

# **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)

se cuenta con valiosa información para lograr un conocimiento pormenorizado de los distintos patógenos. El Pangenoma puede dividirse para su estudio en Core-genoma (común a todas las cepas analizadas) y genoma accesorio, con múltiples aplicaciones. En este trabajo nos proponemos a partir del estudio del pangenoma, proporcionar un marco genómico comparativo y filogenético con el fin de caracterizar tanto las potenciales secuencias conservadas en la especie como también las posibles secuencias diferenciales entre las subespecies, estudiar las relaciones filogenéticas entre las distintas cepas de nuestro país e identificar nuevas regiones target para optimizar el diagnóstico de la CGB.

**Materiales y Métodos:** Para el análisis se emplearon 66 secuencias genómicas disponibles en el NCBI y 165 secuencias disponibles en el EMBL-EBI. Adicionalmente, se secuenciaron 3 genomas de distintos aislamientos de campo locales de *C. fetus* mediante NGS, los cuales fueron dos *C. fetus fetus* y una *C. fetus venerealis* bv. intermedius. Los genomas fueron anotados con Prokka, y las anotaciones en formato GFF3 fueron utilizados como input para obtener el pangenoma de *C. fetus* (<https://sanger-pathogens.github.io/Roary>). Se creó un alineamiento multifasta del core-genoma utilizando PRANK. RaxML v8.2.11 se utilizó con el parámetro GTRGAMMA para calcular un árbol de consenso con 1000 réplicas de bootstrap). Los resultados fueron visualizados con Phandango (<http://jameshadfield.github.io/phandango>) y, posteriormente se elaboró un heatmap para comparar de a pares a todas las cepas en cuestión utilizando la herramienta ggplot de RStudio.

**Resultados:** Se obtuvo un filograma construido en base al core-genoma, el mismo no sostiene la separación en subespecies en *C. fetus* tal cual sugieren estudios previos y que las cepas argentinas están muy relacionadas filogenéticamente entre sí y con las cepas que circulan en el resto del mundo. El core-genoma de *C. fetus* esta constituido por 629 genes y el genoma accesorio por 4859 genes. El heatmap elaborado evidenció claramente la cercanía entre las subespecies Cff y Cfv, siendo significativas las diferencias entre estas y Cft, propia de reptiles.

**Conclusiones:** Este estudio a partir de las secuencias de genomas completos y la disección del Pangenoma nos permitió incrementar el conocimiento bioinformático y filogenético de *C. fetus* tanto local como global y, orientará en el diseño de herramientas útiles para la identificación y diagnóstico del patógeno en Argentina y el mundo.

### MI 257

#### 0357 - ESTUDIO DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE PROTEÍNAS INTRACELULARES DE *APIOTRICHUM LOUBIERI* M12 EN PRESENCIA DE CU(II)

BONILLA, José Oscar<sup>1</sup> | CALLEGARI, Eduardo Alberto<sup>2</sup> | PAEZ, María Daniela<sup>2</sup> | GIL, Raúl Andrés<sup>1</sup> | VILLEGAS, Liliana Beatriz<sup>1</sup>

INSTITUTO DE QUÍMICA DE SAN LUIS (INQUISAL), CONICET. FQBYF, UNSL.<sup>1</sup>; DIVISION OF BASIC BIOMEDICAL SCIENCES, SANFORD SCHOOL OF MEDICINE. UNIVERSITY OF SOUTH DAKOTA.<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** *Apiotrichum loubieri* M12, un microorganismo resistente a Cu(II), fue aislado a partir de sedimentos de un ambiente afectado por Drenaje Ácido de Mina en la provincia de San Luis. En estudios previos, este microorganismo fue capaz de remover alrededor del 35% de Cu(II) cuando creció en medio líquido con 40 µg mL<sup>-1</sup> Cu(II) después de 48h de incubación. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la expresión diferencial de proteínas intracelulares de *A. loubieri* M12 en presencia y en ausencia de Cu(II), con el fin de entender los mecanismos homeostáticos de resistencia empleados por este microorganismo.

