratorio de Microbiología, Facultad Ciencias Biológicas, PUC. marceavi@hotmail.com.

La simazina [2-cloro-4,6(etilamino)1,3,5-triazina] es un herbicida persistente que es ampliamente empleado en Chile y en el mundo. Existen comunidades microbianas que presentan sistemas enzimáticos que degradan estos compuestos. Utilizando suelos agrícolas del valle del Aconcagua tratados con este herbicida, se aislaron diversas cepas bacterianas que utilizan simazina como única fuente de nitrógeno. El presente trabajo tiene como objetivo la identificación de las cepas aisladas por medio de secuenciación y análisis de restricción del gen que codifica para el ARN ribosomal 16S y la caracterización molecular inicial de los genes catabólicos de estos aislados. A través del análisis de fragmentos de digestión (RFLP) del gen del ARN ribosomal 16S, se ha logrado diferenciar por lo menos 10 patrones de restricción, que probablemente corresponden a distintas especies bacterianas. Por secuenciación del gen ARNr 16S, se han identificado los géneros Pseudomonas, Stenotrophomonas, Rhodococcus y Arthrobacter. Por otra parte, mediante PCR, se ha logrado detectar la presencia en algunos aislados, de los genes atzA, atzB y atzC de la ruta catabólica de triazinas. Alineamientos de las secuencias de estos genes muestran el altísimo grado de homología de los genes atz lo que concuerda con lo descrito en la literatura. Este grado de conservación probablemente se deba a que estos genes estarían codificados en elementos transferibles. Los datos de caracterización bacteriana de estos aislados nos permitirán identificar y monitorear a estos microorganismos cuando sean utilizados en experimentos posteriores de biorremediación.

Financiamiento: Proyectos EU-ICA4-CT-2002-10011 y USM Nº 130322.

128. MONITOREO DE LA REMOCIÓN DE COMPUESTOS FENOLICOS, MEDIANTE BIOSENSORES BACTERIANOS, EN UN EFLUENTE DE BLANQUEO DE PULPA KRAFT, SOMETIDO A TRATAMIENTO BIOLÓGICO. (Monitoring of the removal of phenols compounds, through bacterial biosensors, in a Kraft pulp mill effluent, submitted to biological treatment). Campos V., Veas J., Mondaca M.A, Zaror C. (1) Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. (2)Departamento de ingeniería Química, Facultad de Ingeniería. Universidad de Concepción. Casilla 152-C. vcampos@udec.cl.

Existe un consenso de que los principales contaminantes, de mayor impacto ambiental, se generan en los procesos de blanqueo de pulpa celulósica, por lo que se hace necesario, además de revertir el impacto negativo, implementar nuevas técnicas que permitan determinar en forma efectiva la presencia de compuestos tóxicos. El objetivo del trabajo fue cuantificar la remoción de compuestos fenólicos sustituidos en muestras de un efluente de pulpa kraft, tratado en un bioreactor bajo condiciones aeróbicas y anaeróbicas, mediante la aplicación de tres biosensores bacterianos. Los estudios fueron realizados incubando tres cepas de *E. coli* DmpR en presencia de un efluente previamente sometido a tratamiento biológico. La capacidad de detectar y cuantificar los compuestos fenólicos fue evaluada mediante ensayos de B-galactosidasa. Las tres cepas ensayadas presentaron un rango lineal de detección entre 0.2 uM y 75 uM en presencia de mezclas de compuestos fenólicos sustituidos. Las cepas bacterianas ensayadas presentaron un crecimiento estable y fueron capaces de cuantificar la remoción de fenol en muestras de ambos bioreactores. De acuerdo a los resultados obtenidos, se puede concluir que los biosensores bacterianos pueden ser utilizados para el monitoreo de compuestos fenólicos.

