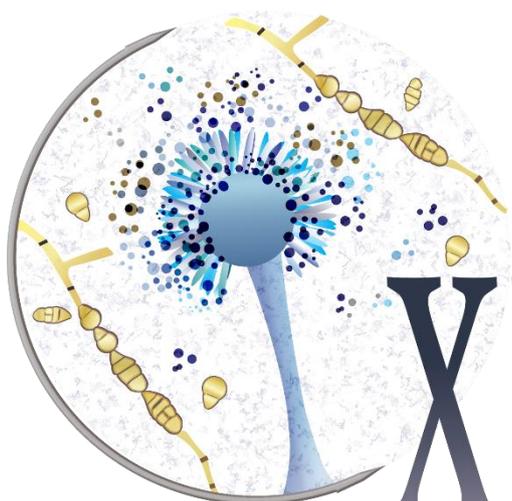


**XIX** *Jornadas  
Argentinas de  
Microbiología*

**LIBRO DE RESÚMENES**

**6 Y 7 DE OCTUBRE DE 2021**



# XIV *Jornadas Argentinas de Microbiología*

**6 Y 7 DE OCTUBRE DE 2021**



**Asociación Argentina de Microbiología - Filial NOA**

**XIX Jornadas Argentinas de Microbiología: Libro de Resúmenes** / compilación de  
Carina Audisio; Julio Villena. - 1a ed. - Ciudad Autónoma de Buenos Aires:  
Asociación Argentina de Microbiología, 2021.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online

ISBN 978-987-48142-5-8

1. Microbiología. I. Audisio, Carina, comp. II. Villena, Julio, comp. III. Título.

CDD 616.9041

ISBN 978-987-48142-5-8



## COMISIÓN ORGANIZADORA

*Presidenta:* María Angela Jure

*Vicepresidente 1º:* Julio Villena

*Vicepresidenta 2º:* Marina Bottiglieri

*Secretario General:* Carlos Nieto Peñalver

*Secretaria de Actas:* María José Rodríguez Vaquero

*Secretaria del Área Científica:* M. Carina Audisio

*Secretarias de Finanzas:* Natalia Alejandra Castillo - Silvina Juárez Tomas

*Secretario del Área Técnica:* Leonardo Albarracín

## COMITÉ CIENTÍFICO

M. Carina Audisio

Adriana Sucari

Guillermo Efron

Miriam Coronel

Guillermo Marcial

Marisa Almuzara

Isabel Chinen

Guadalupe Vizoso Pinto

María Laura Sanchez

Carolina Iburguren

## COLABORADORES DEL ÁREA TÉCNICA

Paula Moreno Mochi

Juan Martín Vargas

Silvio Martín Jimenez

Hipólito Fernando Pajot

## BIENVENIDOS A LAS JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGÍA

Las “Jornadas Argentinas de Microbiología” se han constituido en un evento de gran relevancia para quienes se dedican a la microbiología en nuestro país y otros países de la región.

La filial NOA de la Asociación Argentina de Microbiología (AAM) tiene el placer de organizar las “XIX Jornadas Argentinas de Microbiología” los días 6 y 7 octubre de 2021.

Hoy tengo el inmenso compromiso de presidirlas y junto al Comité Organizador los invitamos a compartir este importante evento científico. Luego de un gran esfuerzo en equipo hemos diseñado este espacio teniendo en cuenta los valores que definen nuestra institución, dando respuesta a la necesidad y al deseo de reunirnos (virtualmente esta vez), e intercambiar experiencias y emociones en este momento especial que estamos viviendo.

En estas Jornadas les brindamos un programa científico centrado en tres ejes temáticos: Microbiología de las Infecciones; Antimicrobianos y Microbiología de Alimentos. Cabe destacar que se pretende abordar dichos ejes de una manera multidisciplinaria, organizados en mesas redondas, mini-conferencias y exposición oral de posters, que permita a los participantes su actualización sobre los últimos avances en diferentes tópicos de la microbiología.

En las exposiciones participan prestigiosos invitados nacionales y extranjeros de reconocida trayectoria. Una mención especial merece las comunicaciones libres que reflejan el crecimiento continuo de esta apasionante disciplina, brindando un ámbito apropiado para difundir y debatir los avances en investigación básica o clínica. Estas presentaciones serán expuestas en la plataforma en formato de poster y contaremos con una sesión especial de presentación oral para los trabajos seleccionados a premio.

Las “XIX Jornadas Argentinas de Microbiología” pretenden generar un ámbito de aprendizaje y discusión para profesionales del sector privado, académico y científico, así como para estudiantes de ciencias de la salud, microbiología de alimentos y otras disciplinas afines, es así que dirigimos un cálido llamado a los jóvenes, de quienes esperamos un destacado protagonismo.

