

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)

Introducción y Objetivos: Casi todos los agentes infecciosos (virus, bacterias, hongos y parásitos) ingresan al hospedador a través de mucosas. La mucosa intestinal es la interfaz más extensa entre el ambiente externo y los tejidos del cuerpo humano. La primera línea de defensa del tracto gastrointestinal se encuentra en el lumen intestinal, donde los microorganismos son degradados de forma no específica por el pH y secreciones gástricas, biliares y pancreáticas. Nuestra hipótesis es que *Salmonella* sintetiza inhibidores de proteasas no solo para regular la actividad de proteasas endógenas, usualmente asociadas a su virulencia, sino además para poder enfrentarse al sistema de defensa proteolítico del hospedador. Nuestro objetivo general es estudiar el rol de los inhibidores de proteasas de *Salmonella* en la interacción hospedador-patógeno en la mucosa gastrointestinal

Materiales y Métodos: Utilizando MEROPS se realizó un análisis in silico sobre el genoma de *Salmonella* y se encontraron 4 familias de inhibidores de proteasas. Para el estudio in vivo de la colonización intestinal y el desarrollo de colitis se utilizó el modelo de pre-tratamiento con estreptomycinina en ratones. Luego, los animales fueron infectados por vía oral con las distintas cepas de *Salmonella* control o delecionadas en los genes para los inhibidores de proteasas (knock-out). Se realizaron análisis histopatológicos de cortes del cecum de los ratones, teñidos con hematoxilina y eosina. También se realizaron ensayos de invasión en la línea celular de macrófagos murinos J774, así como también en macrófagos derivados de médula ósea de ratón. El análisis estadístico se realizó utilizando el programa GraphPad Prism 7

Resultados: Luego de la infección por vía oral de los ratones pre-tratados con estreptomycinina usando la cepa salvaje (WT), el cecum de los mismos se vuelve marchito, reducido en tamaño y peso, pálido y lleno de exudado purulento. Además, lleva a cambios histopatológicos en el cecum de los ratones: edema pronunciado en la submucosa, cambios edematosos en la lámina propia, elongación de la cripta, ruptura de la estructura de la cripta, reducido número de células de Goblet, erosión epitelial y/o ulceración e infiltración pronunciada de granulocitos polimorfonucleares (PMNs) en la submucosa, lamina propia, pared epitelial, así como también trans migración de PMNs en el lumen intestinal. Mientras que se observa un fenotipo atenuado luego de la infección vía oral con las cepas de *Salmonella* knock-out para inhibidores de proteasas para producir reducción del tamaño y peso del cecum, y los cambios histopatológicos mencionados. Ensayos de invasión en la línea celular J774 de macrófagos murinos y en macrófagos derivados de médula ósea de ratón (BMDM) demostraron que las cepas knock-out en inhibidores de proteasas tienen una capacidad reducida para invadir respecto de la cepa WT

Conclusiones: Estos resultados sugieren que los inhibidores de proteasas podrían contribuir a la patogénesis de *Salmonella* Typhimurium y el desarrollo de colitis in vivo

Oral VI 2

0155 - STAPHYLOCOCCUS AUREUS PROVENIENTE DE INFECCIÓN CRÓNICA RECUPERA LA EXPRESIÓN DE FACTORES DE VIRULENCIA LUEGO DE PASAJES POR SANGRE EN UN MODELO MURINO DE BACTERIEMIA

SULIGOY, Carlos Mauricio¹ | DIAZ, Rocio¹ | GEHRKE, Ana² | CÁCERES, Maria Emilia¹ | WENDLER, Sindy³ | GOMEZ, Marisa² | TUCHSCHERR, Lorena³ | SORDELLI, Daniel Oscar¹ | NOTO LLANA, Mariangeles¹ | BUZZOLA, Fernanda¹