DETERMINACION CUALI-CUANTITATIVA DE BACTERIAS HETEROTRÓFAS RELACIONADAS CON EL CICLO DEL NITRÓGENO, AISLADAS DE AGUA Y SEDIMENTOS RECOLECTADOS EN FIORDOS Y CANALES DE LA XI REGIÓN, CHILE. (Qualitative and quantitative determination of heterotrophic bacteria related with the nitrogen cycle isolated from seawater and sediments collected from fiords and channels of the XI Región, Chile). Garay Y. & Valenzuela E. Instituto de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de

Chile, vosse g@hotmail.com, evalenzu@uach.cl

El N₂O, ha cobrado importancia por su relación con la destrucción de la capa de ozono y el efecto invernadero. Su producción en los océanos se debe a microorganismos que realizan procesos de nitrificación, desnitrificación y reducción desasimilatoria de nitrato. De ahí el interés por conocer los aportes de N2O por estos microorganismos. El área de estudio del proyecto CIMAR-FIORDO 7 corresponde a canales y fiordos de la XI Región. Se recolectaron muestras de agua y sedimento en dos muestreos (agosto y noviembre) en 23 estaciones. Las muestras de agua se tomaron de manera individual por medio de una roseta y las de sedimento se extrajeron utilizando una draga mecánica. Cada una de las muestras se sometió a diluciones seriadas, sembradas en forma independiente y por triplicado en placas Petrí con agar standard methods e incubadas a 15 ± 2 °C por 10 días. Independiente de la estación de muestreo, época, profundidad y origen de la muestra, predominaron los bacilos Gram negativos (87 %) destacando Alcalígenes, Vibrio y Pseudomonas. Las bacterias del ciclo del nitrógeno predominante fueron: nitrato amonificantes con un máximo (1.800.000 bacteria/g. sed.) en muestras de sedimento del segundo muestreo seguido por las desnitrificantes (140.000 bacterias/g. sed.), éstas podrían participar en la emisión de N2O a la atmósfera. Financiamiento PROYECTO CIMAR-FIORDO 7.

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE CEPAS BACTERIANAS CAPACES DE DEGRADAR HERBICIDAS EN EL VALLE DEL ACONCAGUA. (Isolation and characterization of bacterial strains able to degrade herbicides from the Aconcagua valley). Hernández M., Cámara B., Villalobos P., González M., y Seeger M. Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile. matehg@hotmail.com

La biorremediación emplea microorganismos para la degradación de contaminantes en distintos ambientes, como suelos y aguas marinas. La simazina, un herbicida perteneciente a la familia de las triazinas ampliamente usado en la agricultura, es muy persistente existiendo el riesgo que contamine aguas superficiales y subterráneas. Se postuló que en suelos agrícolas del valle del Aconcagua tratados con herbicidas tipo triazinas existen bacterias aerobias capaces de degradar estos compuestos. Para aislar microorganismos que degradan triazinas se tomaron muestras de suelos de paltos Persea americana y de caquis Diospyros chinensis tratados con simazina y suelos control. Por enriquecimiento en medio líquido AM se aislaron 32 cepas capaces de degradar simazina y utilizarla como única fuente de nitrógeno. De acuerdo a la morfología de las colonias en medio TSA los aislados bacterianos se diferenciaron en diversos grupos. Se determinó que 27 cepas son Gram negativas, todas de forma bacilar, y 5 son Gram positivas, tres de forma cocacea y dos de forma bacilar. Utilizando el sistema Biolog se identificaron los aislados P41 y P51 como Pseudomonas sp. y Stenotrophomonas maltophilia, respectivamente. Mediante microscopía electrónica de transmisión se determinó la morfología celular de las cepas P41, P51 y P52. Con algunas cepas aisladas se realizaron ensayos de Estos microorganismos contribuirán al desarrollo de procesos de ecodegradación de triazinas. ingeniería tendientes a eliminar estos xenobióticos del ambiente.

Financiamiento: Proyectos EU ICA4-CT-2002-10011, Perkin Elmer y USM Nº 130322.