Queremos expresar nuestro reconocimiento a todos los que participan en diferentes actividades de estas Jornadas, disertantes, coordinadores y evaluadores. Nuestra gratitud a las empresas patrocinantes que presentarán las novedades en tecnología, reactivos y equipamiento para laboratorio y que a través de su participación hacen posible el desarrollo de este evento científico. Un especial reconocimiento al arduo trabajo de la Comisión Organizadora y a la Comisión Directiva de la Asociación Argentina de Microbiología que nos acompañó con su entusiasmo y dedicación. Les damos una cálida bienvenida y los invitamos a compartir nuestras “XIX JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGIA”. ¡Esperamos que lo disfruten!

**Dra. María Angela Jure**

Presidente

XIX JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGIA

# COMISIÓN ORGANIZADORA

**Presidenta:** María Angela Jure



*Bioquímica por la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán (UNT), Especialista en Microbiología, por la Universidad Católica Argentina, Dra. en Bioquímica por la UNT, Codirectora de la Carrera de "Especialización en Microbiología Clínica - area Bacteriología (UNT). Prof. Asoc. de la Asignatura Bacteriología de la carrera de Bioquímica. Directora Técnica del Laboratorio LABACER. En el marco de convenios de cooperación internacionales, sus líneas de investigación abarcan la vigilancia de patógenos transmitidos por alimentos y el desarrollo de investigación científico-técnica en el área de biología molecular y caracterización de mecanismos de resistencia a los antimicrobianos.*

**Vicepresidente 1º:** Julio Villena



*Bioquímico por la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán (2003). Doctor en Bioquímica por la Universidad Nacional de Tucumán (2008). Investigador Independiente de CONICET en el Centro de Referencia para Lactobacilos – CERELA, Tucumán. Profesor invitado del Centro Internacional de Inmunología Nutricional y Agrícola de la Universidad de Tohoku, Japón. Su línea de investigación está centrada en el estudio de microorganismos beneficiosos para la modulación de la inmunidad contra infecciones en mucosas.*

**Vicepresidenta 2º:** Marina Bottiglieri



*Doctora en Medicina Jefa del Servicio de Microbiología de la Clínica Universitaria Reina Fabiola Profesora Adjunta de la Cátedra de Microbiología – Medicina – Universidad Católica de Córdoba*

**Secretario General:** Carlos Nieto Peñalver



*Bioquímico por la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán (2001). Doctor por la Université Paul Sabatier (2006). Investigador Adjunto de CONICET en la Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos – PROIMI, Tucumán. Profesor Adjunto de Microbiología General en la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán. Su línea de investigación está relacionada con interacciones microbianas por sistemas de quorum sensing.*

**Secretaria de Actas:** María José Rodríguez Vaquero



*Bioquímica por la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán (2001). Doctora en Bioquímica por la Universidad Nacional de Tucumán (2009). Investigadora Adjunta de CONICET y Profesora Adjunta de Microbiología General con atención a Microbiología de alimentos y Fisiología Microbiana en la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán. Su línea de investigación está relacionada al estudio de propiedades beneficiosas de compuestos naturales y microorganismos para su utilización en industrias farmacéutica, alimentaria y agroindustria.*

**Secretaría del Área Científica:** M. Carina Audisio



*Lic. en Química por la Fac. de Cs. Exactas de la Universidad Nacional de Salta (1994). Doctora en Ciencias área Química Aplicada por la Fac. de Cs. Exactas de la Universidad Nacional de Salta (1999). Investigadora Principal de CONICET en el Instituto de Investigaciones para la Industria Química –INIQUI, Salta. Profesora Adjunta de Microbiología en la Fac. de Cs. Exactas y profesora Adjunta de Microbiología de los Alimentos en la Fac. de Ingeniería, en la Universidad Nacional de Salta. Sus líneas de investigación están relacionadas al estudio de bacterias gram positivas (*Lactobacillus*, *Bacillus* y *Enterococcus*), su caracterización filogenética y selección según la producción de sustancias antimicrobianas y enzimas para el desarrollo de probióticos para animales o bioprotectores.*

**Secretaria de Finanzas:** Silvina Juárez Tomás



*Bioquímica por la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán (1997). Doctora en Bioquímica por la Universidad Nacional de Tucumán (2004). Investigadora Independiente de CONICET en la Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos – PROIMI, Tucumán. Su línea de investigación está focalizada en el estudio de bacterias ambientales y la producción de biomoléculas con potencial aplicación en salud humana y ambiental.*

