

XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

filamentosos aislados de la Catedral de La Plata (CP) (34°55´S, 57°57´O) y la estación experimental del Centro de Investigación y Desarrollo en Tecnología de Pinturas (CIDEPINT) (34°50´S, 57°53´O), Buenos Aires, Argentina.

Materiales y Métodos: Los materiales estructurales analizados fueron ladrillo y concreto. El aislamiento fúngico se realizó mediante técnica de hisopado en zonas donde se observó mayor biodeterioro durante el otoño del año 2017. La identificación taxonómica de las cepas aisladas se realizó a partir de características morfológicas y culturales de la colonia. Se determinó la frecuencia relativa de aparición de cada género (FR). La potencialidad biodeteriorante de las cepas se caracterizó mediante secreción de ácidos en medio sólido suplementado con CaCO₃ al 1%, liberación de pigmentos y velocidad de crecimiento en medio sólido.

Resultados: En la CP se aislaron 54 cepas identificadas a nivel específico cuando fue posible. *Cladosporium*, *Aspergillus* y *Penicillium* fueron los géneros con mayor FR. *Penicillium* sp. 1, *Penicillium* sp. 2, *Penicillium* sp. 3, *Penicillium* sp. 4 y *Aspergillus niger* fueron las cepas que mostraron un resultado positivo en el ensayo de secreción de ácidos, por lo tanto, en una siguiente etapa se determinó el pH en medio mínimo mineral líquido. En tal sentido, *Penicillium* sp. 2 y *Aspergillus niger* presentaron mayores valores de pH. Por su parte, *Epicoccum nigrum* y la cepa LN3122 presentaron liberación de pigmentos y mayor velocidad de crecimiento. En el CIDEPINT fueron aisladas 15 cepas; las estirpes 3L0503 y 3C32004 presentaron mayor FR. Ningún aislado degradó el CaCO₃ y la cepa 3C30505 presentó liberación de pigmentos y mayor velocidad de crecimiento.

Conclusiones: Este trabajo muestra parte de la microbiota presente en la CP y en el CIDEPINT, así como sus potencialidades biodeteriorantes. En una próxima etapa se realizarán estudios enfocados en la conservación preventiva.

MI 114

0185 - COMUNIDAD BACTERIANA EN ESPONJAS MARINAS DE LA PATAGONIA ARGENTINA

SANDOVAL, Natalia Elisa¹ | SCHEJTER, Laura² | ALVAREZ, Héctor Manuel¹ | LANFRANCONI, Mariana Patricia¹

INSTITUTO DE BIOCENCIAS DE LA PATAGONIA (INBIOP), UNPSJB, CONICET.¹; LABORATORIO DE BENTOS-INIDEP, CONICET.²

Introducción y Objetivos: Las esponjas marinas son organismos filtradores sésiles, que se encuentran ampliamente distribuidas en el mundo. En ellas, existe una gran variedad de microorganismos asociados que establecen una relación simbiótica con las mismas y representan una excelente fuente de metabolitos bioactivos. El objetivo del presente trabajo fue estudiar la diversidad bacteriana asociada a dos esponjas marinas en la costa patagónica.

Materiales y Métodos: Las esponjas fueron identificadas mediante la observación directa de cada ejemplar junto con el análisis microscópico de las espículas. Para llevar adelante el objetivo planteado se utilizaron metodologías dependientes e independientes de cultivo. Para cultivar las bacterias asociadas a las esponjas marinas, se utilizaron medios que contenían agua de mar y diferentes fuentes de carbono. Posteriormente, los aislados obtenidos fueron identificados por secuenciación del 16S rADN de cada uno de ellos. Las técnicas moleculares independientes de cultivo incluyeron extracción de ADN total de cada esponja, amplificación por PCR del 16S rADN, clonación, generación de dos genotecas de 16S rADN (una por esponja) y obtención de patrones de RFLPs.

Resultados: En la esponja identificada como *Siphonochalina fortis* se obtuvieron 17 cepas, la mayoría de ellas se afiliaron con *Pseudoalteromonas* sp, y en menor proporción fueron identificados aislados que presentaban alta similitud con la secuencia 16S rADN de *Agrococcus jenensis*, *Arthrobacter oxydans* y *Bacillus* sp.. Las características morfológicas del segundo ejemplar de esponja marina se adecuan a la descripción de esponjas del género Suberites. En ella, se recuperaron 23 cepas también la mayoría tuvo alta similitud con *Pseudoalteromonas* sp.. Los cuatro aislados bacterianos restantes se afiliaron al género *Vibrio* sp, *Microbacterium profundum* *Micrococcus luteus* y *Arthrobacter oxydans*. Por métodos moleculares cada esponja presentó patrones únicos, ausentes en el otro ejemplar, salvo algunas excepciones presentes en ambas genotecas. Para ambas esponjas, los RFLPs de clones superaron ampliamente en número y variabilidad a los patrones de restricción del 16S rADN de las cepas recuperadas por cultivo.

Conclusiones: El estudio comparativo entre esponjas indica que las bacterias asociadas serían espécimen-dependiente salvo algunas excepciones como *Pseudoalteromonas* sp. y *Arthrobacter oxidans* que se detectaron en ambas esponjas. Una gran proporción de los aislados pertenecen al filum Actinobacterias, que ha sido ampliamente reportado y estudiado por su capacidad de producir metabolitos de importancia médica o de interés para la industria farmacéutica, cosmética o petrolera. Como se esperaba, la diversidad obtenida por metodologías moleculares fue considerablemente mayor y diferente a la obtenida por métodos de cultivos. Sin embargo, el aislamiento de bacterias es fundamental para continuar el trabajo dirigido a estudiar las posibles aplicaciones biotecnológicas de metabolitos producidos por las cepas identificadas.