131. ANÁLISIS DE LA BIODIVERSIDAD MICROBIANA Y SU POTENCIAL DEGRADATIVO EN MICROCOSMOS DE SUELOS EXPUESTOS A 2,4-D. (Microbial biodiversity analysis and its degradative potential in soil microcosms exposed to 2.4D)

Manzano M, Morán AC, González B. Dpto. de Genética Molecular y Microbiología. Fac. de Cs. Biológicas. P. Universidad Católica de Chile, Santiago, CHILE. mmanzano@genes.bio.puc.cl

2,4-D es un herbicida cloroaromático, de toxicidad conocida. Estudiamos el impacto de este compuesto en la biodiversidad microbiana y su potencial degradativo en suelos agrícolas expuestos a una formulación comercial del 2,4-D, el DMA-6. Se hicieron microcosmos con 5 g de tierra agrícola proveniente de la Quinta región. Estos suelos fueron incubados por 7, 30 y 60 días, con la concentración habitualmente usada en agricultura y otra 8 veces mayor. La concentración del 2,4-D en suelo fue medida por HPLC; la biodiversidad microbiana fue estudiada mediante T-RFLP y la presencia de genes catabólicos asociados a la degradación de 2,4-D fue determinada por PCR. Se encontró que los suelos poseen la capacidad de degradar rápidamente incluso la concentración más alta de 2,4-D, a los 30 días. El gen tfdA, que codifica para la primera enzima de la degradación del 2,4-D, se detectó en DNA metagenómico de las muestras a los 7 y 30 días. Los patrones de biodiversidad microbiana fueron levemente alterados por la presencia del herbicida a los 7 días. No se observó la desaparición ni aparición de señales correspondientes a especies bacterianas. Se ha descrito que las funciones enzimáticas que degradan el 2,4-D se encuentran asociadas a plasmidios catabolicos de rápida transferencia horizontal, lo que podría explicar que estos suelos no muestren gran alteración en su comunidad microbiana por la presencia de este compuesto.

Financiamiento: Proyecto ACCESS-ICA4-CT-2202-10011, Comunidad Europea.

132. EFECTO DE LA HISTORIA DE TRATAMIENTO DE SUELOS CON SIMAZINA EN LA ESTRUCTURA DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS Y SU POTENCIAL DE BIODEGRADACIÓN (Effect of simazine treatment soil history on microbial community structures and biodegradation potential). Morán AC., Manzano M., González B. Dpto de Genética Molecular y Microbiología. Fac. de Cs. Biológicas. P. Universidad Católica de Chile, Santiago, CHILE. E-mail: amoran@genes.bio.puc.cl.

La simazina es un herbicida usado en agricultura, cuya potencial toxicidad motiva la investigación de su degradación microbiana. De una plantación de paltos en el valle del Aconcagua se tomaron muestras de suelos con 10 años de aplicación de simazina y de suelos no cultivados y sin tratamiento. Con estos se realizaron microcosmos de 5 g con una concentración similar a la que se aplica en campo (5 ppm) y otra 8 veces mayor. Con la concentración mayor se encontró que después de 60 días en el suelo con historia se había degradado el 97 % de la simazina mientras que en el suelo sin historia sólo se degradó un 36 %. A partir del DNA extraído de estos suelos se estudiaron las estructuras de las comunidades microbianas por T-RFLP y se detectó por PCR la presencia de genes asociados al catabolismo de la simazina (atzABC), previamente descriptos para Pseudomonas sp. ADP. Los análisis de T-RFLP no revelaron cambios notables atribuibles a la aplicación del herbicida. El gen atzA pudo ser detectado en los microcosmos del suelo con historia con la mayor concentración de herbicida. En muestras recientes de los mismos suelos tomadas antes y después de la aplicación del herbicida en el campo tampoco se observaron variaciones en los T-RFLPs, y también se pudo detectar la presencia del gen atzA después de 30 días de la aplicación. Estos resultados sugieren que el potencial de biodegradación, adquirido por la historia de tratamiento del suelo, no estaría mediado por el aumento de alguna especie microbiana en particular.

Financiamiento: Proyecto ACCESS ICA 4-CT-2202-10011 de la Comunidad Europea.

133. METABOLISMO DE S-TRIAZINAS POR BACTERIAS AISLADAS DESDE SUELOS AGRÍCOLAS CONTAMINADOS CON HERBICIDAS. (S-triazine metabolism by isolated bacteria from herbicides contaminated agricultural soils). Villalobos, P., Hernández, M., Ávila M., González, M. y Seeger, M. Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Microbiología Molecular. Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaiso, Chile. biaggini@cvmail.cl.

