

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)

Resultados: El dendrograma concatenado se llevó a cabo mediante el programa MEGA 6.0 a partir de secuencias de ITS; BenA y RPB-2 utilizando el método de NEIGHBOR JOINING (NJ) con un bootstrap de 1000 repeticiones. Se corroboró la pertenencia al género *Penicillium* de los aislamientos LBM081 al observar a nivel macro y microscópico la presencia de conidios, metúlas y fiálides. Las estructuras observadas micro y macroscópicas fueron las estructuras típicas del género *Penicillium*. Del análisis bioinformático de las secuencias obtenidas y la construcción de un árbol concatenado se obtuvo que el aislamiento LBM 081 se agrupó en un clado con *P. rubens* con un 96% de identidad.

Conclusiones: Los resultados indican que el aislamiento LBM 081 se corresponde con *P. rubens*.

VI 245

0742 - ESTUDIOS PROTEÓMICOS DEPENDIENTES DE GEL EN LEVADURAS RESISTENTES A CR(VI)

CASTRO, María Fernanda¹ | BONILLA, José Oscar¹ | LEHMANN, Karola² | NEUMANN, Boris³ | VILLEGAS, Liliana Beatriz¹

INSTITUTO DE QUÍMICA DE SAN LUIS (INQUISAL), CONICET. FQBYF, UNSL.¹; PROTEOME FACTORY AG²; PROTEOME FACTORY AG³

Introducción y Objetivos: *Wicherhamomyces anomalus* y *Candida glabrata*, aisladas a partir de sedimentos de Río San Luis, Argentina, mostraron capacidad de remover concentraciones entre 25 y 100 mg L⁻¹ de Cr(VI) en medio líquido. En presencia de 50 mg L⁻¹ de Cr(VI) *W. anomalus* removió un 80% del metal mientras que *C. glabrata* solo removió un 50% del mismo. El objetivo del presente trabajo fue estudiar el efecto de 50 mg L⁻¹ Cr(VI) en la expresión de proteínas celulares de ambas cepas, mediante técnicas proteómicas dependientes de gel.

Materiales y Métodos: *W. anomalus* y *C. glabrata* se cultivaron en medio EG (g L⁻¹: glucosa 10; extracto de levadura 1; K₂HPO₄ y KH₂PO₄ 0,125; MgSO₄0,1), con y sin la adición de 50 mg L⁻¹ de Cr(VI), durante 72 h y 200 rpm. La biomasa se obtuvo por centrifugación de 50 mL de cultivo a 4000 xg durante 20min a 4°C. Las biomásas se lavaron dos veces con PBS (mM: NaCl 124; NaH₂PO₄ 10; KH₂PO₄ 3) y se conservaron a -20°C. La ruptura mecánica de las células se realizó en mortero, con N₂ líquido. El polvo obtenido se recuperó con 5mL de Buffer Tris-Sacarosa y se centrifugó a 8.500 xg durante 20min a 4°C para eliminar los restos celulares. La concentración de proteínas se determinó con el método de Bradford, se liofilizaron y luego se reconstituyeron en 1 mL de Tritón X100 0,05% en PBS, 1 h a 4°C sin agitación. Las proteínas se resolvieron por SDS-PAGE en geles de poliacrilamida al 15%, a 80V durante 20 min y 120V por 2 h. El gel obtenido se tiñó con Coomassie R-250. Para la identificación de las proteínas, los carriles de cada una de las muestras fueron cortados en 7 segmentos y digeridos con Tripsina (Promega). Los péptidos resultantes se analizaron a través de nanoLC-ESI-MS/MS y para la identificación se utilizaron bases de datos de NCBIInr y Bioinformatics Solutions Inc. (ON, Canadá).

Resultados: En presencia de Cr(VI) se identificaron 54 proteínas sobre-expresadas en *C. glabrata* y 179 en *W. anomalus*. Ambas cepas sobre-expresaron proteínas asociadas a: la síntesis de biomoléculas, metabolismo glicolítico, quinasas/fosfatasa que podrían ser claves en la activación o desactivación de vías de señalización intracelulares y proteínas involucradas en procesos de óxido-reducción. Por otro lado, en *W. anomalus* se identificaron además proteínas involucradas en la respuesta al estrés oxidativo, metabolismo de ácidos nucleicos y proteínas de degradación que no se encontraron expresadas en *C. glabrata*.

Conclusiones: En ambas cepas, la presencia de Cr(VI) afectó la expresión de proteínas celulares de manera diferente, lo que podría corresponderse con diferencias en los mecanismos implicados en la respuesta frente a la presencia de este tóxico. Estos resultados indican que *W. anomalus* expresa un mayor número de proteínas en presencia de Cr(VI), especialmente aquellas que les permite afrontar una situación de estrés, esto condice con la mayor capacidad de reducción del metal por *W. anomalus*.

VI 246

0746 - ¿DE DÓNDE OBTIENEN DIACILGLICEROL LAS MICOBACTERIAS? ESTUDIOS DE ENZIMAS CLAVES EN LA SÍNTESIS DE TRIACILGLICÉRIDOS

CROTTA ASIS, Agustina¹ | JACKSON, Mary² | GRAMAJO, Hugo¹ | GAGO, Gabriela¹

INSTITUTO DE BIOLOGÍA MOLECULAR Y CELULAR DE ROSARIO (IBR-CONICET, FBIOYF, UNR)¹; COLORADO STATE UNIVERSITY²

Introducción y Objetivos: *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) es el agente causal de la enfermedad respiratoria denominada tuberculosis (TB). En el año 2017 esta bacteria fue responsable de más de 10 millones de casos nuevos de TB y 1.6 millones de muertes, posicionándose como la principal causa de muerte a nivel