

LIBRO DE RESUMENES

**XV Congreso Argentino de Microbiología
(CAM 2019)**

**V Congreso Argentino de Microbiología de
Alimentos
(V CAMA)**

**V Congreso Latinoamericano de Microbiología
de Medicamentos y Cosméticos
(CLAMME 2019)**

**XIV Congreso Argentino de Microbiología
General
(XIV SAMIGE)**

Asociación Argentina de Microbiología (AAM)

25 a 27 de septiembre de 2019
Golden Center Eventos
Int. Cantilo e Int. Güiraldes s/n.
Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

ISBN 978-987-46701-5-1



XV Congreso Argentino de Microbiología - CAM 2019.
V Congreso Argentino de Microbiología de Alimentos - V CAMA.
V Congreso Latinoamericano de Microbiología de Medicamentos y Cosméticos -
CLAMME 2019:
libro de resúmenes / compilado por Paula Gagetti; María Victoria Preciado; María
Alejandra Picconi. - 1a ed. - Ciudad Autónoma de Buenos Aires: Asociación
Argentina de Microbiología, 2019.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online
ISBN 978-987-46701-5-1

1. Microbiología. I. Gagetti, Paula, comp. II. Preciado, María Victoria, comp. III.
Picconi, María Alejandra, comp.

CDD 579.0282

XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

Comisión Organizadora CAM 2019

Presidente:	María Alejandra Picconi
Vicepresidentes:	Adriana Sucari Gustavo Giusiano
Secretaría General:	Viviana Mbayed
Secretaría de Actas:	Sandra Pampuro
Tesorería:	Nora López Roberto Suárez Álvarez
Secretaría Científica:	Paula Gagetti María Victoria Preciado
Comité Científico:	Iris Agorio Marisa Almuzara Cybele García Walter Mazzini Ricardo Rodríguez Diego Sauka Diana Vullo Inés Zapiola
Secretaría Técnica:	Silvia Raffellini
Comité Técnico:	Flavia Amalfa Silvina Fernández Giuliano Alfonsina Moavro Irma Morelli Daniela Russo Gabriela Turk Claudio Valverde Verónica Vogt Esteban Zarankin

Comisiones Organizadoras de Congresos vinculados

V CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA DE ALIMENTOS (V CAMA)

Presidente:	Gerardo Leotta
Vicepresidente 1º:	Gabriel Vinderola
Vicepresidente 2º:	Sergio Epszteyn
Secretaria General:	Celina Horak
Secretaria de Actas:	Celia Melamed
Secretario Científico:	Juan Martín Oteiza
Comité Científico:	Carina Audisio Jorge Culasso Virginia Fernández Pinto Patricia Knass Andrea Patriarca Nancy Passalacqua María Laura Sánchez Marcelo Signorini Porchietto Cristian Suarez

V CONGRESO LATINOAMERICANO DE MICROBIOLOGÍA DE MEDICAMENTOS Y COSMÉTICOS (V CLAMME)

Presidente:	Sergio Iglesias
Vicepresidente:	Graciela Torno
Secretaria General:	Andrea Cueli
Secretaria de Actas:	Mariana Scotto
Secretarios Científicos:	Mónica Lagomarsino Walter Mazzini
Vocales:	María Cristina Fernández Celina Horak Roxana Monardez

XIV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA GENERAL - SAMIGE (XIV SAMIGE)

Leonardo Curatti (Tesorero)

Marcela Ferrero

Estela Galván (Revisora de Cuentas)

Eleonora García Vescovi (Presidente)

Nancy López

Laura Raiger Iustman (Pro-Secretaria)

Daniela Russo

Andrea Smania (Vice-Presidente)

Claudio Valverde (Secretario)

Diana Vullo

Oswaldo Yantorno (Presidente Saliente)

XIV Congreso Argentino de Microbiología General (XIV SAMIGE)

utilizando el gen que codifica para la enzima metano monooxigenasa (pmoA) y las bacterias totales utilizando el gen que codifica para la subunidad menor del ARN ribosomal. Como control se cuantificaron bacterias nitrificantes, utilizando el gen que codifica para la enzima que cataliza la oxidación de amonio (amoA).