La degradación de herbicidas por bacterias en el suelo está modulada por factores bióticos y abióticos. La disponibilidad y competencia por nutrientes, inciden en los tiempos de residencia de estos compuestos en el ambiente. Las s-triazinas, herbicidas usados ampliamente en el cultivo de Persea americana y Diospyros chinensis, son utilizados como fuentes de nitrógeno por diversos géneros de bacterias. Las cepas Pseudomonas sp. P41, Rhodococcus sp. C45, Stenotrophomonas maltophilia P51 y Arthrobacter sp. P52 fueron aisladas desde suelos agrícolas tratados con simazina. Para conocer el metabolismo de triazinas de estas cepas, se crecieron empleando como fuente de nitrógeno simazina o un intermediario metabólico como el ácido cianúrico. Las cuatro cepas crecen con simazina, pero sólo Pseudomonas sp. P41, y Rhodococcus sp. C45 son capaces de crecer usando ácido cianúrico como única fuente de nitrógeno. Al emplear simazina y ácido cianúrico conjuntamente como fuentes de nitrógeno, el crecimiento se ve afectado en las cepas S. maltophilia P51, Arthrobacter sp. P52 y menormente en Rhodococcus sp. C45. La presencia de genes catabólicos de triazinas, dados por la amplificación de regiones conservadas de éstos, y el comportamiento de las cepas frente a las triazinas y sus intermediarios metabólicos sugieren un posible mecanismo de regulación de la expresión génica. El conocimiento de la fisiología del catabolismo de las triazinas representan las bases para modelar la biodegradación de estos herbicidas en el contexto de biorremediar suelos contaminados. Financiamiento: Proyectos EU ICA4-CT-2002-10011, Perkin Elmer y USM Nº 130322.

134. VIGILANCIA MICROBIOLÓGICA DEL ESTERO POCOCHAY. (Microbiological Surveillance of the Tideland Pocochay).

Domínguez E. y Cid M. Laboratorio Ambiental, Departamento Subdirección Ambiental, Servicio de Salud Viña del Mar-Quillota. labo@ssvq.cl

En el transcurso de tres meses se llevó a cabo un programa de vigilancia a los canales que se encuentran aledaños al Estero Pocochay, con el fin de monitorear la calidad microbiológica de las aguas destinadas a regadío. Durante la toma de muestra se contó con el apoyo de la Oficina del Servicio de Salud Viña del Mar-Quillota de la ciudad de Quillota. El muestreo totalizó cuarenta muestras de agua, de las cuales seis correspondían a aguas de pozo, otras seis a emisarios y las veintiocho restantes provenientes directamente de los canales. Las muestras fueron analizadas para determinar el contenido de coliformes fecales basándose en las técnicas internacionales, Número Más Probable NMP, (FDA/BAM, 8° ed.) y en la técnica convencional del Instituto de Salud Pública de Chile (ISP). De acuerdo con los resultados arrojados por los análisis, los sectores que superan el límite permitido impuesto por la Norma Chilena Nch 1333-1978, corresponden al sector El Mauco (1,3x10⁴ NMP/100ml), San Isidro (7,9x103 NMP/100ml), San Pedro (4,9x103 NMP/100ml), dichos resultados evidencian un riesgo importante para la población, puesto que están expuestos a contraer bacterias patógenas por medio del consumo de verduras y frutas crudas regadas con éstas aguas. Una de las causas de esta elevada contaminación, puede deberse a la cercanía que existe de los emisarios con estos cursos de agua que se utilizan en regadío y así lograr contaminar frutas y verduras que crecen a ras de suelo.

135. EVALUACIÓN DE LA EFICIENCIA DE INACTIVACIÓN DE MICROORGA - NISMOS POR EL MÉTODO DE DESINFECCIÓN SOLAR DE AGUAS (SODIS)

(Testing The Efficiency of the Microbial Inactivation by Solar Water Desinfection Method (Sodis).

