

# **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)

un estudio de proteómica realizado previamente evaluamos la adaptación de Xcc en condiciones de estrés salino generado por NaCl 0,25 M. Una proteína homóloga a una NAD(P)H deshidrogenasa (DH), presentó una abundancia de 30 veces en bacterias sometidas a estrés salino. El objetivo de este trabajo consiste en dilucidar la función de la proteína DH en la interacción planta-patógeno y en la adaptación de Xcc en condiciones de estrés salino y oxidativo.

**Materiales y Métodos:** Mediante qRT-PCR evaluamos los niveles de expresión de la DH y, para caracterizar la funcionalidad de esta proteína generamos una mutante, *XccDH-* por doble evento de recombinación y se complementó conjugando pBBR1MCS-2:DH, *XccDH-c*. A través de curvas de crecimiento evaluamos el comportamiento de las bacterias en NaCl 0; 0,25 y 0,5 M. Para analizar la participación de la DH en la tolerancia a estrés oxidativo, incubamos las bacterias en H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 25 mM. La acumulación de especies reactivas del oxígeno (ROS) en los extractos bacterianos luego del tratamiento con H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 25 mM, NaCl 0,25 y 0,5 M, se cuantificaron utilizando la sonda fluorescente diacetato 2',7'-diclorodihidrofluoresceína (H<sub>2</sub>DCFDA) y mediante el ensayo de "sustancias reactivas al ácido tiobarbitúrico" (TBARS).

**Resultados:** Al evaluar los niveles de expresión de la DH en NaCl 0,25 M observamos una inducción de 3.3 veces ( $p < 0,05$ ) respecto al control. Por otra parte, analizamos el crecimiento bacteriano de Xcc, *XccDH-* y *XccDH-c* y observamos que disminuyó con el aumento de la concentración de NaCl, sin observar diferencias significativas entre las cepas en estudio. Al caracterizar la participación de esta proteína en el proceso de patogenicidad, no observamos diferencias en las lesiones de la enfermedad producidas por las cepas en estudio. Sin embargo, cuando se evaluó la sobrevida epifítica, *XccDH-* presentó una tasa de sobrevida menor sobre el tejido vegetal con respecto a Xcc ( $p < 0,05$ ). En condiciones de estrés oxidativo *XccDH-* mostró mayor sensibilidad al oxidante ( $p < 0,05$ ), y al cuantificar ROS en los extractos bacterianos, *XccDH-* mostró un aumento significativo de los niveles de ROS ( $p < 0,05$ ), sugiriendo que la proteína DH estaría involucrada en el control de la acumulación de ROS intracelular.

**Conclusiones:** Con los resultados obtenidos hasta el momento, se logró caracterizar la enzima NAD(P)H deshidrogenasa, una nueva proteína involucrada en los mecanismos de adaptación bacteriana frente a condiciones ambientales desfavorables, que determinan el éxito del proceso de patogenicidad.

### JU 246

#### 0539 - NIVELES DE EXPRESIÓN DEL GEN EFECTOR *nleB* EN CEPAS DE *ESCHERICHIA COLI* VEROTOXIGÉNICO DE DISTINTO ORIGEN Y SEROTIPO

CADONA, Jimena<sup>1</sup> | BURGÁN, Julia<sup>2</sup> | BUSTAMANTE, Ana<sup>3</sup> | SANSO, Andrea Mariel<sup>4</sup>

LAB. DE INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA. CIVETAN, CONICET, FAC. DE CS. VETERINARIAS, UNCPBA, TANDIL<sup>1</sup>; LAB. DE INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA. CIVETAN, CONICET, FAC. DE CS. VETERINARIAS, UNCPBA, TANDIL<sup>2</sup>; LAB. DE INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA. CIVETAN, CONICET, FAC. DE CS. VETERINARIAS, UNCPBA, TANDIL<sup>3</sup>; LAB. DE INMUNOQUÍMICA Y BIOTECNOLOGÍA. CIVETAN, CONICET, FAC. DE CS. VETERINARIAS, UNCPBA, TANDIL<sup>4</sup>

**Introducción y Objetivos:** *Escherichia coli* verotoxigénico (VTEC) es un patógeno transmitido por alimentos que coloniza el tracto intestinal de los seres humanos, pudiendo causar síndrome urémico hemolítico (SUH). El diagnóstico de la infección por VTEC se ve obstaculizado por la incapacidad de distinguir entre las cepas que tienen el potencial de causar SUH de aquellas que no. La patogenicidad de las cepas VTEC *eae*-positivas depende, en gran parte, de la isla de patogenicidad (PAI) LEE, la cual codifica el sistema de secreción de tipo III (SSTIII). Particularmente, *nleB* es uno de los principales genes efectores del SSTIII, ubicado en otra PAI, OI-122, y propuesto como marcador de virulencia. Teniendo en cuenta el rol que podrían tener estos efectores en la patogenicidad de VTEC, el objetivo de este estudio fue evaluar y comparar los niveles de expresión basal del gen *nleB*, en aislamientos VTEC de distinto origen y serotipo.

