

# **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)

hs a 37°C en una atmosfera de 5% de CO<sub>2</sub>. Luego los macrófagos fueron lisados con una solución de SDS al 0.025% para liberar las bacterias internalizadas. Se realizaron diluciones seriadas para los diferentes tiempos postinfección (2 y 24 hs) y fueron plaqueadas en LB agar donde se cuantificaron las bacterias fagocitadas viables. El ensayo fue realizado por triplicado.

**Resultados:** Mediante la técnica de CRISPR/Cas9 se obtuvo una cepa EHEC O157:H7 mutante para el gen *tssB*. La cepa EHEC O157:H7 delta *tssB* fue evaluada en ensayos de sobrevivencia en macrófagos. Se pudo demostrar que no hay diferencias significativas entre la cantidad inicial de bacteria salvaje y mutante del SST6 fagocitadas a las 2 hs de incubación. Sin embargo, se observó una diferencia significativa al cuantificar un 86 % menos de sobrevivencia de bacterias mutantes para el SST6 luego de 24 hs de incubación en comparación con la cepa salvaje.

**Conclusiones:** La obtención de la cepa EHEC O157:H7 defectiva para el SST6 nos permitió evaluar la relación entre dicho sistema de secreción y la sobrevivencia de la bacteria en macrófagos. La cepa EHEC O157:H7 delta *tssB* demostró una menor sobrevivencia al ser fagocitada por macrófagos. Estos resultados sugieren que la sobrevivencia de EHEC O157:H7 en el macrófago es dependiente de un SST6 funcional.

### JU 255

#### 0096 - DIVERSIDAD GENÉTICA DE *ESCHERICHIA COLI* VEROTOXIGÉNICO O157:H7 PROVENIENTE DE CASOS CLÍNICOS DE ARGENTINA Y CHILE

GONZÁLEZ, Juliana<sup>1</sup> | CADONA, Jimena Soledad<sup>2</sup> | ZOTTA, Marcelo<sup>3</sup> | LAVAYÉN, Silvina<sup>3</sup> | VIDAL, Roberto<sup>4</sup> | PADOLA, Nora Lia<sup>2</sup> | SANSO, Andrea Mariel<sup>2</sup> | BUSTAMANTE, Ana Victoria<sup>2</sup>

LAB. MICROBIOLOGÍA ALIMENTOS - LAB. INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA. CIVETAN-CONICET, FCV, UNCPBA.<sup>1</sup>; LABORATORIO DE INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA, CIVETAN-CONICET, FCV, UNCPBA.<sup>2</sup>; SERVICIO BACTERIOLOGÍA, INE "DR. JUAN H. JARA" - ANLIS, MINISTERIO DE SALUD DE LA NACIÓN ARGENTINA.<sup>3</sup>; PROGRAMA DE MICROBIOLOGÍA Y MICOLOGÍA, INSTITUTO CS. BIOMÉDICAS, FC. MEDICINA, UNIVERSIDAD CHILE.<sup>4</sup>

**Introducción y Objetivos:** *Escherichia coli* verotoxigénico (VTEC) es un grupo de patógenos emergentes causante de severas enfermedades en el hombre, tales como el síndrome urémico hemolítico (SUH). Al igual que en muchas partes del mundo, VTEC O157:H7 es el principal serotipo asociado a las infecciones humanas, con un número significativo de casos de SUH registrados en Argentina y Chile. Se ha observado una amplia variabilidad en cuanto a la presentación clínica de pacientes con infecciones por O157:H7. Los estudios de comparación genómica junto con la evaluación de genes que codifican factores de virulencia representan herramientas útiles para analizar la diversidad genética y subtipificar VTEC O157:H7. El objetivo del presente trabajo fue comparar la diversidad genética presente en 76 cepas VTEC O157:H7 aisladas de casos de enfermedad en humanos de Argentina (n=38) y Chile (n=38).

**Materiales y Métodos:** Las cepas se subtipificaron mediante el análisis de polimorfismos específicos de linaje (LSPA-6), la asignación a filogrupos y el estudio de la distribución de genes codificantes de 5 factores de virulencia, de 16 efectores no codificados en LEE (*Nle*) y de 6 factores putativos de virulencia (FPV).

**Resultados:** Los aislamientos VTEC O157:H7 pertenecientes al linaje I/II y al filogrupo E fueron prevalentes en ambos países. En cuanto a la diversidad genética detectada mediante el estudio de diferentes factores de virulencia, la mayoría de las cepas estudiadas (97,4 %) presentó el perfil de virulencia *vtx2*, *eae*, *ehyA*, y solo dos cepas argentinas tuvieron distinto perfil. Se encontró una alta prevalencia de genes *nle*, los cuales codifican proteínas efectoras, presentando la mayoría de las cepas (87 %), independientemente del origen, perfil completo. En relación a los genes de FPV, se detectaron 15 perfiles, de los cuales sólo 4 fueron compartidos por cepas de ambos países. Todas las cepas presentaron ECSP-3620, ECSP-1773 fue el gen menos prevalente (18 % en Argentina y 26 % en Chile), mientras que ECSP-2687 prevaleció en el grupo de cepas de Argentina (89 %).

**Conclusiones:** Nuestros resultados muestran la circulación casi exclusiva, en ambos países, de aislamientos VTEC O157:H7 del linaje intermedio I/II, asociado a cepas hipervirulentas, y al filogrupo E y, por otro lado, diversidad genética presente entre las cepas de Argentina y Chile, principalmente en relación a perfiles de FPV, dando cuenta de la importancia del análisis en conjunto de múltiples marcadores moleculares.

### JU 257

#### 1015 - LA REGULACION NEGATIVA DE *AGR* MEDIADA POR ACIDO SALICILICO IMPIDE LA DISPERSION DE LA BIOPELICULA DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS*

DOTTO, Cristian<sup>1</sup> | LOMBARTE SERRAT, Andrea<sup>2</sup> | SORDELLI, Daniel<sup>2</sup> | BUZZOLA, Fernanda<sup>2</sup>

INGEBI<sup>1</sup>; INSTITUTO DE INVESTIGACIONES EN MICROBIOLOGÍA Y PARASITOLOGÍA MÉDICA (UBA-CONICET)<sup>2</sup>