Iriarte M., Almanza G., Encinas J., Jarro R., Navarro L., Romero A.M., Wegelin M.

Centro de Aguas y Saneamiento Ambiental, Universidad Mayor de San Simón Cochabamba Bolivia.

Mechyi 2@hotmail.com

Se ha desarrollado una nueva metodología de desinfección del agua, a través de la radiación solar, la cual es de bajo costo y accesible en cualquier lugar del mundo. Los microorganismos son inactivados mediante una combinación de temperatura y radiación (método SODIS), bajo esta hipótesis se determinó y evaluó la eficiencia del método SODIS.

Se inocularon cultivos puros de microorganismos en botellas PET transparentes conteniendo 2L de agua. Se expusieron las botellas al sol. Se hizo un conteo de microorganismos viables y no viables,

antes y después de SODIS, los resultados fueron analizados por el test de varianza.

No se detectaron bacterias Coliformes termotolerantes después de la quinta hora de exposición a SODIS, los quistes de *Giardia lamblia* y ovoquistes de *Cryptosporidium parvum* se encontraron viables después de 7 horas de exposición, con un 50% y 40% de inactivación respectivamente. Colifagos tuvo una inactivación del 90% a las 10 horas de exposición. *Salmonella typhi* un 100% después de 6 horas de exposición.

La desinfección solar del agua (SODIS) es un método efectivo para destruir bacterias, su eficacia para matar otro tipo de microorganismos como virus y protozoarios depende de la dosis de radiación,

temperatura, tiempo de exposición al sol, así como de las condiciones climáticas.

Financiamiento: Instituto Federal Suizo para Ciencias y Tecnología Ambientales (EAWAG), Centro de Aguas y Saneamiento Ambiental Facultad de Ciencias y Tecnología, UMSS Cochabamba, Bolivia.

136. CALIDAD BACTERIOLÓGICA DEL AGUA DE POZOS PARA CONSUMO HUMANO, DE LAS PEÑAS (LA PAZ-CATAMARCA.REP..ARG.) (Bacteriological Quality of Water Underground for Human Consumption in Las Peñas (La Paz-Catamarca).

Vedia, A. Tomasi, G;. Monferran, C; Marcolongo, R; Liz,A; Cátedra de Microbiología. Facultad de Ciencias. Exactas y Naturales. U.N.Ca. E.-mail: ana2082002@yahoo.com.ar

La localidad de Las Peñas (La Paz-Catamarca), por ser una zona rural y alejada de los sitios de distribución de agua potable, tiene como única fuente para el consumo humano, la que proviene de pozos. El presente trabajo tiene como objetivos: evaluar la calidad bacteriológica de las aguas subterráneas para consumo humano según los índices establecidos por el Código Alimentario Argentino y relacionar la carga bacteriana del agua de los pozos con las temperaturas ambiente y del agua. Los muestreos se realizaron desde Diciembre de 2001 a Septiembre de 2002; se obtuvieron en total 12 muestras, en tres pozos, con registro de temperaturas ambiente y del agua. El análisis bacteriológico se realizó siguiendo las técnicas del Standard Methods (A.P.H.A.- A.W.W.A.-W.P.C.F.). Para el análisis estadístico se utiliza SPSS. Los resultados obtenidos muestran que la calidad bacteriológica del agua para coliformes de los tres pozos no es apta para consumo humano, según lo establecido en el Código Alimentario Argentino. Se evidencia una relación directa entre la temperatura y la carga bacteriana.

Proyecto: "Prevalencia de las parasitosis intestinales relacionadas con factores epidemiológicos y ecológicos en zonas rurales de los departamentos Paclín y La Paz". Aprobado y subsidiado por la

Secretaría de Ciencia y Tecnología. UNCa.

137. DETECCIÓN DE Salmonella SPP. EN CRIANZAS ARTESANALES DE GALLINAS AUTÓCTONAS CHILENAS MEDIANTE TÉCNICAS MICROBIOLÓGICAS Y MOLECULARES (Reacción en Cadena de la Polimerasa, PCR). Salmonella Spp. Detection in Chilean Craft Poultry Flocks Trough Both Microbiological and Molecular (Polimerase Chain Reaction) Techniques.