**Materiales y Métodos:** Se analizaron 24 cepas VTEC pertenecientes a 10 serotipos (O157:H7 y no-O157) aisladas de diferentes orígenes, seres humanos, bovinos y alimentos. Las cepas se cultivaron en medio DMEM a 37 °C, con CO<sub>2</sub> al 5 % hasta una DO<sub>600</sub> de 0,6. Luego se realizó la extracción del ARN y se retrotranscribió a ADNc. Los niveles de expresión de *nleB* se obtuvieron mediante reacciones de cuantificación relativa por qPCR, utilizando *SYBR Green*. Los valores de *fold change* se calcularon en base al método  $\Delta\Delta$ CT, usando el gen *housekeeping tufA* como control endógeno, y una cepa VTEC O157:H7 aislada de un niño con SUH como referencia. Las diferencias de expresión entre grupos (origen y serotipo) se compararon mediante análisis de varianza (ANOVA,  $p$ -valor  $\leq 0,05$ ).

**Resultados:** Los resultados mostraron diferentes niveles de expresión entre las cepas estudiadas. La mayoría de los aislamientos presentó niveles de expresión detectables, con excepción de una cepa O128:NM, de origen humano, la cual resultó negativa. Por otro lado, 4 aislamientos de origen humano y bovino (O145:NM, O146:H21 y O157:H7) presentaron niveles de expresión superiores a la cepa control. Contrariamente, dos cepas de origen humano (O121:H19 y O145:NM), y una cepa de alimento (O157:H7), presentaron valores considerablemente inferiores a la cepa control. No se encontraron diferencias significativas en los niveles de expresión asociadas al origen (bovino y humano) ni al serotipo de los aislamientos, pero sí dentro del grupo de cepas aisladas de casos clínicos. Entre ellas, la expresión de *nleB* resultó significativamente superior en las cepas provenientes de casos de SUH.

## XIV Congreso Argentino de Microbiología General (XIV SAMIGE)

**Conclusiones:** En conclusión, los niveles de expresión basal del gen *nleB* en las cepas VTEC estudiadas no presentaron diferencias asociadas al origen o serotipo. Sin embargo, dentro del grupo de aislamientos de origen humano, los niveles de expresión sí fueron diferentes entre cepas SUH y no-SUH, hallazgo que podría resultar importante para identificar cepas VTEC causantes de enfermedad grave.

### JU 247

#### 0551 - DIAGNÓSTICO MOLECULAR ETIOLÓGICO DEL SÍNDROME DE ÚLCERA GENITAL EN ARGENTINA. PERÍODO 2005-2019

TOUZON, María Sol<sup>1</sup> | DÍAZ, Mónica Roxana<sup>1</sup> | CAÑETE, Gustavo<sup>2</sup> | SCARONE, Nahuel<sup>2</sup> | SLY, Gabriela<sup>2</sup> | MORALES, María Del Carmen<sup>2</sup> | MANIAS, Valeria<sup>2</sup> | LAURA, Piccoli<sup>2</sup> | SCOCOZZA, Laura<sup>2</sup> | BUSCEMI, Luis<sup>2</sup> | MARRERO, Marcela<sup>2</sup> | GALARZA, Patricia<sup>1</sup>

SERVICIO ENFERMEDADES DE TRANSMISIÓN SEXUAL, LABORATORIO NACIONAL DE REFERENCIA. INEIN-ANLIS<sup>1</sup>; RED NACIONAL DE INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** Los patógenos más frecuentemente asociados con el síndrome de úlcera genital (SUG) son *Treponema pallidum* (Tp), *Herpes Simplex Virus* (HSV) y *Haemophilus ducreyi* (Hd). El objetivo de este estudio fue determinar la etiología de úlceras genitales (y otras lesiones relacionadas) en pacientes con sospecha clínica de sífilis, derivados al laboratorio Nacional de Referencia de Enfermedades de Transmisión Sexual en Argentina.

