

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

XIV Congreso Argentino de Microbiología General (XIV SAMIGE)

vivas y, la capacidad de discriminar diferentes concentraciones de bacterias vivas en presencia de una alta concentración de bacterias muertas, tanto en cultivo como en hamburguesa. La cepa seleccionada para los ensayos fue STEC O157:H7 (EDL 933). El PMA se agregó junto con el PMA enhancer y se sometió a un proceso de fotoactivación durante 15 min. Luego se realizó la extracción de ADN y se amplificó un fragmento del gen *stx2* por PCR en tiempo real.

Resultados: La concentración mínima de PMA necesaria para inhibir la señal de 5 log UFC/ml de bacterias muertas fue de 100 µM. La ausencia de influencia del PMA sobre la amplificación de distintas concentraciones de células viables se demostró comparando los valores de Ct obtenidos entre un grupo de muestras con concentraciones crecientes de bacterias vivas (3 a 6 log UFC/ml) tratado con PMA y otro grupo igual de muestras sin el colorante. Al no observarse diferencias significativas entre esos grupos se confirmó la ausencia de influencia. La capacidad de discriminar entre bacterias vivas y muertas se evaluó preparando un grupo de 9 muestras conteniendo 5 log UFC/ml de bacterias muertas combinadas con concentraciones crecientes de células vivas, desde 1 hasta 7 log UFC/ml, tanto en cultivo como en hamburguesa. Los resultados mostraron una disminución del Ct consistente con el aumento de la concentración de células vivas. Esto evidencia la capacidad del PMA para discriminar células viables de no viables, tanto en cultivo como en hamburguesa.

Conclusiones: La técnica de PMA-qPCR resulta una alternativa novedosa y con gran potencial para detectar viabilidad de STEC en hamburguesas.

MI 246

0094 - *ESCHERICHIA COLI* VEROTOXIGÉNICO O157:H7: SUBTIPIFICACIÓN MOLECULAR DE AISLAMIENTOS DE BOVINOS, HUMANOS Y ALIMENTOS DE LA REGIÓN PAMPEANA

GONZALEZ, Juliana

LAB. MICROBIOLOGÍA ALIMENTOS - LAB. INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA. CIVETAN-CONICET, FCV, UNCPBA. ¹; LABORATORIO DE INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA, CIVETAN-CONICET, FCV, UNCPBA ²

Introducción y Objetivos: *Escherichia coli* verotoxigénico (VTEC) es uno de los patógenos más comúnmente transmitido al hombre a través de los alimentos, siendo el ganado su principal reservorio. El serotipo O157:H7 es el más frecuentemente aislado de casos de síndrome urémico hemolítico (SUH) en Argentina y en el mundo. Sin embargo, no todos los aislamientos O157:H7 tienen la misma capacidad de infectar y de enfermar al hombre. Existen métodos de subtipificación molecular que permiten analizar la diversidad genética y distinguir subtipos de VTEC O157:H7, como el análisis de polimorfismos de nucleótido simple (SNP), el análisis de múltiples *loci* VNTR (MLVA) y la determinación de grupos filogenéticos. Con el propósito de evaluar la diversidad genética y detectar subtipos, analizamos 43 cepas de VTEC O157:H7 aisladas de bovinos, humanos y alimentos en la región pampeana de Argentina.

Materiales y Métodos: Las cepas se subtipificaron mediante análisis de 2 SNP, (*ECs2357* 539 A>C y *tir* 255 T>A), y determinación de filogrupos. Estos datos de subtipificación por SNP y filogrupos se complementaron con datos de MLVA obtenidos previamente, amplificando 8 *loci* VNTR O157:H7-específicos. El SNP en *ECs2357* (539 C>A) se detectó por PCR utilizando *primers hairpin*. El SNP presente en *tir* (255 T>A) se analizó por PCR y secuenciación. Mientras que para la determinación de filogrupos se empleó una PCR cuádruple.

Resultados: Los resultados mostraron que el 79 % de los aislamientos presentó el alelo *ECs2357* 539 A>C A, mayormente asociado a cepas hipervirulentas del clado 8. En relación al alelo *tir* 255 T>A, el 92 % de los aislamientos analizados presentó el alelo T, asociado también a cepas con una incrementada virulencia en humanos. Un alto porcentaje de aislamientos (95,4 %) fue asignado al filogrupo E, al igual que la mayoría de las cepas VTEC O157:H7 de diferentes regiones geográficas. A diferencia de estos resultados que mostraron una alta homogeneidad, el MLVA, en base a marcadores altamente polimórficos y no relacionados con virulencia, puso de relieve una alta diversidad genética entre las cepas circulantes.

Conclusiones: En conclusión, los resultados obtenidos no permiten distinguir la presencia de subtipos entre las cepas argentinas de distintos orígenes, mostrando la circulación casi exclusiva de aislamientos VTEC O157:H7 pertenecientes al clado hipervirulento 8, al filogrupo E y portadores del alelo *tir* 255 T>A T, tanto en cepas de origen humano como bovino. Por este motivo, todos los aislamientos de origen bovino representarían un potencial riesgo para la salud pública. La presencia en el ganado bovino de cepas O157:H7 con características similares a las cepas que causan enfermedades en humanos podría contribuir a explicar la alta incidencia de SUH en Argentina.

MI 247

0190 - CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE UN MUTANTE DE *BURKHOLDERIA AMBIFARIA* T16 EN LA VÍA DEL 2-METIL CITRATO