**Materiales y Métodos:** *A. loubieri* M12 se cultivó en medio EG\* (g L<sup>-1</sup>: glucosa 10,0; extracto de levadura 1,0; K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0,5; KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 0,5), suplementado o no con 40 µg mL<sup>-1</sup> Cu(II), durante 48h a 30°C y 200rpm. Las células se recuperaron por centrifugaron a 4.000 xg durante 20min a 4°C (Centrífuga U-320R). Los pellets celulares se lavaron dos veces con PBS (mM: NaCl 124; NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 10; KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 3) y se conservaron durante 24h a -20°C. Luego, se procedió a la ruptura mecánica de los mismos en mortero, utilizando N<sub>2</sub> líquido. El polvo obtenido se recuperó con 5mL de Buffer Tris-Sacarosa y se centrifugó a 8.500 xgdurante 20min a 4°C para eliminar los restos celulares. Los sobrenadantes se utilizaron como fuente de proteínas citosólicas y se conservaron a -20°C. La concentración de proteínas se determinó con el método de Bradford y se liofilizó un volumen correspondiente a 300 µg de proteínas. Las muestras fueron reconstituidas en Buffer Tris-HCl 50mM (pH=8) a 1 µg µL<sup>-1</sup>. Las proteínas fueron reducidas y alquiladas usando DTT y Iodoacetamida, respectivamente, y digeridas con Tripsina (Promega). El análisis se llevó a cabo a través de nanoUHPLC-ESI-MS/MS y herramientas bioinformáticas, utilizando bases de datos de Swiss-Prot y MASCOT v2.5.1. El estudio comparativo se llevó a cabo por medio de ProteoIQ v2.8. Se trabajó con triplicados biológicos y duplicados analíticos de cada uno de ellos.

**Resultados:** Las proteínas que fueron inducidas o sobre-expresadas en presencia de Cu(II) corresponden a proteínas relacionadas a: i) biosíntesis de proteínas, como proteínas ribosomales, factores de iniciación y elongación de la traducción, proteínas de splicing de ARNm y proteínas de plegamiento; ii) degradación de proteínas defectuosas, como proteasas, y proteínas de proteosoma y ubiquitinación; iii) procesos de óxido-reducción; iv) proteínas de unión a ácidos nucleicos; v) proteínas de estrés, como proteínas de choque térmico,

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

y vi) quinasas/fosfatasas que pueden ser claves en la activación o inactivación de vías de señalización intracelulares.

**Conclusiones:** Estos resultados indican que la presencia del metal en el medio de cultivo afecta la expresión de proteínas celulares y fundamentalmente estimula la producción de proteínas que le permiten al microorganismo hacer frente al estrés causado por este compuesto tóxico.

### MI 258

#### 0379 - EVALUACIÓN DE LA VARIACIÓN EN LA EXPRESIÓN DE FACTORES DE VIRULENCIA IMPLICADOS EN LA PATOGENICIDAD DE *YERSINIA ENTEROCOLITICA* TRATADAS CON NANOPARTICULAS DE PLATA

TORANZO, Araceli<sup>1</sup> | PAEZ, Paulina<sup>2</sup> | LUCERO ESTRADA, Cecilia<sup>3</sup>

IMIBIO - CONICET<sup>1</sup>; DEPARTAMENTO DE CIENCIAS FARMACÉUTICAS. FCQ. UNIVERSIDAD NACIONAL DE CÓRDOBA / UNITEFA - CONICET<sup>2</sup>; ÁREA DE MICROBIOLOGÍA. FQBYF. UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN LUIS. / IMIBIO - CONICET<sup>3</sup>