**Materiales y Métodos:** Todas las muestras provenientes de úlceras o lesiones relacionadas fueron tomadas con hisopos, a partir de los cuales se extrajo ADN para la detección de Tp y HSV por una técnica de PCR in house, y, en los casos con sospecha clínica y/o epidemiológica de chancroide, se evaluó también la presencia de Hd por PCR in house. Se determinó el status serológico para sífilis y VIH. Se realizó la detección de Tp por microscopía de campo oscuro (CO) cuando las características de la úlcera lo permitieron. En los casos Tp positivos (CO y/o PCR), se realizó la genotipificación de las cepas mediante secuenciación del gen *tp0548* definiendo 8 variantes alélicas designadas con letras a-h y se evaluó la resistencia a Macrólidos por secuenciación del gen *ARNr 23S*, analizando la presencia de las mutaciones descriptas A2058G y/o A2059G.

**Resultados:** Se estudiaron 281 muestras que correspondían a 275 pacientes del período 2005-2019: 247 (87,9%) úlceras genitales, 14 (5%) lesiones orales, 10 (3,5%) condilomas lata, 5 (1,8%) úlceras anales, 3 (1,1%) lesiones de tronco y 2 (0,7%) de biopsia de hueso frontal craneal de 2 pacientes. La edad media de los pacientes fue 28 años, 227 (80,8%) eran de sexo biológico masculino y 54 (19,2%) femenino. Once pacientes fueron VIH+. El diagnóstico molecular de SUG fue alcanzado en 152/281 casos: 84 (55,3%) resultaron Tp positivos, de los cuales 78,8% eran úlceras genitales, 9,9% condiloma lata, 8,5% lesiones orales y 2,8% lesiones en cráneo; 76 (54%) resultaron HSV positivos, de los cuales 93% eran úlceras genitales, 4% úlceras anales, 3% lesiones orales. Catorce de los 152 (10,3%) presentaban coinfección Tp y HSV. En ningún caso se detectó la presencia de Hd. De los 84 pacientes con lesiones Tp+, 60 (84,5%) resultaron positivos para sífilis por serología. De 203 úlceras en las que se pudo realizar CO, 165 (81,3%) correlacionaron con el resultado de PCR para Tp. La mutación A2058G del gen *ARNr 23S* de Tp fue hallada en 5/49 (10,2%). De las 33 cepas en las que se analizó el gen *tp0548*, 18 (54,6%) fueron designadas con el alelo f, 11 (33,3%) con el d y 4 (12,1%) con el e.

**Conclusiones:** Tp y HSV son una causa frecuente de SUG en Argentina. Se debe considerar la coinfección en todos los casos. La sífilis puede tener presentaciones atípicas, como ser lesiones en cráneo. Los estudios moleculares permitieron mejorar el diagnóstico de sífilis, especialmente en los casos en que no se pueden aplicar las metodologías convencionales. Se detectó un nivel elevado de resistencia a Macrólidos en las cepas analizadas. El alelo f de *tp0548* fue el más frecuente.

### JU 248

#### 0570 - SECUENCIA GENÓMICA DE LA CEPA UNQOE19 DE *OENOCOCCUS OENI*, LA PRIMERA SECUENCIA GENÓMICA COMPLETAMENTE ENSAMBLADA DE UNA CEPA ENOLÓGICA PSICOTRÓFICA PATAGÓNICA

VALDES LA HENS, Danay<sup>1</sup> | IGLESIAS, Nestor Gabriel<sup>2</sup> | OLGUIN, Nair Tamis<sup>3</sup> | SEMORILE, Liliana<sup>1</sup>

COMISIÓN DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES (CIC)<sup>1</sup>; CONICET<sup>2</sup>; CONICET<sup>3</sup>

**Introducción y Objetivos:** En Argentina, la Patagonia es la región vitivinícola más austral del mundo con un clima frío. El uso de cultivos iniciadores para conducir la fermentación maloláctica (FML) no es una práctica habitual en las vinificaciones de vino Patagónico, el fracaso en este proceso se puede atribuir a las temperatura promedio de 14 a 10 °C durante Abril y Mayo. Un estudio previo de la diversidad de BAL de vinos patagónicos demostró una alta variabilidad de las especies de BAL durante la FML, con un predominio de cepas de *O.*