

# **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

## XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

**Conclusiones:** Se puede concluir que el agregado de inoculante mejoró la calidad fermentativa del ensilado y que el *Zea mays* var. Elena UNLPam es una buena alternativa para su utilización como reserva forrajera.

### CAM - Microbiología ambiental

#### MI 107

#### 0113 - INNOCUITY AND PHYLOGENETIC ANALYSES OF LACTIC ACID BACTERIA FROM RAW BUFFALO MILK IN BRAZIL

MERKER BREYER, Gabriela | NORONHA ARECHAVALTA, Nathasha | DE SOUZA DA MOTTA, Amanda

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

**Introduction and objectives:** Probiotics are microorganisms that confer benefits to the host when consumed in adequate amounts, according to the Food and Agricultural Organization (FAO). The probiotic activity is usually associated to lactic acid bacteria (LAB), which can be found in many sources, such as plants, meat and milk. Meanwhile, buffalo production is increasing worldwide as well as the consumption of its derivatives; however, there is still a gap on probiotic potential of LAB isolated from raw buffalo milk. Therefore, the current work aims to screen for novel LAB in raw buffalo milk and compare them with other LAB already described in literature.

**Materials and methods:** We analysed 62 strains isolated from raw buffalo milk samples retrieved from cooling tanks in two dairy farms in Rio Grande do Sul (Brazil) by Gram and catalase activity. The isolates were identified by MALDI-TOF/MS, and a total of 11 strains were selected for the further analyses, as they are considered probiotic candidates according to the current literature and the Brazilian Health Surveillance Agency (ANVISA). Those isolates were analysed by partial 16S rRNA sequencing, and the data generated was used to build a phylogenetic tree comparing those strains with other four LAB isolated from buffalo milk already described in literature. To assess the innocuity of the 11 strains, we analysed their haemolytic and gelatinase activities. Additionally, their susceptibility to ten antibiotics (clindamycin, ceftriaxone, chloramphenicol, vancomycin, tetracycline, ciprofloxacin, gentamycin, erythromycin, ampicillin and penicillin G) was assessed by disc diffusion test. Finally, the presence of five virulence genes (*cyIA*, *cpd*, *agg*, *asa1*, and *ace*) was assessed by polymerase chain reactions (PCR).

**Results:** We identified four species of LAB that are considered probiotic candidates according to the current literature, being: 4 *Lactococcus lactis*, 4 *Lactobacillus paracasei*, 1 *Lactobacillus rhamnosus* and 2 *Leuconostoc mesenteroides*. None of them showed haemolytic and gelatinase activity. All isolates showed resistance to at least one antibiotic; however some of these resistances are considered intrinsic, being well established in literature and hardly transferable to other bacteria. The PCR for virulence genes demonstrated that *cpd*, *agg*, *asa1* and *ace* were absent in all isolates, however *cyIA* was detected in one strain. The phylogenetic tree based on partial 16S rRNA sequences demonstrated that the 11 isolates were grouped according to their genera, and indicated that isolates from the same source are more closely related than the same species from other studies and sources.

**Conclusions:** Those results highlight the importance of studying buffalo milk as a source of novel probiotic candidates, as 6 LAB demonstrated to be innocuous based on our assays. Further studies are necessary to ensure their probiotic activity, so they can be applied in food industry in the future.

#### MI 108

#### 0127 - CARACTERIZACIÓN MICROBIOLÓGICA DE ZONAS DEGRADADAS EN EL MONTE AUSTRAL

FERNÁNDEZ, Leticia Andrea<sup>1</sup> | HERNÁNDEZ, Jorge<sup>2</sup> | RODRÍGUEZ, María Agustina<sup>1</sup> | ZALBA, Pablo<sup>3</sup> | BUSSO, Carlos<sup>4</sup>

LABORATORIO DE ESTUDIOS APÍCOLAS<sup>1</sup>; LABORATORIO DE REHABILITACIÓN Y RESTAURACIÓN ECOLÓGICA DE ECOSISTEMAS ÁRIDOS Y SEMIÁRIDOS (LARRE<sup>2</sup>); LABORATORIO DE SUELOS SALINOS Y SÓDICOS DEL DPTO. DE AGRONOMÍA. UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SUR<sup>3</sup>; LABORATORIO DE ECOLOGÍA DEL DPTO. AGRONOMÍA. UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SUR (UNS).<sup>4</sup>

**Introducción y Objetivos:** La degradación extrema del suelo en las zonas áridas se conoce como desertificación. Es uno de los problemas ecológicos más importantes que enfrentan muchos países y es uno de los principales desafíos ambientales en Argentina. En este contexto, se planteó un proyecto de restauración ecológica de una zona degradada del Monte Austral. Puntualmente en este trabajo se caracterizaron

## XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

microbiológicamente los ambientes degradados así como los tratamientos de restauración propuestos y el ecosistema de referencia de la zona de estudio.

