

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)

la subunidad beta de la misma. Esta enzima es capaz de transformar a-cetoglutarato en succinil-CoA o piruvato en acetil-CoA, en ambos casos produciendo CO₂ y Fd reducida, representando vías alternativas a los complejos de la piruvato deshidrogenasa y la a-cetoglutarato deshidrogenasa. Hemos realizado una delección de blr6743/6744 manteniendo el marco de lectura en la cepa LP 3004, y de forma contraria, hemos transferido el alelo salvaje de blr6743 a la cepa LP 3008. En ninguna de las estrategias hemos observado que el fenotipo de movilidad y expresión del flagelo revierta.

Conclusiones: Con estos resultados podemos concluir que el fenotipo de LP 3008 no reside únicamente en esta mutación, sino que será un efecto sinérgico de una/s o todas las mutaciones en su conjunto.

JU 241

0446 - THE MRNAS ENCODING POLYHYDROXYBUTYRATE (PHB)-GRANULE ASSOCIATED PROTEINS PHAP1/2 ARE ASSOCIATED *IN VIVO* WITH THEIR POST-TRANSCRIPTIONAL SMALL RNA REGULATOR MMGR IN *SINORHIZOBIUM MELILOTI*

LAGARES (JR.), Antonio¹ | LINNE, Uwe² | BECKER, Anke³ | VALVERDE, Claudio⁴

LBMIBS, UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES - CONICET / SYNMIKRO, PHILLIPS-UNIVERSITY, MARBURG¹; CHEMISTRY DEPARTMENT – MASS SPECTROMETRY, PHILLIPS-UNIVERSITY, MARBURG²; SYNMIKRO, PHILLIPS-UNIVERSITY, MARBURG³; LBMIBS, UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES - CONICET⁴

Introduction and objectives: The highly conserved *mmgR* gene encodes a 77-nt non-coding small RNA (sRNA) in the N₂-fixing legume symbiont *Sinorhizobium meliloti*. In *S. meliloti*, the expression of MmgR is mainly regulated at the transcriptional level by the N and C metabolism master regulators NtrC and AniA, respectively. MmgR regulates the accumulation of the major C- and reducing-power-storage polymer polyhydroxybutyrate (PHB) under conditions of N starvation and C surplus. The absence of MmgR in the *S. meliloti* *mmgR* mutant strain results in the relaxation of a post-transcriptional control over both PHB-granule associated phasins PhaP1/2. Our current model for MmgR function suggests that the sRNA is part of a regulatory loop that operates to maintain a proper structure and amount of PHB granules in *S. meliloti* through a fine-tuning of the intracellular levels of phasins and polymer, on the basis of the availability of N and C. Since the molecular interactions between MmgR and its specific target molecules –which ultimately determine the biological function of the sRNA– were still unknown, we planned to characterize the interactome of MmgR.

Materials and methods: In order to identify the RNAs and proteins to which MmgR binds *in vivo*, we expressed an MS2-tagged MmgR species in the *S. meliloti* *mmgR* mutant strain as a bait to selectively purify the interactome of the small RNA by means of an affinity chromatography of the bacterial lysate in an amylose-filled column loaded with the MS2bp-MBP protein (i.e., MS2-binding protein fused to the mannose binding protein), followed by several wash steps and a final elution of the selectively retained molecules using a mannose-containing buffer. The population of RNAs and proteins extracted from the chromatographic eluates were subjected to RNA-sequencing and quantitative proteomics in order to determine MmgR RNA and protein binding partners, respectively.

Results: A small set of RNAs that interact *in vivo* with MmgR was identified. Among them, the transcripts corresponding to the genes *SMc00777* and *SMc02111* (*phaP1* and *phaP2*, encoding for PHB-granule-associated phasins 1 and 2, respectively) were of particular relevance since their finding strongly suggests that a direct MmgR-mediated regulation operates over them to impact on PHB storage metabolism. Whether base-pairing between MmgR and these mRNAs accounts for the observed regulation is currently being addressed. Furthermore, Hfq (the chaperone of sRNA-mRNA interactions) was confirmed as a member of MmgR interactome.

Conclusions: We uncovered the interactome of the small RNA MmgR in *S. meliloti* by means of the MS2-sRNA tagging strategy coupled to affinity purification and RNAseq/qProteomics, an approach that has been set up and successfully used in enterobacterial models. Remarkably, the mRNAs encoding PHB-granule associated proteins were found to be associated *in vivo* with their post-transcriptional sRNA regulator MmgR, which points to a direct post-transcriptional regulation of PhaP1/2 expression by MmgR.

JU 242

0479 - CARACTERIZACIÓN DEL PROFAGO PORTADOR DE STX2A DE UNA CEPA DE *ESCHERICHIA COLI* O145:H- QUE NO EXPRESA TOXINA SHIGA

KRÜGER, Alejandra¹ | BURGÁN, Julia¹ | MUTTERS, Nico T.² | ROSSEN, John W. A.³ | LUCCHESI, Paula M. A.¹

LABORATORIO DE INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA. CIVETAN, CONICET, CIC, FCV, UNCPBA¹; CENTER FOR INFECTIOUS DISEASES, MEDICAL MICROBIOLOGY AND HYGIENE, HEIDELBERG UNIVERSITY

XIV Congreso Argentino de Microbiología General (XIV SAMIGE)

