

# **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)

## Comisión Organizadora CAM 2019

<b>Presidente:</b>	María Alejandra Picconi
<b>Vicepresidentes:</b>	Adriana Sucari Gustavo Giusiano
<b>Secretaría General:</b>	Viviana Mbayed
<b>Secretaría de Actas:</b>	Sandra Pampuro
<b>Tesorería:</b>	Nora López Roberto Suárez Álvarez
<b>Secretaría Científica:</b>	Paula Gagetti María Victoria Preciado
<b>Comité Científico:</b>	Iris Agorio Marisa Almuzara Cybele García Walter Mazzini Ricardo Rodríguez Diego Sauka Diana Vullo Inés Zapiola
<b>Secretaría Técnica:</b>	Silvia Raffellini
<b>Comité Técnico:</b>	Flavia Amalfa Silvina Fernández Giuliano Alfonsina Moavro Irma Morelli Daniela Russo Gabriela Turk Claudio Valverde Verónica Vogt Esteban Zarankin

## **Comisiones Organizadoras de Congresos vinculados**

### **V CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA DE ALIMENTOS (V CAMA)**

<b>Presidente:</b>	Gerardo Leotta
<b>Vicepresidente 1º:</b>	Gabriel Vinderola
<b>Vicepresidente 2º:</b>	Sergio Epszteyn
<b>Secretaria General:</b>	Celina Horak
<b>Secretaria de Actas:</b>	Celia Melamed
<b>Secretario Científico:</b>	Juan Martín Oteiza
<b>Comité Científico:</b>	Carina Audisio Jorge Culasso Virginia Fernández Pinto Patricia Knass Andrea Patriarca Nancy Passalacqua María Laura Sánchez Marcelo Signorini Porchietto Cristian Suarez

### **V CONGRESO LATINOAMERICANO DE MICROBIOLOGÍA DE MEDICAMENTOS Y COSMÉTICOS (V CLAMME)**

<b>Presidente:</b>	Sergio Iglesias
<b>Vicepresidente:</b>	Graciela Torno
<b>Secretaria General:</b>	Andrea Cueli
<b>Secretaria de Actas:</b>	Mariana Scotto
<b>Secretarios Científicos:</b>	Mónica Lagomarsino Walter Mazzini
<b>Vocales:</b>	María Cristina Fernández Celina Horak Roxana Monardez

## **XIV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA GENERAL - SAMIGE (XIV SAMIGE)**

Leonardo Curatti (Tesorero)

Marcela Ferrero

Estela Galván (Revisora de Cuentas)

Eleonora García Vescovi (Presidente)

Nancy López

Laura Raiger Lustman (Pro-Secretaria)

Daniela Russo

Andrea Smania (Vice-Presidente)

Claudio Valverde (Secretario)

Diana Vullo

Oswaldo Yantorno (Presidente Saliente)

**PRESENTACIONES ORALES Y PÓSTERS DEL XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)**

**Presentaciones Orales**

**Presentaciones orales CAM 1**

Antimicrobianos, Bacteriología Clínica

Miercoles 25 de septiembre

17:00 – 18:30 h

Sala F

**Oral MI 1**

**0092 - RESPUESTA INMUNOMETABÓLICA EN ADULTOS MAYORES CON INFECCIÓN DEL TRACTO URINARIO FRENTE A FACTORES DE VIRULENCIA ASOCIADOS A SEPSIS EN *ESCHERICHIA COLI***

**GONZALES RODRIGUEZ, Arturo Octavio**<sup>1</sup> | BARRÓN PASTOR, Heli Jaime<sup>2</sup> | GUTIERREZ VILLAFUERTE, Cesar Arturo<sup>3</sup> | LLIMPE MITMA, Yesica<sup>4</sup> | HUERTA CANALES, Doris Virginia<sup>5</sup> | INFANTE VARILLA, Stefany Fiorella<sup>6</sup> | WONG CHERO, Paolo<sup>7</sup>

CÁTEDRA DE BIOQUÍMICA. FACULTAD DE MEDICINA. UNIVERSIDAD DE PIURA. LIMA<sup>1</sup>; CÁTEDRA DE BIOQUÍMICA. FACULTAD DE MEDICINA. UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS. LIMA<sup>2</sup>; CÁTEDRA DE EPIDEMIOLOGÍA. FACULTAD DE MEDICINA. UNIVERSIDAD DE PIURA. LIMA<sup>3</sup>; CÁTEDRA DE BIOQUÍMICA. FACULTAD DE MEDICINA. UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS. LIMA<sup>4</sup>; CÁTEDRA DE BIOQUÍMICA. FACULTAD DE MEDICINA. UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS. LIMA<sup>5</sup>; CÁTEDRA DE MICROBIOLOGÍA. FACULTAD DE MEDICINA. UNIVERSIDAD DE PIURA. LIMA<sup>6</sup>; CÁTEDRA DE BIOQUÍMICA. FACULTAD DE MEDICINA. UNIVERSIDAD DE PIURA. LIMA<sup>7</sup>

