

# **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)

recomienda su administración no antes de la 4<sup>o</sup> semana de vida. Debido al uso inadecuado de esta vacuna como vacunación antes de lo indicado o administración en aves enfermas, en algunas ocasiones se generan dudas sobre el origen de la infección cuando se detectan aves vacunadas con signología de TA. A nivel genético se ha detectado que el gen *rfaJ*, que codifica la síntesis de lipopolisacáridos, tiene una mutación (TCA a TAA) en la cepa vacunal. Esta característica permite la diferenciación de las cepas salvajes de las vacunales a partir de la restricción diferencial de los productos de PCR. Por otra parte, el análisis de alta resolución de curvas de disociación (High Resolution Melting; HRM) de ADN es un método basado en PCR en tiempo real que permite detectar mutaciones puntuales al identificar cambios de nucleótidos que modifican la temperatura de hibridación ( $T_m$ ) de hasta 0,1°C. El objetivo del trabajo fue desarrollar una HRM-PCR para diferenciar entre las cepas de *Salmonella Gallinarum* vacunales (9R) y las salvajes mediante HRM-PCR.

**Materiales y Métodos:** Se analizaron por duplicado 20 cepas, 5 vacunales de *S. Gallinarum* 9R y 15 salvajes. Se amplificó por PCR en tiempo real el gen *rfaJ* utilizando el kit MeltDoctor™ HRM Master Mix (Thermo Fisher Scientific) en un termociclador StepOnePlus (Thermo Fisher Scientific). Posteriormente se realizó el análisis de las curvas de disociación utilizando el software Applied Biosystems HRM.

**Resultados:** Se detectaron dos variantes que se diferenciaron por sus respectivos  $T_m$  (74 y 73°C) asociados con la mutación puntual C-A en el gen *rfaJ* en las cepas salvajes y vacunales respectivamente. Estos resultados son concordantes con los de un estudio previo realizado por los autores del trabajo en el que la diferenciación se realizó mediante PCR restricción.

**Conclusiones:** Se logró la diferenciación entre las cepas de *Salmonella* vacunales 9R y las salvajes mediante un método más rápido y preciso, que podría utilizarse tanto para el control de calidad de las vacunas como para determinar si la TA fue causada por una cepa salvaje o por la vacuna administrada en el caso que exista alguna duda sobre el origen del brote.

### JU 130

#### **0563 - INFLUENCIA DEL LOCUS DE ADHERENCIA Y AUTOAGREGACIÓN (LAA) DE CEPAS *ESCHERICHIA COLI* PRODUCTOR DE TOXINA SHIGA EN LA ADHERENCIA A CÉLULAS HEP-2**

**VELEZ, María Victoria**<sup>1</sup> | COLELLO, Rocio<sup>1</sup> | NIETO FARÍAS, María Victoria<sup>1</sup> | ETCHEVERRIA, Analia<sup>1</sup> | VIDAL, Roberto<sup>2</sup> | PADOLA, Nora Lia<sup>1</sup>

**CIVETAN-CONICET, FCV-UNCPBA, CICPBA**<sup>1</sup>; **PROGRAMA DE MICROBIOLOGÍA Y MICOLOGÍA, INSTITUTO DE CIENCIAS BIOMÉDICAS, FACULTAD DE MEDICINA, UC**<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** *Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es considerado un patógeno emergente transmitido por alimentos asociado a colitis hemorrágica (CH) y Síndrome Urémico Hemolítico (SUH). Dentro de STEC existe un grupo que coloniza y lesiona la mucosa intestinal debido a una isla de patogenicidad llamada Locus de borrado del enterocito (LEE). A partir de la presencia o ausencia de este locus se podría realizar una clasificación de STEC en LEE-positivas o LEE-negativas. Las cepas LEE-negativas no poseen los genes necesarios para producir lesión. Sin el locus LEE, las cepas deben adherirse al epitelio intestinal por otros mecanismos. Se ha determinado la existencia de una isla de patogenicidad denominada LAA que en ausencia de LEE, codifica genes que participan en la adhesión y autoagregación. Su marcador es el gen *hes*, que se encuentra en uno de los cuatro módulos que la componen y participaría en los mecanismos de patogenicidad. El objetivo de este trabajo fue estudiar la adherencia de cepas STEC LAA-positivas a la línea celular HEP-2.

**Materiales y Métodos:** Se trabajó con un total de 16 cepas STEC O91 de las cuales 14 fueron autóctonas LAA-positivas y dos mutantes, una O91 con la delección de LAA y una HB101 con la inserción de un plásmido recombinante con el gen *hes* (HB101pvbhes). Cada cepa se incubó en caldo Luria Bertani (LB) (18 h, 37°C). Se trabajó con la línea celular HEP-2. Las células se cultivaron en placas de 24 pocillos. Posteriormente, se sembraron por duplicado 100 µl de una suspensión de cada cepa y se incubaron durante 3 h a 37°C en una atmósfera de 5% CO<sub>2</sub>. Para recuperar las células con las bacterias adheridas se agregó a cada pocillo 200 µl de Tripsina-EDTA y se incubó 10 minutos a 37°C. Se lavó 2 veces con 400 µl de PBS estéril y se recuperó todo el volumen del lavado que se sembró en placas de Agar Mc Conkey. Se realizó el recuento de UFC que indica el número de bacterias adheridas a las células HEP-2.

**Resultados:** Las cepas O91 LAA-positivas mostraron mayor número de bacterias adheridas a la línea celular, aunque con variaciones en el número entre cada aislamiento, que la mutante carente de LAA, y la cepa HB101pvbhes.

**Conclusiones:** Las diferencias individuales pueden deberse a la presencia de múltiples adhesinas, codificadas fuera de LAA. Estos resultados permitirían confirmar la función de adherencia de esta novel isla de patogenicidad LAA, de importancia en cepas carentes de LEE.