López, J.; A. Latorre & P. Gädicke

Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de Concepción, Campus Chillán. <u>jlopez@udec.cl</u>. Fono (56) 42-273201 Fax (56) 42-273201

Este estudio tuvo como objetivo principal detectar Salmonella Spp. en huevos de gallinas de crianzas artesanales de la VIII Región del Bío-Bío, indicar el riesgo potencial para la salud de la población consumidora de huevos "de campo" y realizar una comparación de los hallazgos obtenidos mediante la técnica tradicional de aislamiento microbiológico del patógeno con aquellos obtenidos a través de la realización de pruebas de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR).

Se realizó un muestreo a 10 crianzas de aves de tipo artesanal, en zonas rurales de la provincia de Nuble. En todos los lugares estudiados se efectuaba venta de los huevos de la crianza familiar. Fueron tomadas un total de 320 muestras, de las cuales 89 correspondían a huevos de "campo", 142 a tórulas cloacales y 89 a muestras ambientales (gallineros, nidales, alimento y agua). El aislamiento microbiológico se llevó a cabo según el procedimiento de FDA/AOAC/BAM y para la determinación de Salmonella Spp. mediante PCR se llevó a cabo el protocolo para detección de Salmonella en heces (invA PCR) en 172 de las muestras. (11 positivas microbiológicamente y 161 muestras negativas escogidas al azar). Para la realización de la prueba de concordancia entre ambas pruebas se utilizó el Software Win Episcope®.

En el 12.3% de las muestras ambientales y en el 2.11% de las tórulas pudo determinarse la presencia de Salmonella Spp. Asimismo, fue detectada en el 3.37% de los huevos muestreados. Según los resultados obtenidos mediante PCR, fue posible detectar el patógeno en el 17.2% de las muestras analizadas. Los resultados obtenidos en el Test de Concordancia, señalan un valor Kappa de 0.746, lo cual indica un alto nivel de concordancia entre ambas pruebas. La prevalencia de Salmonella Spp. tanto en los sistemas productivos artesanales estudiados como en los huevos provenientes de ellos, fue superior a la señalada para crianzas comerciales, lo cual indica un riesgo potencial para quienes consumen este tipo de productos y fue posible establecer que el PCR es una técnica válida para la detección de Salmonella Spp. en muestras de campo y huevos, siendo una herramienta de gran valor diagnóstico, especialmente para investigación de brotes de ETAS, dada su precisión, validez y rapidez en la entrega de los resultados.

Financiamiento: "Dirección de Investigación Universidad de Concepción". Proyecto DIUC Nº 202.152.013-1.0 y Departamento de Patología y Medicina Preventiva de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad de Concepción.

138. EMPLEO DE rep-PCR PARA LA IDENTIFICACIÓN Y TIPIFICACIÓN MOLECULAR DE Clostridium chauvoei. (Use of rep-PCR for identification and molecular typing of Clostridium chauvoei).

Rozen, E; Mattar, A; Cortiñas, T y Guzmán AMS. Area Microbiología. Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis, Chacabuco y Pedernera. C.P. 5700. San Luis. Argentina. E-mail: ticor@unsl.edu.ar

Clostridum chauvoei es el agente causal de la mancha, enfermedad que afecta principalmente al ganado bovino y ovino y evoluciona con un alto índice de mortalidad. No es fácil el diagnóstico de C. chauvoei en base a características fenotípicas, por lo tanto también se han propuesto métodos genéticos que incluyen la amplificación del gen 16S rRNA (rrs) y de la flagelina (fliC). Con el objeto de encontrar un método molecular más rápido y sencillo que permita la tipificación y la identificación de C. chauvoei de otras especies clostridiales relacionadas, se analizó el método de PCR basado en la presencia de secuencias repetitivas (rep-PCR) empleando el oligonucleótido iniciador BOX A1R. Se estudiaron 6 cepas de referencia y 12 locales aisladas a partir de animales muertos en la provincia de San Luis. Se obtuvieron perfiles genómicos (100% de tipeabilidad) con un número variable de bandas (entre 11 y 17) y rango de tamaño entre 200 pb y 3950 pb. El método presentó una alta reproducibilidad y los dendrogramas resultantes diferenciaron entre las especies de C. septicum, C. perfringens, C. sporogenes y C. chauvoei estudiadas, (similitud de perfiles genómicos (S) entre 5 y 21%), y entre cepas de referencia y locales de C. chauvoei (S = 69 %) pero no locales entre sí. Este es el primer informe donde se demuestra que rep-PCR permite discriminar a nivel de especie en Clostridium y a nivel de cepas de distinto origen geográfico, por lo cual podría ser considerado un método de elección para la identificación de C. chauvoei.