INSTITUTO DE INVESTIGACIONES EN MICROBIOLOGIA Y PARASITOLOGIA MEDICA¹; CEBBAD, UNIVERSIDAD MAIMÓNIDES²; INSTITUTE OF MEDICAL MICROBIOLOGY, JENA UNIVERSITY HOSPITAL³

Introducción y Objetivos: *Staphylococcus aureus*, un patógeno oportunista, es la principal causa de osteomielitis. Al ingresar al huésped, *S. aureus* microevoluciona y se adapta para la persistencia y la cronicidad de la infección. Un rasgo adaptativo para la persistencia es la pérdida de expresión del gen *agr*, con reducción de virulencia y falta de expresión de polisacárido capsular (PC). Los mutantes de *agr* probablemente representan un callejón sin salida de la evolución en el sitio de infección, porque puede dificultarse su diseminación a través de la sangre y causar infecciones metastásicas. El objetivo de este trabajo fue determinar si existen mecanismos que le permitan a la bacteria recuperar la expresión de factores de virulencia bajo presión selectiva de ambientes hostiles como el torrente sanguíneo.

Materiales y Métodos: La cepa HU-14 se aisló de un paciente de 34 años con un implante protésico en el fémur derecho. Es SCCmec tipo 1, Agr II, ST5, CC5 y Spa t149, pero su PC fue no tipificable (NT). Posee una inserción de IS256 en *agrC*, lo que hace que *agr* esté inactivo. HU-14 fue inoculado por vía i.p. a ratones CF1. Los animales se sacrificaron a las 24 h y las bacterias se recuperaron de la sangre, se sembraron en placas de TSA y a las 24 h se reinyectaron en otros ratones. Este ciclo se repitió 7 veces. El aislamiento de *S. aureus* P3.1 se recuperó en el tercer ciclo. La producción de PC5 se evaluó mediante "colony immunoblot" y la de estafiloxantina por espectrometría. La integridad de los principales reguladores se investigó mediante el análisis de secuencia de genoma completo obtenido por Illumina MiSeq. La expresión de RNAlIIII y otros reguladores principales se evaluó mediante qRT-PCR. La actividad de *sigB* se evaluó por qRT-PCR de *asp23*.

Resultados: P3.1 expresó PC5 con fenotipo estable. La amplificación por PCR del locus *agr* reveló que IS256 permanecía en *agrC*. Se demostró que ambas cepas no expresaban RNAlIIII, confirmando que el locus *agr* estaba inactivo. Las colonias de P3.1 en TSA se observaron altamente pigmentadas en comparación

XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

con HU-14 y sólo P3.1 produjo estafiloxantina. La evaluación de la expresión de *asp23* reveló que existe mayor actividad de *sigB* en la variante P3.1 en comparación con la cepa parental HU-14. Los niveles de producción de proteasa y hemolisina, así como el perfil de resistencia a los antibióticos de ambos aislamientos fueron idénticos.

Conclusiones: Se demostró que un aislamiento clínico de *S. aureus* adaptado a la cronicidad, que no produce PC5 ni estafiloxantina, puede recuperar la producción de ambos caracteres *in vivo* después del pasaje por el torrente sanguíneo. Dicha recuperación se asoció al aumento de la actividad de *sigB*. Así, la pérdida de expresión de PC sería un punto final de microevolución sólo en el sitio de infección. Debido a que la expresión de PC se puede recuperar dentro del hospedador a pesar que su mayor regulador continúa inactivo, nuestros hallazgos subrayan la importancia del PC como candidato a vacuna.