HOSPITAL ²; DEPARTMENT OF MEDICAL MICROBIOLOGY, UNIVERSITY MEDICAL CENTER GRONINGEN, UNIVERSITY OF GRONINGEN ³

Introducción y Objetivos: *Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es agente causal en humanos de diarrea, colitis hemorrágica (CH) y síndrome urémico hemolítico (SUH). Esta toxina está codificada en fagos que se encuentran integrados en el genoma bacteriano (profagos), y la expresión y secreción de la misma están asociadas al ciclo lítico de estos fagos. Las cepas STEC productoras del subtipo 2a de la toxina son las que se aíslan con mayor frecuencia de casos de CH y SUH, y el serotipo más reportado es O157:H7, seguido, en Argentina, por O145:H-. Estudios previos en nuestro laboratorio mostraron que la mayoría de las cepas O145:H- analizadas expresaban *stx2a* y producían fagos Stx2a, independientemente de su origen (humano o bovino). La excepción fue una cepa aislada de humano (denominada 355), por lo cual se decidió secuenciar su genoma para identificar características que pudieran explicar estas diferencias. El objetivo se centró en analizar genéticamente al profago que porta el gen *stx2a* de esta cepa y compararlo con el profago ArgO145 de una cepa STEC O145:H- de Argentina que expresa la toxina y produce partículas infectivas del fago.

Materiales y Métodos: El ADN de la cepa 355 se extrajo con un *kit* comercial y se secuenció el genoma completo mediante la plataforma Illumina MiSeq obteniendo 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) y el análisis comparativo a través de BLAST (www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST).

Resultados: Se detectó *stx2a* en un *contig* que, si bien no cubre todo el genoma del fago, contiene también los genes codificantes de las proteínas regulatorias CI, Cro y Q. Este *contig* presentó 100% de identidad con ArgO145 excepto en un número pequeño de bases en sus extremos que corresponderían a extremos de secuencias de inserción (IS). Por comparación con el genoma de ArgO145 se identificaron otros 4 *contigs* con alta similitud de secuencia, dos de ellos también con un extremo correspondiente a un fragmento de IS. Los 5 *contigs* identificados cubren el 97,6 % del genoma de ArgO145 con una identidad cercana al 100% y sugieren la presencia de IS en dos sectores del genoma del profago de la cepa 355 que corresponden a probables proteínas de función desconocida.

Conclusiones: Los resultados indican que las diferencias en cuanto a transcripción de *stx2a* e inducción del profago no estarían explicadas por la región regulatoria ubicada inmediatamente río de arriba del operón *stx2a* y que alguna de estas proteínas interrumpidas por IS tendría un rol importante en la transcripción de los genes relacionados con el ciclo lítico del fago.

JU 243

0501 - IMPACTO DE LA RELOCALIZACIÓN DE GENES IMPLICADOS EN EL FLUJO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA EN EL CRECIMIENTO BACTERIANO Y LA APTITUD ADAPTATIVA

LAROTONDA, Leticia Inés | BORDIGNON, Belén | COMERCI, Diego José | SOLER BISTUÉ, Alfonso

IIBIO-UNSAM

Introducción y Objetivos: La tasa de crecimiento (TC) es un parámetro clave de la fisiología bacteriana que varía ampliamente entre microorganismos. Sin embargo, su base genética no se ha esclarecido aún. En bacterias de crecimiento rápido, los genes que codifican para proteínas ribosomales (PR) y la ARN polimerasa (ARNP) se ubican cerca del origen de replicación (*oriC*). Bacterias de crecimiento rápido se dividen, en condiciones óptimas, en un tiempo menor al requerido por la ADN polimerasa para completar la duplicación del genoma. Esta paradoja se resuelve superponiendo rondas de replicación, al reiniciar la duplicación del ADN en cromosomas parcialmente replicados, un proceso llamado replicación multi-horquilla. Como consecuencia, los genes cercanos al *oriC* se benefician de una mayor dosis durante esta fase del crecimiento. Por lo tanto, dicho sesgo posicional puede ser una estrategia para maximizar la expresión de los genes de transcripción y traducción. Como la mayoría de estas observaciones provienen de estudios bioinformáticos, nuestro objetivo es probar experimentalmente estas correlaciones en una bacteria de crecimiento rápido.

Materiales y Métodos: Usamos *Vibrio cholerae* como modelo experimental. Su genoma puede modificarse ampliamente mediante transformación natural acoplada a técnicas de recombinación basadas en recombinasas de fagos lambdaoides. Como loci modelo, estudiamos S10-spc-a (S10), que codifica la mayoría de PR y *rpoBC* que codifica al núcleo de la única ARNP bacteriana.

Resultados: Con las herramientas mencionadas anteriormente, alteramos la ubicación genómica de los loci S10 y *rpoBC* colocándolos a distancias crecientes del *oriC*. Nuestros resultados muestran que esto provocó una disminución de la TC y de la aptitud adaptativa. Contrariamente a lo esperado, la relocalización de S10 causó un efecto más fuerte. Por otra parte, la relocalización cercana al sitio original no mostró ningún fenotipo por lo tanto, el proceso de relocalización per se no es el responsable de fenotipos observado. A través de la microscopía time-lapse, verificamos que las diferencias en las curvas de crecimiento se deben a cambios en la TC y no a cambios morfológicos, a la pérdida de viabilidad o muerte de una subpoblación. Además, el parámetro de UFC /DO fue invariable entre las cepas, lo que sugiere que la relocalización del locus no altera la viabilidad celular.