Proyecto CyT 8803 UNSL CONICET 2430/00

INDICE DE AUTORES

Abaca P	103, 106	Bonjoch X	86
Abarca C	105	Borie C	113
Abarza J	106	Bórquez J	87
Abdón A	85	Brevis P	103,106
Acevedo F	76,108	Bruce E	68,70
Acuña M	99	Bucarey S	66
Adriazola P	62,111	Bueno S	67
Aguayo J	120	Bustamante F	70
Aguilera LE	115	Cabello D	85
Aguilera MO	111	Cachicas V	92
Alarcón V	93	Calderón I	66,67,83
Albornoz M	106	Cámara B	112
Alíster C	96	Campano M.	119
Almanza G	125	Campos V	79,117,121
Almarza O	75	Canales A	68,76
Altamirano C	116	Cancino J	98
Altamirano F	69	Cancino R	98
Alvarez E	103	Cárdenas M	99,114
Amaral M	85	Carrión F	93
Arancibia C	110,112,113	Carter J	68
Arancibia M	85	Carú M	116
Araneda P	120	Casali Y	65
Aravena C	96	Castillo D	78
Araya C	88	Castillo JA	74
Araya J	87,94,95,96,118	Castro E	90,108
Araya M	67,83	Cattan PE	87
Araya MA	66	Cerda F	102,112
Araya R	58,104	Cid M	108,124
Araya V	89	Cifuentes V	82
Arbildua JJ	74	Clarke M	61
Ardiles E	110	Colque P	83,84,86,96
Aroca G	76,116 0 10 52	Collado D	104
Arrieta A	76,116 n° poste 57	Collado L	70
Aspe E	78,80	Contreras I	68,69
Astete E	108	Cordero E	94,95
Astorga B	93	Cornejo A	94
Avendaño F	103	Corsini G	69
Avendaño R	53	Cortes M	94
Avila M	121,124	Cotoras M	105
Banderas A	77	Chamy R	120
Barahona S	82	Chamy M	79
Barrales I	61	Chávez M	116
Barría D	115	da Silveira F	94,95
Bastidas J	116	Darías J	87
Becerra S	89,104	Davicino R	65
Bello H	72,96,97,98,101,103	Delgado C	62
Benz R	75	Demergasso C	54,78
Betancourt O	82,107	Di Genaro MS	100,114
Bittner M	69	Díaz MC	105
Blanch AR	86	Diaz MI	65
Boehmwald F	119	Díaz P	72
Bohle H	103	Domínguez E	102,12472,96,97,98,101

