

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

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

XIV Congreso Argentino de Microbiología General (XIV SAMIGE)

JU 233

0413 - ¿CUÁLES SON LOS MARCADORES GÉNICOS MÁS ROBUSTOS PARA LA ASIGNACIÓN TAXONÓMICA DE AISLAMIENTOS DEL GÉNERO PSEUDOMONAS?

MUZLERA, Andrés¹ | GARAVAGLIA, Matias² | VALVERDE, Claudio¹

UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES¹; INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA, UNIVERSIDAD NACIONAL DE HURLINGHAM²

Introducción y Objetivos: Desde los años 80, la secuencia del ARN y del ADN ribosomal son utilizados como estándar para evaluar diversidad microbiana y clasificar las bacterias en especies. Esta elección se basa en su distribución ubicua y su baja tasa evolutiva, lo que permite realizar comparaciones entre bacterias muy divergentes (Busse, et. al. 1996. doi: 10.1016/0168-1656(96)01379-x). Además, los dominios altamente conservados del ADN ribosomal permiten el diseño de *PRIMERS* capaces de amplificar una gran variedad de secuencias tanto de eubacterias como de arqueas. Pero, a pesar de estas ventajas, la información que proporcionan no es suficiente para diferenciar bacterias muy emparentadas filogenéticamente (Santos, et. al. 2004. doi: 10.1111/j.1462-2920.2004.00617.x). Además, como el 16S rDNA no codifica ninguna proteína, las inserciones y deleciones pueden introducir problemas en el momento de alinear secuencias. Por otro lado, la selección evolutiva de una secuencia que determina una estructura secundaria en el ARN puede causar convergencia y saturación distorsionando el análisis. Teniendo en cuenta esto, se han propuesto distintos genes codificantes como marcadores filogenéticos para el género *PSEUDOMONAS*, aunque para su elección solo se tomaron en cuenta 3 factores: que sean codificantes, que estén conservados y que se puedan diseñar *PRIMERS* (Mulet, et. al. 2010. doi: 10.1111/j.1462-2920.2010.02181.x). En este trabajo planteamos la identificación de aquellos marcadores filogenéticos para el género *PSEUDOMONAS*, que otorguen mayor capacidad de discriminación de especies de acuerdo a, principalmente, su calidad de contenido informativo.

Materiales y Métodos: Este trabajo se desarrolló en 4 etapas: 1. Generación y depuración de la base de datos con 215 genomas completos anotados a partir de www.pseudomonas.com; 2. Búsqueda de genes conservados ("core genes"); 3. Análisis de calidad informativa de los genes y sus regiones; 4. Diseño de *PRIMERS* y generación de concatenados para un análisis multilocus de secuencia (MLSA).

Resultados: Para definir los *CORE GENES* se establecieron los siguientes requisitos: 1. Que los genes posean un alto grado de similitud a nivel de secuencia y un porcentaje de identidad mayor a 60%; 2. Ser genes de simple copia. En base a esto se encontraron 52 *CORE GENES* en nuestra base de datos. Para analizar su calidad informativa se generaron fragmentos de 1000pb con corrimientos de 50pb sobre cada gen. Por cada fragmento se realizó una Correlación de matrices de Mantel, Correlación de topologías de árboles de distancias de Robinson-Foulds y Correlación de topologías de clúster. Se generó un ranking comparando la distancia euclidiana en cuatro dimensiones de cada valor de correlación contra el valor de correlación de un concatenado de los 52 genes conservados (MLSA52) y contra un análisis del índice de nucleótidos promedio (ANI) de cada genoma correspondiente. Una vez obtenidos los fragmentos con mejor score (menor distancia contra MLSA52 y ANI) se diseñaron *PRIMERS* para amplificar dichas secuencias *IN SILICO*. Finalmente se generaron todos los posibles concatenados de a tres amplicones y se repitió la comparación de sus valores de correlación contra MLSA52 y ANI.

Conclusiones: Los concatenados compuestos por amplicones de los genes *SPOVR* (proteína conservada no caracterizada), *PEPN* (aminopeptidasa N), *GLTB* (subunidad mayor de glutamato sintasa) y *UVRA* (subunidad A de excinucleasa ABS) presentan los mejores scores postulándose como los ideales para una asignación filogenética robusta de especies dentro del género *PSEUDOMONAS*.

JU 234

0552 - *EXIGUOBACTERIUM SP. S56A*: PROMOTORA DE CRECIMIENTO VEGETAL Y POTENCIAL AGENTE DE CONTROL BIOLÓGICO

NIEVA MURATORE, Luciana | SANTOS, Ana Paula | FARÍAS, María Eugenia | BELFIORE, Carolina

PROIMI

Introducción y Objetivos: El hongo *Macrophomina phaseolina* (*Tassi*) *Goid* es un patógeno expandido mundialmente, con más de 500 especies de plantas hospedantes. Infecta, entre otros hospedantes de importancia agrícola, al sorgo, algodón, maní y soja causando en esta última, la enfermedad conocida como "podredumbre carbonosa". Esta enfermedad se la observa todos los años en las zonas sojeras de la Argentina, con una incidencia y severidad relacionadas directamente a períodos de estrés hídrico y térmico. El patógeno infecta tanto plantas jóvenes como adultas, produciendo en tallos y raíces; al principio lesiones negras y posteriormente manchas extensas de color gris blanquecino, en donde se localizan las estructuras reproductivas del patógeno (esclerocios y picnidios).

