

# **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)

Fisiología Microbiana, Microbiología Molecular, Interacción Procariota- Eucariota, Biotecnología y Fermentaciones.

Viernes 27 de septiembre

15:00 – 16:30 h

Sala E

### SAMIGE - Fisiología Microbiana

#### Oral SAMIGE VI 1

#### **0607 - ROL DE TBLIPL, PUTATIVA LIPOATO LIGASA DE *TRYPANOSOMA BRUCEI*, EN LA MODIFICACION POSTRADUCCIONAL DE PROTEINAS**

SCATTOLINI, Albertina | VACCHINA, Paola | UTTARO, Antonio D. | MANSILLA, Cecilia

INSTITUTO DE BIOLOGÍA MOLECULAR Y CELULAR DE ROSARIO (IBR-CONICET, FBIOYF, UNR)

**Introducción y Objetivos:** El ácido lipoico (AL) es un compuesto ampliamente distribuido en la naturaleza, requerido para el funcionamiento de complejos multienzimáticos involucrados en el metabolismo oxidativo y de un carbono. La lipoilación de proteínas ha sido exhaustivamente caracterizada en bacterias, donde existen vías de síntesis y de utilización de AL exógeno. La bacteria modelo Gram positiva *Bacillus subtilis* requiere de cuatro proteínas para la síntesis de AL: la octanoiltransferasa LipM transfiere la porción octanoilo desde ACP a GcvH; la lipoato sintasa, LipA, inserta los átomos de azufre y luego la amidotransferasa LipL transfiere el residuo lipoilo a los restantes complejos enzimáticos. *B. subtilis* también es capaz de utilizar AL exógeno, mediante la acción conjunta de la lipoato ligasa LplJ y LipL. En proteobacterias las vías son más sencillas, con una octanoiltransferasa (LipB) y una lipoato ligasa (LplA) que tienen como sustrato a todas las apoproteínas. En contraste, la información relativa a eucariotas es aún fragmentaria. Dado que la interferencia de la vía de síntesis de AL podría ser un potencial blanco quimioterapéutico contra parásitos como *Trypanosoma cruzi* o *T. brucei*, donde los tratamientos disponibles son poco efectivos y generalmente tóxicos, nos propusimos identificar las enzimas implicadas en la lipoilación de proteínas de tripanosomátidos.

**Resultados:** Mediante análisis del genoma de *T. brucei* se identificó el locus Tb927.8.630, cuya secuencia de aminoácidos presenta homología con lipoato ligasas y amidotransferasas de bacterias y levaduras. Para caracterizar funcionalmente esta enzima (TbLipL), dicho gen se expresó bajo el control de un promotor inducible por xilosa en mutantes de *B. subtilis* deficientes en diferentes pasos de la vía de síntesis y captación de AL. No se observó complementación funcional de mutantes lipM, indicando que no posee actividad octanoiltransferasa, ni de la doble mutante lipM-lplJ, aún en presencia de AL, descartando actividad lipoato ligasa. Por el contrario, se observó la complementación funcional del crecimiento de una mutante lipL, lo que se correspondió con el restablecimiento del patrón de lipoilación proteica analizado mediante ensayos de Western Blot con anticuerpos anti-AL. La expresión de TbLipL en una mutante gcvH no restauró su crecimiento en placas de medio mínimo ni el patrón de lipoilación proteica, sugiriendo que GcvH es sustrato de la reacción de transamidación. Por último, al expresar TbLipL en una mutante lipL-gcvH se restableció parcialmente el crecimiento de esta cepa en medio mínimo suplementado con AL. Esto indica que, al igual que la amidotransferasa de *B. subtilis*, esta enzima podría usar la subunidad E2 lipoilada de la oxoglutarato deshidrogenasa como sustrato para la transferencia a las restantes subunidades E2.

**Conclusiones:** Estos resultados indican que TbLipL es una amidotransferasa, y que *T. brucei* presenta una vía de lipoilación endógena del tipo "lipoyl-relay", como la descrita en *B. subtilis* y levaduras.