**Introducción y Objetivos:** Las ITU son la segunda infección más frecuente en población adulta mayor (PAM) institucionalizada, siendo *Escherichia coli* el principal agente causal. La probabilidad de desarrollar complicaciones clínicas como consecuencia de estas infecciones en PAM es mayor en comparación con la población geriátrica no institucionalizada. Estas complicaciones pueden llevar con más frecuencia a pielonefritis, bacteriemia y muerte. La respuesta inmunometabólica en los adultos mayores es vital para controlar las infecciones del tracto urinario y evitar un estado de sepsis. La alta adaptabilidad genética de las *E. coli* conlleva a que expresen factores de virulencia que dificulten su aclaramiento en el tracto urinario. Nuestro estudio buscó correlacionar la respuesta inmunometabólica en orina de adultos mayores con infección del tracto urinario por *E. coli* con la presencia de factores de virulencia asociados a sepsis en *E. coli*.

**Materiales y Métodos:** Se incluyeron 24 muestras de orina de adultos mayores con ITU residentes en centros de reposo gerontológicos. Se cuantificó el hierro en orina, el TNF-alfa; y la IL-1 beta; por el método de ELISA directo, la capacidad antioxidante en la orina por la metodología de ABTS\*+ y FRAP, finalmente, por PCR se evaluaron 11 genes de virulencia asociados a sepsis (*alfa-hly*, *chuA*, *aer*, *cnf1*, *sfa*, *pap GI*, *pap GII*, *papa GIII*, *nanA* y *TcpC*). Los resultados se analizaron mediante la prueba de Chi-cuadrado con el software Epidat 4.1. Los valores de  $p < 0,05$  se consideraron significativos.

**Resultados:** En relación a los genes codificantes de exotoxinas, 8,3% (2/24); 4,16% (1/24) y 0% (0/24) presentaron el gen *alfa-hly*, *cnf1* y *TcpC*, respectivamente. En los genes asociados al metabolismo del hierro, *chuA* estuvo en el 79,17% (19/24), *aer* en 70,83% (17/24) y *iucC* en 45,83% (11/24). La única adhesina observada fue *pap G-II* en 83,33% (20/24). El 95,83% presentó al gen *nanA*, asociado al metabolismo energético. Se observó asociación entre las *E. coli* portadoras del gen *pap G-II* y la mayor presencia de hematíes en la orina ( $p = 0,010$ ), lo cual también fue observado con la concentración de hierro ( $p = 0,004$ ). Además, se encontró una tendencia positiva en los pacientes de presentar una mayor capacidad antioxidante por el método de ABTS\*+ ( $p = 0,059$ ) cuando las *E. coli* eran portadoras del gen *pap G-II*.

**Conclusiones:** Concluimos que las *E. coli* portadoras del gen *pap G-II* inducen mayor daño tisular que, posiblemente, favorece la mayor concentración de hierro en orina, lo cual estimula su crecimiento. Por otro lado, la tendencia positiva en los pacientes infectados *E. coli* - *pap G-II*(+) de tener una mayor capacidad antioxidante, puede deberse a la deficiencia en la producción de ROS por parte de los neutrófilos reclutados en la PAM. Finalmente, la presencia generalizada del gen *nanA* es importante debido a su alta relevancia en estadios de sepsis y sugerimos que la ausencia del gen *TcpC* se debe a una reciente adquisición evolutiva del gen en las *E. coli*.

## XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

Se estudió el efecto del pH, la temperatura, la concentración de fuente de carbono y energía y la concentración de colorante. Luego se validó el proceso a escala de biorreactor tipo tanque agitado con 100 mg l<sup>-1</sup> de colorante, 40 g l<sup>-1</sup> glucosa, 1,25 g l<sup>-1</sup> urea, 2,5 g l<sup>-1</sup> extracto de levadura, 5 g l<sup>-1</sup> KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, 0,5 g l<sup>-1</sup> MgSO<sub>4</sub>, 0,13 g l<sup>-1</sup> CaCl<sub>2</sub> y 10 g l<sup>-1</sup> NaCl. A intervalos regulares se tomaron muestras líquidas para la determinación del porcentaje de decoloración, la curva de crecimiento en función a la biomasa generada y, con el sobrenadante obtenido por centrifugación 10 minutos a 4000 g, se realizó el estudio de la ecotoxicidad sobre semillas de *Lactuca sativa* L utilizando el protocolo desarrollado por Sobrero y Ronco (2004). Se utilizó como variable de estudio el porcentaje de germinación de las mismas.