XIV Congreso Argentino de Microbiología General (XIV SAMIGE)

Materiales y Métodos: Se realizaron pruebas bioquímicas siguiendo protocolos descriptos en la bibliografía y pruebas de antagonismo frente a *Macrophomina phaseolina* mediante el Método de cultivo Dual. La microscopía electrónica se llevó a cabo en el CISME - CONICET

Resultados: Los resultados mostraron que nuestro aislamiento es capaz de inhibir a las tres cepas de *Macrophomina phaseolina* evaluadas, en un 25% aproximadamente. Se pudo observar que es capaz de producir sustancias con efecto antibiótico difusibles pero no volátiles. Observaciones con microscopía electrónica muestra el daño ocasionado en las hifas de las cepas ensayadas. Por otro lado, los métodos cualitativos realizados demostraron que *Exiguobacterium sp.* S56a produce enzimas degradadoras de la pared celular de hongos como glucanasas y proteasas. Además resultó productora de sideróforos y catalasa, aunque resultó negativa para la producción de HCN y ácidos orgánicos. *Exiguobacterium* es capaz de fijar nitrógeno, solubilizar fósforo, producir catalasa y ácido indol acético. Las semillas inoculadas disminuyen el tiempo de germinación comparadas con las semillas control (sin inocular).

Conclusiones: Estos resultados alientan a continuar estudiando el uso de *Exiguobacterium* como alternativa para la formulación de un bioinoculante.

JU 235

0569 - INOCULANTES MICROBIANOS: MARCAJE GÉNICO DE UNA CEPA COMERCIAL BASADA EN *PSEUDOMONAS SP. 1008* PARA ANALIZAR SU PERMANENCIA EN MUESTRAS DE SUELO

MORELLATO, Agustín Ezequiel¹ | WALL, Luis² | AGARAS, Betina²

UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES¹; UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES - CONICET²

Introducción y Objetivos: Los efectos benéficos de los inoculantes microbianos probióticos sobre plantas son conocidos, pero aún no se ha estudiado en detalle sus dinámicas de crecimiento, persistencia y efectos microambientales en el suelo. El inoculante Rizofos® (Rizobacter Argentina S.A.) está basado en la cepa *Pseudomonas sp. 1008* y se comercializa para favorecer la disponibilidad de fósforo en gramíneas. Con este producto como modelo, nos propusimos obtener una variante marcada y caracterizarla fenotípicamente para realizar ensayos en invernáculo y analizar su trazabilidad en distintas porciones del sistema suelo-raíz.

Materiales y Métodos: En la caracterización fenotípica, se cuantificaron *in vitro* la producción de fosfolipasas (agar yema de huevo, AYH), exoproteasas (agar leche, AL) y la solubilización de fosfatos inorgánicos (agar NBRIP), y se evaluó la producción de ácido cianhídrico (HCN) y la susceptibilidad a los antibióticos kanamicina, gentamicina y cloranfenicol. La variante marcada (1008-VM) se obtuvo por conjugación tetraparental (Lambertsen *et al.* 2004, doi: 10.1111/j.1462-2920.2004.00605.x), incorporando un *cassette* que expresa la proteína fluorescente YFP y resistencias a estreptomycin (Str) y kanamicina (Km). Se realizó un ensayo en invernáculo en macetas de 1l con mezcla suelo:perlita, plantas de trigo y 1 mes de duración. Los tratamientos fueron 4: A) trigo sin inoculación; B) trigo inoculado en semilla; C) trigo inoculado en sustrato; D) sin planta, sustrato inoculado. El seguimiento de 1008-VM en las muestras de raíces, suelo rizosférico (SR) y suelo libre (SL) se hizo mediante recuentos en placa en medio selectivo Gould's S1 con Str¹⁰⁰ y Km⁵⁰. Además, se observó al microscopio de fluorescencia el patrón de colonización sobre las raíces. El efecto sobre el desarrollo vegetal (PGP) se evaluó midiendo biomasa radical y aérea y altura.

Resultados: La cepa comercial expuso gran capacidad para solubilizar fosfatotricálcico, como se esperaba, pero además se observaron altas actividades relativas en AL y AYH, las cuales están relacionados con el biocontrol en otras *Pseudomonas* (Sacherer *et al.* 1994, doi: 10.1111/j.1574-6968.1994.tb06694.x). El fenotipo de 1008-VM fue idéntico al salvaje y la inserción fue estable, representando un buen modelo para el ensayo en invernáculo. En éste, se observó que en los tratamientos B y C la colonización radical fue alta (con títulos entre 10⁷-10⁸ UFC/gr de muestras R). Sin embargo, en las muestras SL y SR, la variante marcada fue observada sólo en el tratamiento C. En conjunto, ésto sugiere la existencia de un comportamiento direccional no descripto hasta ahora: estas bacterias podrían desplazarse desde el sustrato hacia la raíz, pero no podrían colonizar el SL partiendo desde la superficie radical. Esto también indicaría que si se inocula en semilla, el efecto microambiental residual sería mínimo. Además, los títulos obtenidos en SL fueron 2 órdenes de magnitud menores en D respecto de C, sugiriendo que la planta también tiene un efecto sobre la supervivencia de la bacteria en el SL circundante. Los efectos PGP acompañaron las tendencias de colonización radical. Por microscopía de fluorescencia, se observaron dos patrones de colonización en superficie radical: difuso o en forma de cordón, según si la inoculación había sido en sustrato o en semilla, respectivamente, sugiriendo que la dinámica de colonización sería distinta en cada caso.

Conclusiones: Estos resultados sugieren que el comportamiento de Rizofos® en el suelo varía según la metodología de la inoculación.

JU 236