#### Oral SAMIGE VI 2

#### **0658 - ACIL-COA CARBOXILASAS HOMOMÉRICAS BACTERIANAS: EFECTO EN LA PRODUCCIÓN DE METABOLITOS SECUNDARIOS DE *SACCHAROPOLYSPORA ERYTHRAEA* Y *RHODOCOCCUS JOSTII*.**

LIVIERI, Andrea Lourdes<sup>1</sup> | HERNANDEZ, Martin<sup>2</sup> | ALVAREZ, Hector<sup>2</sup> | GRAMAJO, Hugo<sup>1</sup> | RODRIGUEZ, Eduardo<sup>1</sup>

INSTITUTO DE BIOLOGÍA MOLECULAR Y CELULAR DE ROSARIO (IBR-CONICET, FBIOYF, UNR)<sup>1</sup>; INSTITUTO DE BIOCENCIAS DE LA PATAGONIA (INBIOP), UNPSJB, CONICET.<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** Las bacterias pertenecientes al orden de los *Actinomycetes* presentan diferentes características que las hacen atractivas para ser usadas en diversos procesos industriales. Algunos géneros de este grupo poseen la capacidad de generar una gran diversidad de metabolitos secundarios, de interés

## XIV Congreso Argentino de Microbiología General (XIV SAMIGE)

farmacéutico, como antibióticos, entre otros. Otras especies conocidas como oleaginosas son capaces de acumular grandes cantidades de triacilglicéridos (TAGs), de interés para la industria oleoquímica y de biocombustibles. A pesar de las diferencias estructurales de todos estos compuestos, tanto para la producción de metabolitos secundarios de tipo policetónicos como para la acumulación de ácidos grasos o TAGs, se requieren de precursores del metabolismo primario como malonil-CoA y metilmalonil-CoA, productos de la carboxilación de acetil-CoA y propionil-CoA, respectivamente por enzimas acil-CoA carboxilasas (YCC). Las YCC son enzimas que pertenecen a la familia de las carboxilasas dependientes de biotina. Estas enzimas esta compuestas por tres dominios catalíticos principales y algunos dominios no catalíticos. Dependiendo del organismo, estos dominios pueden ser parte una misma cadena polipeptídica (complejos homoméricos) o pueden estar codificados por subunidades individuales (complejos heteroméricos). Recientemente hemos caracterizado SACE<sub>4237</sub> de *SACCHAROPOLYSPORA ERYTHRAEA* como la primer YCC homodimérica esencial de bacterias cuyo rol principal es actuar como una acetil-CoA carboxilasa generando el malonil-CoA para la síntesis de ácidos grasos. Asimismo, estudios bioinformáticos permitieron identificar numerosas proteínas ortólogas a SACE<sub>4237</sub> en diferentes géneros de *Actinomycetes* de importancia industrial. Por ejemplo, *RHODOCOCCUS JOSTII* RHA1, un organismo modelo de bacterias oleaginosas contiene el ortólogo RO<sub>04222</sub>. Con el objetivo de dilucidar si estos complejos homoméricos, SACE<sub>4237</sub> y RO<sub>04222</sub>, participan en la provisión de precursores para la producción de metabolitos secundarios en *S. ERYTHRAEA* y *R. JOSTII*, respectivamente, construimos cepas que sobreexpresan dichas proteínas o cepas mutantes nulas en los respectivos genes.

**Resultados:** En el caso de *S. ERYTHRAEA*, la sobreexpresión de SACE<sub>4237</sub> genera aumento en la producción de flavolina (producido a partir de malonil-CoA) mientras que la producción de eritromicina disminuye (producido a partir de metilmalonil-CoA). Por otro lado, la sobreexpresión de RO<sub>04222</sub> no produce un efecto marcado en la acumulación de TAGs en *R. JOSTII*. Estudios realizados sobre la mutante nula, demuestran que RO<sub>04222</sub> no es esencial para el crecimiento de *R. JOSTII* a diferencia de lo observado en *S. ERYTHRAEA*. Además, la cepa que no expresa RO<sub>04222</sub> muestra un leve defecto en la producción de ácidos grasos libres, mono-, di- y triacilglicéridos respecto de la cepa parental.