**Resultados:** Se observó que a tiempo inicial, con una dilución 1/10 del sobrenadante, germinaron tan solo 3 de 20 semillas ensayadas, y pasadas las 72 horas de cultivo, con la misma dilución, germinó el 100% de las semillas ensayadas. Finalmente, a fin de dilucidar la naturaleza de los compuestos de degradación de los colorantes, se realizó un cultivo con el medio optimizado suplementado con 300 mg l<sup>-1</sup> del colorante. Se tomaron muestras a intervalos de tiempo regulares cuyos sobrenadantes fueron analizados por espectroscopía UV-Vis y HPLC – masa. Se observó la desaparición de el o los picos correspondientes al colorante, y la aparición de nuevos picos pertenecientes a los metabolitos de degradación de los tintes por parte de la levadura seleccionada.

**Conclusiones:** Estos resultados permiten suponer que puede desarrollarse un proceso de tratamiento de efluentes textiles, utilizando la levadura *Candida sake* 41E, como una alternativa eficiente, económica y de bajo impacto ambiental.

### JU 109

#### 0169 - ESTUDIO DEL POTENCIAL DE UN CONSORCIO DEFINIDO DE ACTINOBACTERIAS PARA REMEDIAR SISTEMAS LÍQUIDOS ADICIONADOS SIMULTÁNEAMENTE CON MÚLTIPLES CONTAMINANTES Y DE SU SOBREVIVENCIA LUEGO DEL TRATAMIENTO

ANTEZANA, Pablo Edmundo<sup>1</sup> | RULLI, Macarena María<sup>2</sup> | BENIMELI, Claudia Susana<sup>2</sup> | COLIN, Veronica Leticia<sup>2</sup> | FUENTES, María Soledad<sup>2</sup>

FACULTAD DE BIOQUÍMICA Y FARMACIA (UBA), CÁTEDRA DE ANALÍTICA INSTRUMENTAL<sup>1</sup>; PROIMI<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** La presencia simultánea de más de un contaminante, puede causar numerosos peligros tanto para la salud humana como para el ambiente, por lo cual es necesario encontrar organismos capaces de remediar sitios co-contaminados. Entre ellos se destacan las actinobacterias, microorganismos metabólicamente versátiles, con gran potencial para degradar y/o remover diversos contaminantes, incluyendo plaguicidas, colorantes e hidrocarburos. Su uso en biorremediación resulta particularmente prometedor, sobre todo si son empleadas en consorcios microbianos definidos constituidos por cepas con capacidades degradativas conocidas que, inoculadas en conjunto, incrementan las rutas metabólicas disponibles para degradar contaminantes. En base a lo expuesto, el objetivo del presente trabajo fue evaluar la capacidad de un consorcio de actinobacterias para crecer en sistemas líquidos contaminados artificialmente con Lindano (gamma-HCH), Fenantreno (Fn) y Reactivo Negro 5 (RNV), remover dichos contaminantes y sobrevivir frente a las condiciones ensayadas.

**Materiales y Métodos:** Para ello, se empleó un consorcio microbiano definido (*Streptomyces* sp. A5, M7, MC1, *Amycolatopsis tucumanensis* DSM 45259), seleccionado previamente por su capacidad para crecer y remover individualmente los compuestos en estudio. Dicho consorcio fue inoculado (2 g L<sup>-1</sup>) en medio mínimo (MM) estéril, contaminado con una mezcla de Fn (17,8 mg L<sup>-1</sup>), gamma-HCH (2 mg L<sup>-1</sup>) y RNV (200 mg L<sup>-1</sup>) e incubado durante 6 días a 30 °C, tomando muestras para realizar determinaciones de crecimiento microbiano (peso seco), concentración residual de contaminantes (ECD-GC, HPLC, espectrofotometría) e identificación bioquímica (sensibilidad frente a antibióticos) y molecular (RAPD-PCR) de las actinobacterias inoculadas.

**Resultados:** Al evaluar la capacidad del consorcio microbiano para crecer en MM contaminado simultáneamente con gamma-HCH, Fn y RNV, no se detectaron diferencias significativas entre los valores de biomasa alcanzados por el mismo al final del ensayo, en presencia (1,19 ± 0,16 g L<sup>-1</sup>) y ausencia (1,15 ± 0,25 g L<sup>-1</sup>) de la mezcla estudiada, sin embargo, se vio afectada su velocidad específica de crecimiento, la cual disminuyó en presencia de la mezcla. Con respecto a la remoción de los contaminantes por parte del consorcio, se detectaron valores correspondientes a 36,7%, 59,0% y 18,0% de remoción para Fn, gamma-HCH y RNV, respectivamente. Finalmente, al realizar la identificación bioquímica y molecular de los microorganismos presentes en los sistemas contaminados e inoculados, se detectaron al final del ensayo, las cuatro actinobacterias pertenecientes al consorcio estudiado.

**Conclusiones:** Los resultados obtenidos en el presente trabajo permiten proponer al consorcio de actinobacterias evaluado como una herramienta promisoriosa para biorremediar sistemas líquidos co-contaminados.

### JU 110