

## AISLAMIENTO DE BACTERIAS PATÓGENAS DE POLEN COMERCIAL

Tejerina, Marcos R.<sup>1,2</sup>; Puca-Real, Carla<sup>1</sup>; Ramos, Andrea<sup>1</sup>; Benitez-Ahrendts, Marcelo R.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Microbiología Agrícola, Sanidad apícola y Meliponícola, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu.

<sup>2</sup>Instituto de Ecorregiones Andinas - INEcoa (CONICET – UNJu).

E-mail: tejerina.marcos@yahoo.com

En los últimos años el consumo de polen apícola se ha incrementado en la Argentina, pero una deficiencia en el procesamiento para su comercialización puede generar serios daños a la salud de la población. *Bacillus cereus*, *Corynebacterium* spp, *Lactobacillus*, *Pseudomonas*, *Bifidobacterium*, *Streptococcus* y *Clostridium*, forman parte de la microbiota normal de las abejas *Apis mellifera* y que pueden ser transmitidas en el polen colectado. El polen para su comercialización requiere un procesamiento desde su cosecha, secado y envasado, que permite eliminar la mayor parte de patógenos. Una deficiencia en el procesamiento puede generar la transmisión de bacterias patógenas de humanos como *Bacillus cereus* que causa efectos gastrointestinales mientras que *Corynebacterium* spp., causa infecciones urinaria, respiratorias, de piel entre otras. El objetivo de este estudio fue aislar, identificar bacterias patógenas de humanos y analizar su relación filogenética. Para el aislamiento se pesó 1g de polen comercial de las provincias de Entre Ríos y Santiago del Estero, y posteriormente fue triturado en un mortero estéril, sembrado en medio agar-MYPGP y cultivado por 24hs a 37°C. Para la identificación se utilizó el marcador molecular 16S, todas las secuencias fueron analizadas usando MEGA6 y BioEdit. Las secuencias genéticas fueron comparadas con Blastn a partir de secuencias de la base de datos NCBI antes de la construcción del árbol. El análisis filogenético fue realizado usando el programa TNT y MEGA6. Se identificaron *Bacillus cereus* y *Corynebacterium sanguinis* de las muestras analizadas cuyas secuencias arrojaron 700pb y 879pb, las secuencias fueron depositadas en base de datos de GenBank bajo los siguientes números de acceso MT032498 y MT032496. El análisis filogenético fue soportado con valores de bootstrap y de Jack-knife del 100% con otras secuencias de dicha base. Este trabajo trae una aproximación preliminar al aislamiento e identificación de bacterias patógenas en polen comercial.

Palabras clave: *Bacillus cereus*, *Corynebacterium* spp, polen comercial, filogenia