Resultados: Según el IR4 medido, el material se estabiliza después de 1 mes de aplicado, al disminuir hasta un valor de $(1,5 \pm 0,4)$ mg CO₂/g MS en abril. La qPCR reveló una distribución uniforme de copias de 16S entre los 4 sectores y 4 tiempos, de $(1 \times 10^{10} \pm 5 \times 10^8)$ copias/g MS. La cuantificación de pmoA aumentó entre enero y julio de $(1 \times 10^7 \pm 4 \times 10^6)$ a $(3 \times 10^8 \pm 5 \times 10^7)$ copias/g MS presentando variación entre sectores, hasta octubre, donde se establece un valor de $(6 \times 10^7 \pm 8 \times 10^6)$ copias/g MS sin diferencia significativa entre sectores (p-valor > 0,05 en test de Mann-Whitney). La cuantificación de amoA no siguió una tendencia similar a la de pmoA.

Conclusiones: El bioestabilizado estudiado disminuyó su materia orgánica biodegradable en los primeros meses de su aplicación y presentó una población de metanótrofos creciente a lo largo del tiempo de muestreo, llegando hasta el orden del 1% con respecto a bacterias totales.

Oral SAMIGE MI 4

1010 - REDUCCION DE LA CONCENTRACION DE NITRATO EN AGUAS SUBTERRANEAS POR DESNITRIFICACION BIOLOGICA

DOTTO, Cristian¹ | SCOLARI, Fernando² | ERIJMAN, Leonardo¹ | FIGUEROLA, Eva¹

INGEBI¹; AYSA²

Introducción y Objetivos: Gran parte de nuestro país usa fuentes de agua subterránea (AS) para consumo humano. Diferentes actividades antrópicas contaminan las aguas freáticas con NO₃⁻ que pueden ser nocivos para la salud. La desnitrificación biológica (DB) es un proceso que implica la reducción secuencial de NO₃⁻ a N₂ vía las enzimas reductasas de NO₃⁻, NO₂⁻, NO y N₂O, con las ventajas de no generar subproductos y gran recuperación de agua. Su eficiencia depende de los microorganismos, la fuente de C, la relación C/N y del material soporte sobre el que las bacterias autóctonas responsables del proceso forman una biopelícula. En ciertas condiciones, la DB compete con la reducción desasimilatoria de NO₃⁻ a NH₄⁺ (RDNA). Los objetivos de este trabajo son: fijar condiciones que permitan la DB de AS disminuyendo la concentración de NO₃⁻ por debajo del límite permitido sin acumular intermediarios, y caracterizar la comunidad bacteriana involucrada en el proceso.

Materiales y Métodos: Se compararon 3 soportes, arena (A), carbón activado y carriers plásticos en ensayos en batch usando acetato de sodio como fuente de C y suplementando con P. La relación C/N y la fuente de C (acetato o etanol) se estudiaron en biorreactores semicontinuos a escala de laboratorio, alimentados con AS suplementada con fuente de C y P, usando A como soporte. Los niveles de NO₃⁻, NO₂⁻ y NH₄⁺ se cuantificaron por espectrofotometría. El ADN metagenómico se extrajo con un kit comercial. La comunidad desnitrificante se caracterizó por DGGE de los genes de ARNr (16S) y de NO₂⁻ reductasas nirS y nirK, y cuantificó por PCR de tiempo real. Los aislamientos bacterianos se obtuvieron de los granos de arena colonizados incubados anaeróbicamente en placas de AS-agar suplementadas con nutrientes y su capacidad desnitrificante por punción de los mismos en tubos con el mismo medio de cultivo y observación de formación de gas.

Resultados: A partir de incubaciones en batch se eligió la A como soporte más adecuado para el proceso de DB. Ambas fuentes de C fueron apropiadas para la DB sin competencia de la RDNA obteniéndose valores aceptables para agua de consumo ([N-NO₃⁻] < 10 mg/l, [N-NO₂⁻] < 30 µg/l y [N-NH₄⁺] < 0,2 mg/l). Se estimó el tiempo de arranque del reactor como 208 tiempos de retención hidráulica. Los perfiles moleculares evidenciaron cambios en la diversidad y abundancia de genes 16S, nirS y nirK en el tiempo, sugiriendo una sucesión de especies que comienza con poblaciones capaces de realizar el primer paso de DB, aumentando luego la abundancia de otras capaces de reducir NO₂⁻. Se aislaron bacterias capaces de acumular NO₂⁻ o formar gases, que estarían involucradas en la DB.

Conclusiones: Se fijaron condiciones que permiten la DB alcanzando niveles de NO₃⁻ muy inferiores al límite permitido sin acumulación de NO₂⁻ o NH₄⁺. Se evidenciaron cambios en la estructura de la comunidad bacteriana en el tiempo y se obtuvieron aislamientos que estarían involucrados en la DB. Esta información permite fijar parámetros operacionales necesarios para el escalado del proceso.

Pósters

Presentación de pósters SAMIGE 1

Miercoles 25 de septiembre