

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)

MI 244

0626 - CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LOS PRIMEROS AISLAMIENTOS ARGENTINOS DE *ESCHERICHIA COLI* PORTADORES DEL SUBTIPO 2f DE TOXINA SHIGA

KRÜGER, Alejandra¹ | PASCAL, Stefania¹ | LORENZO LÓPEZ, Juan Ramiro² | MUTTERS, Nico T.³ | PARMA, Yanil R.¹ | ROSSEN, John W. A.⁴ | LUCCHESI, Paula M. A.¹

LABORATORIO DE INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA. CIVETAN, CONICET, CIC, FCV, UNCPBA¹; CIVETAN, CONICET, CIC, FCV, UNCPBA²; CENTER FOR INFECTIOUS DISEASES, MEDICAL MICROBIOLOGY AND HYGIENE, HEIDELBERG UNIVERSITY HOSPITAL³; DEPARTMENT OF MEDICAL MICROBIOLOGY, UNIVERSITY MEDICAL CENTER GRONINGEN, UNIVERSITY OF GRONINGEN⁴

Introducción y Objetivos: Entre las cepas de *Escherichia coli* productoras de toxina Shiga (STEC), las que son portadoras del subtipo 2f han sido aisladas de aves, principalmente palomas, y de casos de enfermedad en humanos (generalmente diarrea moderada y en ocasiones síndrome urémico hemolítico). En algunas regiones, como los Países Bajos, la frecuencia en humanos parece ser mayor que en otras, pero esto puede relacionarse con la capacidad de identificar este subtipo de toxina, ya que no todas las metodologías que se aplican para STEC pueden detectarlo. Mientras que en Argentina este subtipo aún no ha sido detectado en aislamientos obtenidos de pacientes, nuestro grupo reportó su presencia en muestras provenientes de palomas. El objetivo de este trabajo fue aislar cepas positivas para *stx2f* a partir de dichas muestras, y realizar una caracterización genética y análisis comparativo con cepas de otros países.

Materiales y Métodos: Se analizaron colonias individuales por PCR con primers específicos para *stx2f*. Se cultivaron las colonias positivas y se extrajo el ADN bacteriano con un kit comercial (Microbial DNA isolation kit, MoBio). Se empleó 1 ng para la preparación de la biblioteca y secuenciación empleando una plataforma Illumina MiSeq. Se obtuvieron lecturas pareadas de 250 pb con una cobertura mínima de 60 veces. El ensamble de novo de los contigs se realizó utilizando el software CLC Genomics Workbench (Qiagen). Mediante análisis del gen *rpoB* se determinó la especie bacteriana. Las secuencias genómicas se anotaron mediante RAST y se analizaron empleando diferentes herramientas bioinformáticas como BLAST, VirulenceFinder, PlasmidFinder, ResFinder, entre otras.

Resultados: Se obtuvieron dos aislamientos *stx2f*-positivos denominados P13 y T47, correspondientes a una muestra de materia fecal de paloma y a una muestra de hisopado de paloma con diarrea de un palomar, respectivamente. El análisis in silico confirmó que ambas cepas eran *Escherichia coli* portadoras del subtipo *stx2f* y pertenecientes al serotipo O75:H2. Se identificó también en ambas cepas la presencia de otros genes asociados a virulencia (*astA*, *eae*, *tir*, *espA*, *espB*, *espF*, *nleA*, *nleB*, *nleC*, *cdt*), del gen *mdf(A)* asociado a resistencia a antibióticos (macrólidos, lincosamidas y estreptograminas del grupo B), y de un plásmido similar al pO111. En la cepa P13 se identificó, además, la presencia del gen *bfpA* en un aparente entorno plasmídico (plásmido IncFIB). El alelo de *bfpA* identificado correspondió a un subtipo recientemente descrito. El análisis comparativo reveló que estos aislamientos presentan un perfil genético de virulencia y de resistencia a antibióticos semejante a una cepa *stx2f* positiva del mismo serotipo, aislada de paloma en Italia en 1997.

Conclusiones: Nuestros resultados indican la presencia en Argentina de cepas STEC *stx2f*-positivas con numerosos factores de virulencia y alta similitud con la cepa aislada en Italia. Asimismo, dado que el gen *bfpA* es característico de cepas *E. coli* enteropatógenas típicas, al igual que la cepa italiana, P13 sería un híbrido STEC/EPECt.

MI 245

0093 - APLICACIÓN DE LA TÉCNICA PMA-QPCR PARA DETECTAR VIABILIDAD DE *ESCHERICHIA COLI* PRODUCTORA DE TOXINA SHIGA (STEC) EN HAMBURGUESAS DE CARNE VACUNA

REY, María de Los Ángeles¹ | CAP, Mariana¹ | VAUDAGNA, Sergio² | MOZGOVOJ, Marina²

INSTITUTO TECNOLOGÍA DE ALIMENTOS, CENTRO DE INVESTIGACIÓN DE AGROINDUSTRIA, INTA¹; INSTITUTO DE TECNOLOGÍA DE ALIMENTOS, CIA, INTA. CONICET²

Introducción y Objetivos: El PMA (propidium monoazide) es un colorante que se intercala en el ADN de bacterias muertas con su membrana plasmática comprometida e inhibe su amplificación por PCR. La membrana bacteriana es impermeable al colorante por lo que sólo puede penetrar células cuyas membranas se encuentren afectadas. Una vez en el interior de la célula, el PMA se une al ADN irreversiblemente intercalándose entre las bases gracias a la fotoactivación del colorante con luz azul LED. El complejo PMA-ADN así formado inhibe la acción de la polimerasa. De esta forma, la señal obtenida por qPCR solo es atribuible a células viables remanentes post procesamiento. El objetivo del presente trabajo fue poner a punto la técnica PMA-qPCR para evaluar viabilidad de STEC en hamburguesas de carne vacuna.

Materiales y Métodos: Para ello, se determinó la concentración mínima de PMA necesaria para inhibir la señal de bacterias muertas, la posible influencia del PMA en la amplificación de distintas concentraciones de bacterias