**Conclusiones:** Estos resultados sugieren que, a pesar de ser proteínas ortólogas, su función fisiológica es diferente en cada microorganismo.

### SAMIGE - Microbiología Molecular

#### Oral SAMIGE VI 3

#### 0105 - ESTRATEGIAS PARA LA EXHIBICIÓN DE PROTEÍNAS HETERÓLOGAS SOBRE LA SUPERFICIE DE BACTERIAS ÁCIDO LÁCTICAS USANDO COMO CARRIER EL DOMINIO CT DE SLPA DE *LACTOBACILLUS ACIDOPHILUS*

GORDILLO, Tania<sup>1</sup> | PALUMBO, Miranda Clara<sup>1</sup> | FINA MARTIN, Joaquina<sup>2</sup> | ALLIEVI, Mariana<sup>2</sup> | BOCKOR, Sabrina<sup>1</sup> | RUZAL, Sandra<sup>2</sup> | PALOMINO, María Mercedes<sup>2</sup>

DEPARTAMENTO QUÍMICA BIOLÓGICA FCEN-UBA<sup>1</sup>; DEPARTAMENTO DE QUÍMICA BIOLÓGICA FCEN-UBA IQUIBICEN CONICET<sup>2</sup>

**Introducción y Objetivos:** Las proteínas S-layer de *L. acidophilus* forman un rearreglo cristalino de muy alta densidad unido a la pared celular de manera no covalente. SlpA, proteína S-layer predominante de *L. acidophilus* presenta dos dominios bien definidos: el NT, de interacción con el ambiente celular externo; y el CT, responsable del anclado a la superficie bacteriana. Por otro lado las Bacterias Ácido Lácticas, por su status GRAS y porque muchas de ellas son especies con reconocidas características probióticas se han convertido en excelentes candidatos para ser usados como vehículos vivos de antígenos y proteínas bioactivas a nivel de mucosas con fines terapéuticos. Este trabajo tiene como objetivo principal evaluar la capacidad de anclado de la proteína SlpA de *L. acidophilus* para la presentación en superficie de proteínas heterólogas en BAL y su estabilidad y viabilidad celular frente a condiciones gastrointestinales.

**Materiales y Métodos:** Para esto se ha producido de manera heteróloga el dominio CT de SlpA fusionado a GFP en *Escherichia coli*, construcción denominada GFP-CTSlpA. Se han evaluado distintas especies de *Lactobacillus* para ser decoradas con la proteína carrier. También se han estudiado distintas estrategias de crecimiento para optimizar el binding de GFP-CTSlpA: células decapadas con LiCl 5M, NaCl 5M y células predecapadas en NaCl 0.5 y 0.6 M. El ensayo de binding consiste en crecer las células hasta fase estacionaria, realizar el decapado de S-layer y ajustar la DO 600nm a 1. Alícuotas de 300 µl de cultivo bacteriano son incubadas con 10 µg de GFP-CT SlpA por 60 min. 37 °C. Finalmente se cuantifica el binding con la proteína de fusión a través de microscopía de fluorescencia y técnicas de citometría de flujo. Hallado el mejor vehículo celular y la condición que garantice el mayor binding, se evaluó la estabilidad del mismo frente a condiciones gastrointestinales: estabilidad a pH ácido, sales biliares y pancreatina.

**Resultados:** De las BAL estudiadas, el mejor vehículo celular resultó *L. acidophilus* previamente decapado con LiCl. Cuando este mismo microorganismo es predecapado en condiciones de estrés osmótico y además decapado con NaCl se logra una retención de la proteína recombinante del 50 % y 70 % respectivamente. En cuanto a la estabilidad del binding frente a condiciones gastrointestinales, se obtuvo una retención del 50% luego de la