

# **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)

respecto a la comparación del efecto tóxico entre 2, 4-D y MCPA se observó que tanto los recuentos totales como los recuentos por género en presencia de MCPA fueron mayores a aquellos obtenidos en presencia de 2, 4-D.

**Conclusiones:** Se concluye así, que a partir de las muestras de suelo analizadas se observó que en ellas existe una amplia variabilidad fúngica capaz de crecer y tolerar altas concentraciones de los herbicidas en estudio.

### VI 112

#### 0796 - ROL DE LA HEMOGLOBINA TRUNCADA DE *AZOSPIRILLUM BRASILENSE* SP245 EN LA RESPUESTA ADAPTATIVA FRENTE A ESTRÉS SALINO E HIPOXIA

AMENTA, Melina<sup>1</sup> | MARONICHE, Guillermo<sup>2</sup> | CREUS, Cecilia<sup>1</sup>

FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS, UNMDP (UNIDAD INTEGRADA BALCARCE, FCA- EEA BALCARCE, INTA)<sup>1</sup>; FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS-CONICET, UNIVERSIDAD NACIONAL DE MAR DEL PLATA<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** *Azospirillum brasilense* es una rizobacteria de vida libre capaz de fijar N y de promover el crecimiento de una amplia variedad de especies vegetales. Las hemoglobinas truncadas (trHb) son pequeñas proteínas que han sido implicadas en el sensado, almacenamiento y/o transferencia de O<sub>2</sub> y en la protección frente a estrés oxidativo y nitrosativo. Previamente hemos identificado en el genoma de *A. brasilense* Sp245 un gen que codifica para una potencial hemoglobina truncada (ATH) cuya expresión es dependiente de la fuente de N y se induce a bajas tensiones de O<sub>2</sub> y en condiciones de estrés salino. El objetivo de este trabajo fue investigar la participación de ATH en metabolismo del N de *A. brasilense* Sp245 y en la respuesta adaptativa de la bacteria frente a estrés salino e hipoxia.

**Materiales y Métodos:** En primera instancia, se construyeron (i) una mutante isogénica nula del gen globina obtenida por reemplazo génico ( $\Delta$ ATH) y (ii) una sobreexpresante con una copia extra del gen bajo un promotor constitutivo, integrada en el cromosoma mediante el uso de un transposón tn7 (tn7ATH); y posteriormente, se caracterizaron sus respectivos perfiles de crecimiento en medios NFb líquido, sólido y semisólido, suplementado o no con diferentes fuentes de N (amonio, nitrato o glutamato) y en presencia o ausencia de NaCl.

**Resultados:** Las bacterias no presentaron crecimiento diferencial en condiciones donde la fijación biológica del N se encuentra activa (medios líquidos con glutamato o semisólido sin N), indicando que ATH no participa del proceso. Tampoco se observaron diferencias en medio líquido suplementado con amonio o nitrato; sin embargo, en medio semisólido, la mutante presentó una tendencia a posicionarse en lugares donde la presión parcial de O<sub>2</sub> es mayor. En presencia de NaCl, la sobreexpresante fue significativamente más tolerante a sal que la cepa salvaje en medios con amonio, pero no en medios con nitrato.

**Conclusiones:** Tomados en conjunto, los resultados sugieren que la ATH es parte, no esencial, de los mecanismos de supervivencia de *A. brasilense* frente a estrés salino e hipoxia.