**Introducción y Objetivos:** *Yersinia enterocolitica* está ampliamente distribuida en el medio ambiente y en las poblaciones animales, lo que representa una fuente potencial de infección para los humanos. El principal reservorio de cepas patógenas para humanos es el cerdo. De entre los 6 biotipos conocidos, las cepas que pertenecen a los biotipos 1B y 2 a 5 son patógenas para animales y humanos. A pesar de no poseer los marcadores de virulencia tradicionales, cepas del biotipo 1A han sido aisladas como único agente causal de infecciones gastrointestinales. La patogenicidad de *Y. enterocolitica* depende de la presencia de varios factores de virulencia que facilitan que las bacterias ingresen a un organismo susceptible, lo colonicen, evadan el sistema inmunológico y crezcan en condiciones desfavorables. Previamente, observamos que nanopartículas de plata (NPsAg) fitosintetizadas con extracto acuoso de *Bothriochloa laguroides* tuvieron actividad antibacteriana y antibiofilm contra cepas de *Y. enterocolitica*. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue determinar si existe variación en la expresión de genes de virulencia.

**Materiales y Métodos:** Se utilizaron dos cepas de diferentes bio/serotipos: *Y. enterocolitica* 1B/O:8 (8081) e *Y. enterocolitica* 1A/O:5 (ME110). Los genes analizados para la cepa 8081 fueron *virF*, *ail*, *inv*, *yenI* e *yst*, mientras que para la cepa ME110 fueron *yenI* e *yst* debido a que los demás genes no se encuentran en esta cepa. Las cepas se hicieron crecer en caldo tripticasa soja adicionado con 0,25% de glucosa (CTSG) por 24 h a 25 °C con una dilución 1/256 de NPsAg, luego se procedió a realizar la extracción de ARN con Trizol. Se extrajo el ARN tanto de células planctónicas como sésiles. El ARN fue cuantificado a 260/280 nm. La síntesis de ADNC se llevó a cabo con 200 U/µl de la enzima retrotranscriptasa M-MLV. Para realizar la cuantificación relativa, la expresión de los genes fue normalizada con el gen constitutivo 16S ARNr usando el software ImageJ 1.5.

**Resultados:** Con la cepa 8081 se observó una disminución en la expresión del gen *inv* (que codifica para la proteína invasina, la cual promueve la adhesión) en células sésiles tratadas con NPsAg. Con la cepa ME110 no se observó variación en la expresión de los genes estudiados luego del tratamiento.

**Conclusiones:** La disminución de la capacidad de formar biofilms de la cepa 8081 luego del tratamiento con NPsAg podría deberse a una disminución en la expresión de invasina, con la consiguiente disminución en la adhesión de las células.

### MI 259

#### 0385 - ROL DEL REGULADOR DEL FLAGELO SUBPOLAR FLBD EN EL CONTROL DE LA SÍNTESIS DE LOS FLAGELOS LATERALES Y LA PRODUCCIÓN DE EXOPOLISACARIDOS (EPS) EN *BRADYRHIZOBIUM DIAZOEFFICIENS*

DARDIS, Carolina | MENGUCCI, Florencia | ALTHABEGOITI, María Julia | LODEIRO, Anibal | QUELAS, Juan Ignacio | MONGIARDINI, Elias

INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA Y BIOLOGÍA MOLECULAR, IBBM--CONICET, FAC. CS EXACTAS, UNLP

**Introducción y Objetivos:** *B. diazoefficiens* es una bacteria de relevancia agronómica dada su capacidad de fijar nitrógeno atmosférico en simbiosis con soja. En vida libre, es capaz de sintetizar dos sistemas de flagelos independientes, que utiliza para nadar en medios líquidos. Uno de los sistemas presenta localización subpolar y expresión constitutiva mientras que el otro sistema es lateral y funciona de manera inducible. Ambos aportan al movimiento de natación y su uso es importante en la competitividad para nodular plantas de soja. Los flagelos son estructuras complejas compuestas por 40-50 proteínas, que se ensamblan en las membranas de la bacteria. Este proceso requiere de una regulación estricta debido al alto costo energético que conlleva su síntesis y mantenimiento. Esta regulación generalmente ocurre en una cascada jerárquica y puede implicar 3 o