Oral VI 3

0687 - ESTUDIO MOLECULAR DE LA MICROBIOTA INTESTINAL DE LECHONES TRATADOS CON LA CEPA PROBIÓTICA *LACTOBACILLUS REUTERI* DSPV 002C

FUSARI, Marcia¹ | MARTÍ, Enrique L.¹ | SEQUEIRA, Gabriel J.¹ | ROSMINI, Marcelo¹ | FRIZZO, Laureano Sebastián²

LABORATORIO DE ANÁLISIS DE ALIMENTOS, DEPARTAMENTO DE SALUD PÚBLICA, FCV-UNL¹; ICIVET-LITORAL (UNL-CONICET) / FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS - UNIVERSIDAD NACIONAL DEL LITORAL²

Introducción y Objetivos: Los probióticos pueden modificar la microbiota intestinal, por lo que podrían actuar en reemplazo de los promotores de crecimiento, prohibidos desde este año por SENASA. El objetivo de este estudio fue evaluar cambios de la microbiota intestinal de lechones en respuesta a la suplementación con la cepa probiótica *L. reuteri* DSPV 002C.

Materiales y Métodos: El estudio se realizó mediante electroforesis en gel con gradiente desnaturalizante (DGGE) y secuenciación del ADN de las bandas obtenidas. Las camadas de 5 cerdas que recibieron junto con el alimento 11 logUFC/cerda/d de la cepa *L. reuteri* DSPV 002C, conformaron el grupo probiótico (GP) y el grupo control (GC) se conformó con las camadas de 5 cerdas que no recibieron el inóculo. El análisis de DGGE de productos amplificados de la región V3 del 16S ADN_r, fue realizado en muestras de ADN extraído desde la materia fecal de 3 lechones por grupo elegidos al azar a los 0, 7 y 21 d de vida. A partir del perfil de bandas del gel se construyó un dendograma por el método UPGMA. Las bandas más representativas fueron escindidas del gel y secuenciadas. Los datos obtenidos se analizaron mediante el programa BLAST.

Resultados: Los perfiles de DGGE presentaron entre 5 y 16 bandas. El análisis jerárquico (UPGMA) de las comunidades microbianas determinó la conformación de dos clusters bien definidos. La población microbiana de los lechones de 21 d del GP formó un cluster y el segundo cluster quedó integrado por la microbiota de los lechones de 21 d de vida del GC junto con la de los lechones de 0 y 7 d de vida de ambos grupos. El cluster del día 21 del GP presentó un patrón electroforético característico representado por 5 bandas bien definidas y un número variable de bandas de baja intensidad. Dicha variabilidad generó que el índice de homogeneidad sea menor ($p=0,003$) en el GP en comparación al GC, el día 21. Los índices de riqueza y diversidad bacteriana fueron similares ($p>0,05$) entre grupos, sin embargo, estos índices fueron cambiando a lo largo del ensayo, siendo mayores ($p<0,05$) a los 7 d que a los 21. El resultado de la secuenciación reveló que varios géneros eran compartidos por ambos grupos en los días 0 y 7: *Imtechella*, *Oscillibacter*, *Ruthenibacterium*, *Pseudomonas* y *Pseudoflavonifractor*. A su vez, géneros potencialmente patógenos como *Escherichia*, *Clostridium* y *Pasteurella* fueron encontrados en muestras del GP del día 0 pero no se hallaron el día 21. Los géneros predominantes en el GP el día 21 fueron: *Catenibacterium*, *Streptococcus* y *Corynebacterium*.

Conclusiones: Los resultados de este estudio determinaron que la suplementación de *L. reuteri* DSPV 002C produjo una modificación en la microbiota fecal de lechones tratados. Estudios posteriores se llevarán a cabo para evaluar si estos cambios generan efectos benéficos sobre la performance productiva, parámetros sanitarios y el sistema inmunológico.

Oral VI 4

0660 - DIVERSIDAD GENÉTICA DE AISLAMIENTOS DE *ECHINOCOCCUS GRANULOSUS* SENSU LATO DE DIFERENTES HOSPEDADORES INTERMEDIARIOS DE NEUQUÉN

DEBIAGGI, Maríaflorencia | TARTAGLIA, Agustín | LAZZARINI, Lorena | LUCERO, Eliana Mailen | SORIANO, Silvia | PIERANGELI, Nora

FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICAS, UNIVERSIDAD NACIONAL DEL COMAHUE