### VI 113

#### 0812 - POTENCIAL ROL DE ADSORBENTES BIOMINERALES EN LOS PROCESOS DE CAPTACIÓN DE GLIFOSATO EN SUELOS

MONGE, María Del Pilar<sup>1</sup> | CARRAZA, Cecilia<sup>2</sup> | BARBERIS, Carla<sup>2</sup> | RODRIGUEZ, Marina Celeste<sup>1</sup> | MAGNOLI, Alejandra<sup>2</sup> | MAGNOLI, Carina<sup>2</sup> | CHIACCHIERA, Stella<sup>1</sup>

DEPARTAMENTO DE QUÍMICA. UNIVERSIDAD NACIONAL DE RÍO CUARTO.<sup>1</sup>; DTO. DE MICROBIOLOGÍA, FAC. CS. EXACTAS, FCO-QCAS Y NAT, UNIVERSIDAD NACIONAL DE RÍO CUARTO (UNRC)<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** El glifosato (PMG) es un herbicida de amplio espectro, no selectivo, muy utilizado para eliminar malezas indeseables en ambientes agrícolas (principalmente en cultivos de soja, maíz, girasol y trigo) y ambientes no agrícolas. Los fenómenos de adsorción y degradación cumplen un rol muy importante en la naturaleza para reducir el contenido de xenobióticos en el ambiente. El crecimiento de hongos sobre las arcillas del suelo, puede afectar las capacidades adsorptivas de estos minerales, y a su vez, la presencia de éstos últimos puede afectar la morfología fúngica y la actividad fisiológica de los microorganismos. Resulta de interés dilucidar los procesos predominantes que ocurren sobre adsorbentes biominerales como modelos simplificados de los procesos naturales y como bioadsorbentes potencialmente utilizables para procesos de remediación y/o prevención. El objetivo de este trabajo fue producir pellet de *Aspergillus oryzae* sobre bentonitas y evaluar su capacidad de adsorción de glifosato en suelos con actividad agrícola.

## XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

**Materiales y Métodos:** Para ello, se utilizó una bentonita proveniente de Mendoza y una cepa de *A. oryzae* aislada de suelos agrícolas, previamente caracterizada. El adsorbente biomineral se obtuvo mediante el crecimiento de la cepa de interés en presencia de bentonita. Las cepas de *A. oryzae* fueron inoculadas en MEA durante 14 días, para realizar las suspensiones con una concentración de esporas definida. Las mismas se desarrollaron en medio de cultivo líquido a 25°C a 160 rpm. La bentonita se añadió a dicho medio también respetando concentraciones definidas. Durante la fase estacionaria de los hongos, el biomineral se separó por filtración, se lavaron con agua y luego fueron liofilizadas. Se realizaron las isotermas de adsorción de PMG sobre bentonita y el pellet. Se realizaron las correspondientes soluciones de trabajo cubriendo un rango apropiado de concentraciones del adsorbente. Cada una de las diluciones se preparó en agua a pH 6 con el agregado de una alícuota de cloruro de sodio como control de la fuerza iónica. Dos réplicas de cada solución se pusieron en contacto con una suspensión de bentonita y pellet estabilizada al pH de medida en tubos tapados y se dejaron 24h con agitación orbital a temperatura ambiente. Al cabo del periodo de incubación las distintas soluciones se centrifugaron. En el sobrenadante se analizó la concentración del adsorbato (PMG) remanente mediante HPLC con detección UV-visible previa derivatización de las muestras. En cada ensayo se incluyeron controles de adsorbente.

**Resultados:** La cantidad adsorbida se calculó midiendo la depleción del adsorbato en la solución después de la adsorción. Se observan isotermas tipo Langmuir (L) con un punto de inflexión que indicaría la presencia de más de un sitio de absorción sobre el adsorbente, el biomineral presenta mayor afinidad por PMG que la bentonita.

**Conclusiones:** Los resultados demuestran que los biominerales pueden modificar sensiblemente la capacidad de la bentonita presente en los suelos para retener el PMG emitido al medio ambiente.

### VI 114

#### 0206 - EXPRESIÓN DE GENES DE ENZIMAS HIDROLÍTICAS DEL BIOCONTROLADOR *TRICHODERMA HARZIANUM* ITEM 3636 EN LA INTERACCIÓN CON *FUSARIUM SOLANI* MR 313.