Marcolongo R	125	Palomino M	93
Marchesse J	85	Papageorgiou	86
Marolda C	72	Pastén B	84
Marshall S	75	Pedrós-Alió C	45
Martínez M	80,120	Pérez JM	66,67,83
Martínez P	63,65	Pérez M	94
Martínez Y	104	Pieper DH	79
Mattana C	64	Pissarides N	86
Mattar A	114	Pizarro C	79
McKay C	37,118	Poggi H	91
Mejías E	90	Ponce M	113
Mella S	72,96,97,101	Prado V	71,75
Méndez F	84	Quijada C	107
Mendoza L	104,117	Quilodrán S	62,80
Mercado G	69	Rainey F	38,118
Meserve PL	115	Ramírez G	98
Messina G	85	Ramos L	97
Micalizzi B	65	Ramos-Cormen	
Miranda, E	89	Raya R	71
Mobarec JC	77	Rebolledo C	120
Möllby R	36, 40, 84,86,96	Rehren G	88
Monardez V	118	Retamales P	82
Monasterio OR		Reyes A	102,110
Mondaca MA	60,79,121,	Riffo C	61
Monferran C	125	Ríos S	112
Montenegro E	117,119	RiquelmeC	46, 58,59,60,61
Monteoliva-sán		Rivas P	99,110,112,113
Mora G	66,67,73,100	Rivera A	88 63,88
Moraga R Morales ME	52	Rivera N Riveros B	92
Morales R	62,97 112	Robeson J	113,119
Morán AC	123	Rodas P	73
Moreno J	93	Rodríguez C	104
Muñoz F	107	Rodriguez CC	95
Muñoz J	98	Rodriguez S	94
Muñoz O	85	Rojas D	67
Murillo A	67	Romeo E	91
Nataro J	71	Romero A	70
Navarrete E	93	Romero AM	125
Navarrete P	110	Rovirosa J	57
Navarro C	66,67,83	Ruiz M	99,114
Navarro R	37	Ruiz-Tagle N	80,81
Navarro L	125	Saa JL	91
Neira I	94	Saavedra C	66,67,83
Nina K	112	Sabini L	64
Nuñez D	76	Sagua H	87,94,95
Núñez H	71	Salas A	72
Obrest A	92	Salas E	119
Ogawa M	45	Saldías F	80
Olivares H	87,118	Saldías MS	72
Ortiz E	70	Saldías S	55,69
Otth L	83,98,99	Salgado F	80,81
Palacios JL	64,65	Salinas AM	91
Palavecino C	88	San Martín A	57,61
Palma I	90	Sánchez M	90
Palma M	84	Sandino AM	91

C 1	101	V-11-1	0.1
Sanhueza A	101	Valdebenito E	81 87
Santander E	59	Valderrama JA	65
Santander J	113,119	Valdivia A	
Santiviago C	73	Valenzuela C	60
Scarpa C	82	Valenzuela E	115,122
Seeger M	121,122,124	Valenzuela S	77
Sepúlveda D	82	Valvano MA	35,42,72
Sepúlveda V	106	Vargas T	77
Silva F	59	Vásquez A	68,92
Silva J	38, 90,96,104	Vásquez C	66,67,83
Silva V	105	Veas J	121
Singer R	98	Vedia A	125
Skraber S	86	Vega A	64,114
Slimming M	119	Vega AE	65
Söderquist B	84	Velásquez F	92
Solís G	99	Velásquez L	114
Sossa K	80,81	Venegas A	63,64,65,68,70
Sossa PP	95	Vergara C	111
Soto J	91	Vicarioli J	72
Soto R	91	Vicente M	44
Stagnitta PV	111	Vidal M	75,105
Stefanini de G.	100,114	Vidal R	75
Stege PW	65	Viera A	102
Styles J	87	Villagra N	100
Suárez A	117	Villagrán K	82,107
Sui B	71	Villalobos P	121,122,124
Tamashiro	100	Villanueva J	57
Tantaleán JC	66,83	Villarroel M	88
Tapia C	60	Wallis J	86
Tapia C	105	Wegelin M	125
Taylor H	86	Wilkens M	117 Noposter 119
Tello M	74	Wilson M	98
Tello P	76	Wozniak A	82
Tellez-Iñon MT	48	Yoshida N	47,94
Tesser B	100	Youderian P	67
Tobar J	101	Yung V	92
Toledo I	89	Zahr M	75
Toledo P	106	Zaldívar M	61,68
Tomasi G	125	Zambrano A	89
Toro C	71	Zapata M	61
Trabal N	101	Zaror C	121
Trefault N	74	Zaror L	58,103
Trombert N	66,67	Zárraga AM.	88
Troncoso M	97,99,102,110,111,112,113,114	Zemelman R	41,72,96,99,101
Urdanivia R	89	Zepeda V	78
Urrutia H	78,80,81	Zurita P	113
~	100 T. F. T.	WAS THE BOOK OF	WEST-REPORT