**Materiales y Métodos:** El ensayo se realizó en camas de siembra de 0,5 m ancho por 4 m largo, con una profundidad de 0,4 m en una explanada (E). Los tratamientos de restauración (3 repeticiones) consistieron en la siembra directa de especies nativas en las mencionadas camas con el agregado de suelo superficial (hasta 10 cm): (T) Cama de siembra + suelo superficial; (S) Cama de siembra + suelo superficial + siembra de mezcla de semillas pre-tratadas; (C) Testigo sin agregado de suelo superficial. Este ensayo se ubicó cerca de un sitio de referencia (R) que ecológicamente no está disturbado. La caracterización microbiológica consistió en: 1) Recuentos de microorganismos: por técnica de las diluciones decimales con 10 g de suelo en 90 ml de NaCl 0,85%, como primera dilución y luego diluciones en tubos con 9 ml del mismo diluyente. Posteriormente se realizó la siembra de las diluciones de suelo en placas de Petri con medio Hongos y Levaduras (Britania) y con Agar Nutritivo (Britania). Las placas se incubaron en estufa a  $25\pm 2$  °C para hongos y levaduras y a  $35\pm 2$  °C para bacterias; 2) Actividad microbiana: por técnica de la respiración incubando herméticamente muestras de 20 g de suelo en un recipiente con 20 ml de NaOH 0,2N, por 7 días a 30 °C. Luego se tomó una alícuota de 10 ml de cada recipiente y se le agregó BaCl<sub>2</sub> hasta observar un precipitado y una gota de solución alcohólica de fenolftaleína (color rosado). Se tituló con HCl 0,2N hasta viraje de color blanco o ausencia de color. Con los datos de la titulación se calculó mg de CO<sub>2</sub> desprendidos cada 100 g de suelo por día. Se analizaron los datos con Infostat (2008), se aplicó análisis de varianza y cuando correspondía análisis de DMS.

**Resultados:** Los recuentos microbianos demostraron que la E es el sitio con menor número de ambos grupos de microorganismos. El recuento de bacterias fue estadísticamente diferente solo entre E y R, mientras que todos los tratamientos no se diferenciaron entre sí y fueron similares a R. Con respecto a los hongos y levaduras, su recuento fue mayor y estadísticamente igual en R, T y S. El C y la E presentaron menores recuentos de este grupo de microorganismos. La actividad microbiana en (R) fue moderadamente baja: entre 10-15 mg de CO<sub>2</sub> cada 100 g de suelo por día. Aún así, fue el suelo con mayor actividad respiratoria comparando con la E y los tratamientos de restauración (T, S y C) donde se registró una condición de respiración muy baja (entre 0 y 3 mg de CO<sub>2</sub> cada 100 g de suelo por día).

**Conclusiones:** La incorporación de suelo superficial sano en las camas de siembra (T), la germinación y el establecimiento de plantas nativas (S), como estrategias de rehabilitación ecológica, son medidas efectivas de restauración. Estas estrategias demostraron el aumento en los recuentos y la actividad de los microorganismos de esos suelos, condición necesaria para que los tratamientos de restauración mencionados sean efectivos en zonas degradadas.

### MI 109

#### Q133 - RELEVAMIENTO EN HUERTAS DE MAR DEL PLATA DE CEPAS DE *ESCHERICHIA COLI* CON RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS

PELLEGRINI, María Celeste<sup>1</sup> | GONZÁLEZ PASAYO, Ramón Alejandro<sup>2</sup> | PONCE, Alejandra<sup>1</sup>

UNIVERSIDAD NACIONAL DE MAR DEL PLATA, FACULTAD DE INGENIERÍA, INCITAA<sup>1</sup>; INTA BALCARCE, DEPARTAMENTO DE PRODUCCIÓN ANIMAL, GRUPO DE SANIDAD ANIMAL<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** La contaminación microbiana de vegetales y hortalizas frescas, agua de riego y suelo de cultivo, son consideradas las principales fuentes que ocasionan la pérdida de la inocuidad de alimentos. El uso excesivo y/o inadecuado de los antimicrobianos en salud humana, sanidad animal y producción agroalimentaria han acelerado notablemente el desarrollo natural de la resistencia bacteriana a los antimicrobianos. El objetivo del presente trabajo fue realizar el primer relevamiento de cepas de *Escherichia coli* resistentes a antibióticos en huertas del cinturón Frutihortícola de Mar del Plata.

**Materiales y Métodos:** Se seleccionaron 8 huertas al azar; y se tomaron muestras de diferentes vegetales, abono orgánico y suelo de cultivo. También se tomaron muestras de agua de riego que fueron posteriormente filtradas con membrana. Las muestras se sembraron en placas con agar McConkey, EMB y Chromobrit. En todos los casos, la confirmación de *E. coli* se determinó a partir de la amplificación por PCR de la subunidad ribosómica 16s y el gen *uidA* de la glucuronidasa. Posteriormente se estudió la susceptibilidad de las cepas frente a los antibióticos Amoxicilina-Acido clavulánico (20/10 µg), Ampicilina (10 µg), TMS (25 µg), Tetraciclina (30 µg), Acido nalidíxico (30 µg), Imipinem (10 µg) y Meropenem (10 µg) por la técnica de difusión en agar, según EUCAST 2019

**Resultados:** En el 75 % de las muestras vegetales analizadas, hubo presencia de *E. coli*. Se aislaron en total 21 cepas procedentes de: lechuga manteca<sup>1</sup>, acelga<sup>2</sup>, espinaca<sup>2</sup>, lechuga morada<sup>4</sup>, lechuga arropollada<sup>1</sup>, hinojo<sup>1</sup>, rúcula<sup>1</sup>, repollo<sup>1</sup>, remolacha<sup>1</sup>, lechuga criolla<sup>1</sup>, suelo de cultivo<sup>4</sup>, cama de pollo<sup>1</sup> y agua de riego<sup>1</sup>. El 67 % de las cepas de *E. coli* mostraron resistencia al menos a un antibiótico. Las cepas de *E. coli* aisladas de lechuga arropollada, hinojo, acelga y lechuga morada, presentaron resistencia a Amoxicilina y Ampicilina y *E. coli* aislada de acelga presentó resistencia a Amoxicilina y Acido nalidíxico. Por otro lado, los aislamientos de cama de pollo, agua de riego, lechuga morada, lechuga criolla y espinaca presentaron resistencia a Ampicilina y las cepas de *E. coli* obtenidas de acelga, espinaca, rúcula y repollo fueron resistentes a Amoxicilina al igual que la muestra de suelo de repollo que presentó además resistencia intermedia a la Ampicilina.