ERAZO, Jessica Gabriela<sup>1</sup> | VENISSE, Jean Stephane<sup>2</sup> | PALACIOS, Sofia<sup>1</sup> | PASTOR, Nicolas<sup>1</sup> | GIORDANO, Francisco<sup>1</sup> | TORRES, Adriana<sup>1</sup> | ROVERA, Marisa<sup>1</sup> | REYNOSO, Maria<sup>1</sup>

IMICO-CONICET<sup>1</sup>; PIAF-UMR547 UNIVERSITE CLERMONT AUVERGNE<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** La podredumbre parda de la raíz del maní (PPRM) es una enfermedad causada por *Fusarium solani* que se ha presentado en distintas regiones productoras de la provincia de Córdoba (Argentina). Hemos demostrado en trabajos anteriores que *T. harzianum* ITEM 3636 es capaz de controlar la PPRM tanto en invernadero como a campo. Se conoce que los miembros del género *Trichoderma* utilizan varios mecanismos que permiten controlar a los fitopatógenos, como por ejemplo el micoparasitismo. Durante este proceso *Trichoderma* secreta un conjunto de enzimas hidrolíticas que le permiten degradar la pared celular del agente patógeno, principalmente proteasas, glucanasas, N-acetilglucosaminidasas (NAGasas) y quitinasas. Para conocer si este mecanismo participa en el antagonismo de *T. harzianum* ITEM 3636 frente a *F. solani* MR 313 nuestro objetivo fue medir los niveles de expresión relativa de genes que codifican para proteasas (prb1), glucanasas (b13glu), quitinasas (chit42 y chit33) y NAGasas (exc1 y exc2) de *T. harzianum* ITEM 3636 y las correspondientes actividades enzimáticas.

**Materiales y Métodos:** Para ello, a partir de cultivos de la cepa ITEM 3636 crecidos en medio mínimo líquido adicionados con pared celular de *F. solani* (tratado) y medio mínimo adicionado con glucosa (control) se midieron las actividades enzimáticas quitinasa,  $\beta$ ,1-3 glucanasa y NAGasa. Además, se extrajo el RNA de todas las muestras para el análisis de expresión de los genes correspondientes mediante RT-qPCR. Las mediciones se realizaron cada 24h durante 5 días.

**Resultados:** Los genes con mayor nivel de expresión fueron prb1 y chit33. La mayor expresión de chit33 se detectó a 48h de incubación, mientras que, el mayor valor de actividad quitinasa se detectó a las 120h (0,0318 U. ml<sup>-1</sup>), sugiriendo una posible regulación postranscripcional para este gen. Además, se encontró que los niveles de expresión del gen prb1 fueron elevados en las primeras 24 h revelando un importante rol como desestabilizante de la matriz proteica de *F. solani* durante la primera etapa de la interacción. No se encontró correlación entre la expresión de los genes exc1 y exc2 con la fuerte actividad NAGasa detectada (0,14028 U.ml<sup>-1</sup>). Los altos niveles de NAGasa corresponderían a una síntesis y almacenamiento previo de NAGasa dentro del periplasma de la cepa ITEM3636 sumado a la síntesis enzimática producida por la expresión de ambos genes cuando fueron inducidos por pared celular de *F. solani*. Respecto al gen b13glu, se observó correlación entre los niveles de transcriptos detectados y la actividad glucanasa ya que a las 72h se pudo observar la mayor sobreexpresión del gen, coincidiendo con la mayor actividad glucanasa del ensayo (0,05509 U.ml<sup>-1</sup>).

**Conclusiones:** En conclusión, se podría decir que las principales enzimas que *T. harzianum* ITEM 3636 excreta al medio extracelular cuando interactúa con *F. solani* MR313 son, inicialmente, NAGasas,  $\beta$ ,1-3 glucanasas y quitinasas, las que generarían un potencial hidrolítico que le permite al biocontrolador reducir la viabilidad del fitopatógeno.