

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)

PCR-DGGE. Se aislaron microorganismos de los consorcios, se les extrajo de ADN y se secuenció el gen 16S rRNA. Con todas las muestras de ADN obtenidas se realizó PCR utilizando cebadores que amplifican genes funcionales de diferentes géneros bacterianos.

Resultados: Se lograron obtener dos consorcios degradadores de octadecano (P200, P400) y dos de fenantreno (P20F, P40F) que lograron eliminar alrededor de 50% y 99% de fenantreno y octadecano respectivamente. Diferencias observadas en la diversidad de colonias y en los perfiles de bandas de PCR-DGGE mostraron consorcios estructuralmente diferentes, obteniendo en el consorcio P200 el perfil más diverso, y en P20F el mayor número de microorganismos aislados (15). A partir de P20F se lograron aislar los microorganismos *SPHINGOMONAS* sp., *PSEUDOMONAS* sp. y *ALCALIGENES* sp. Mediante PCR se lograron detectar la presencia de los genes alcano-1-monooxigenasa, 2,3 catecol dioxigenasa, 1,2 naftaleno dioxigenasa en el ADN de los consorcios y en algunos de los cultivos aislados.

Conclusiones: Conclusión: Las estructuras microbianas diferentes obtenidas en los cuatro consorcios, el aislamiento de microorganismos potencialmente degradadores y la detección de genes funcionales muestran que los cultivos de enriquecimiento obtenidos a partir del sedimento de interés podrían ser útiles para la selección de marcadores funcionales aplicables durante un proceso de RNM.

JU 115

0465 - ESTUDIO PROTEOMICO DE *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* ATCC 32051 EXPUESTA A METALES PESADOS

DELLA VEDOVA, Maria Cecilia¹ | BONILLA, José Oscar¹ | CALLEGARI, Eduardo Alberto² | PAEZ, Maria Daniela³ | VILLEGAS, Liliana Beatriz¹ | GIL, Raul Andres¹

INSTITUTO DE QUÍMICA DE SAN LUIS (INQUISAL), CONICET. FQBYF, UNSL.¹; 2DIVISION OF BASIC BIOMEDICAL SCIENCES, SANFORD SCHOOL OF MEDICINE, UNIVERSITY OF SOUTH DAKOTA, VERM²; DIVISION OF BASIC BIOMEDICAL SCIENCES, SANFORD SCHOOL OF MEDICINE, UNIVERSITY OF SOUTH DAKOTA, VERM³

Introducción y Objetivos: Los metales pesados afectan profundamente los sistemas biológicos ya sea porque son esenciales o porque son tóxicos cuando están presentes en cantidades excesivas. Empleando una multiplicidad de mecanismos de homeostasis los microorganismos desempeñan un importante papel en la captación de metales tóxicos del medio ambiente. Estos mecanismos son componentes naturales de los ciclos biogeoquímicos y de potencial importancia tanto en procesos de biorremediación *in situ* como *ex situ*. El objetivo del presente estudio fue evaluar la expresión diferencial de proteínas intracelulares de *Saccharomyces cerevisiae* ATCC 32051 expuesta a Cr(VI) y Cu(II).

Materiales y Métodos: Se trabajó con una cepa de colección *S. cerevisiae* ATCC 32051 la cual se cultivó en medio EG (g/L: Glucosa 10; K₂HPO₄ 0,25; KH₂PO₄ 0,125; MgSO₄ 0,1; extracto de Levadura 1) suplementado con 30 ppm de Cr(VI) o Cu(II), concentraciones correspondiente al 50% de la CIM obtenida para cada uno de los metales en estudio. Para extraer las proteínas intracelulares se trabajó con la fracción celular de *S. cerevisiae* obtenida por centrifugación de un medio de cultivo líquido en presencia y ausencia (Co) de cada metal después de 48h (Cu(II)) y 72h (Cr(VI)) de incubación, correspondientes a la fase exponencial de crecimiento. Las proteínas citosólicas se obtuvieron por ruptura celular con N₂ líquido y separación de los restos celulares por centrifugación. Se determinó la concentración de proteínas por método de Bradford y se liofilizó un volumen correspondiente a 300µg de las mismas. Las muestras se analizaron mediante "shotgun proteomics" utilizando nanoUHPLC-ESI-MS/MS. El análisis bioinformático se realizó utilizando la base de datos de Swiss-Prot específica para *S. cerevisiae* y MASCOT v2.5.1. El análisis comparativo de expresión proteica de las muestras se realizó por medio de ProteoIQ v2.8.

Resultados: Se logró identificar un total 871 proteínas, de las cuales 74 proteínas eran solo expresadas por las células control (Co); 23 proteínas se encontraron en presencia de Cr(VI) y 95 proteínas cuando la levadura creció en presencia de Cu(II). Las 382 proteínas restantes eran compartidas por *S. cerevisiae* en las tres condiciones de cultivo. A partir de los resultados de proteoIQ se observó que tanto en presencia de Cu(II) como Cr(VI) se sobre-expresaron proteínas ribosomales, pero solo en presencia de Cu(II) aumentó la expresión de proteínas con actividad oxidoreductasa, entre las que se pueden destacar proteínas de choque térmico, Superóxido dismutasa y Glutatión Reductasa.

Conclusiones: Los resultados demuestran que las células expuestas a Cu(II) obtuvieron la ventaja de soportar condiciones desfavorables, mientras que en las células expuestas a Cr(VI) se observó una disminución de la expresión de proteínas importantes para la reparación y el funcionamiento celular. Esta respuesta observada se condice con la disminución de la viabilidad y resistencia a los metales obtenidos en trabajos previos.

JU 116

0549 - INVESTIGACIÓN DE BACTERIAS DEL GRUPO ENTEROBACTERIACEAE FORMADORAS DE BIOFILMS (CON *ESCHERICHIA COLI* COMO INDICADOR DE