**Secretaria de Finanzas:** Natalia Alejandra Castillo



*Bioquímica por la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán (2004) y Doctora en Bioquímica por la Universidad Nacional de Tucumán (2012). Profesora Adjunta de Micología de la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán. Su línea de investigación consiste en la búsqueda y producción de polisacáridos fúngicos, su caracterización fisicoquímica y la evaluación de propiedades biológicas e inmunes de los mismos, mediante el empleo de cultivos celulares y animales de experimentación.*

**Secretario del Área Técnica:** Leonardo Albarracín



*Programador Universitario (2015) y Licenciado en Informática (2017) por la Facultad de Ciencias Exactas y Tecnología de la Universidad Nacional de Tucumán y estudiante del Doctorado en Ciencias Biológicas por la Universidad Nacional de Tucumán. Auxiliar Docente Graduado de la Facultad de Ciencias Exactas y Tecnología de la Universidad Nacional de Tucumán. Su trabajo de investigación se centra en el estudio de la interacción de microorganismos beneficiosos con el sistema inmunológico del huésped, mediante herramientas bioinformáticas.*

## EL LOGO



*El logo de las XIX Jornadas Argentinas de Microbiología es un diseño original de la estudiante de la Licenciatura en Biotecnología (Universidad Nacional de Tucumán) **Jessica Figueroa**.*

*A partir de un concurso de diseño dirigido a estudiantes de grado de carreras afines a las temáticas de las jornadas, la Comisión Organizadora seleccionó por unanimidad el trabajo presentado por Jéssica.*

# SPONSORS

CATEGORIA: **SIMPOSIO COMERCIAL**



CATEGORIA: **DIAMANTE**



CATEGORIA: **ORO**



# AUSPICIOS



**Colegio de Bioquímicos  
de Jujuy**



# PROGRAMA

## MIÉRCOLES 6 DE OCTUBRE

8:00-8:30                    **INAUGURACIÓN**

8:30-10:00                **MESA REDONDA 1. Una Salud: el enfoque multisectorial de la resistencia a los antimicrobianos**

**“Avances del programa de vigilancia de la resistencia antimicrobiana en animales de consumo”**

Dr. Federico Luna (Argentina)

**“El rol del medioambiente en la diseminación de la resistencia a los antimicrobianos: primer estudio en aguas superficiales de Asunción, Paraguay”** Dra. Nancy Melgarejo Touchet (Paraguay)

**“Integración de los datos de vigilancia de la RAM en el marco de una salud pública y desafíos en su implementación”** Dr. Juan Carlos Hormazábal (Chile)

*Moderador:* Dr. Marcelo Galas

10:00-10:30              **EVENTO ARTÍSTICO**

10:30-12:00              **MESA REDONDA 2. Nuevas herramientas para la identificación y diagnóstico de micosis**

**“Diagnóstico molecular en micosis endémicas”** Dra. Adriana Toranzo (Argentina)

**“Identificación de levaduras por MALDI-TOF MS”** Dra. Constanza Taverna (Argentina)

**“Diagnóstico molecular de aspergilosis y otras enfermedades fúngicas invasoras”** Dr. Nicolas Refojo (Argentina)

*Moderador:* Dr. Gustavo Giusiano

12:00-13:00              **ALMUERZO**

13:00-14:00              **PRESENTACIÓN ORAL DE POSTERS**

**Presentación de trabajos seleccionados en sesiones simultáneas**

*MICROBIOLOGÍA DE LAS INFECCIONES I*

*ANTIMICROBIANOS*

*MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS*

14:00-14:45              **MINICONFERENCIA 1**

**“Salmonella en alimentos: impacto en la salud pública de Argentina”** Dr. Gerardo Leotta (Argentina)

*Moderador:* Dra. María Angela Jure

14:45-15:30              **MINICONFERENCIA 2**

**“Evaluación de riesgos como herramienta para el control de peligros presentes en cadenas agroalimentarias”** Dr. Marcelo Signorini (Argentina)

*Moderador:* Dr. Fernando Gallego Sola

15:30-16:00 **SIMPOSIO BIOMERIEUX**

**Nuevas metodologías en el diagnóstico de neumonía: impacto clínico de FilmArray.** Dr. Rolando Soloaga (Argentina)

*Moderador:* Dra. Vanesa Reijtman

16:00-17:30 **MESA REDONDA 3. Microorganismos en el tracto respiratorio: amigos y enemigos**

**"Interacción de *Brucella* con la mucosa pulmonar: un poco me voy y un poco me quedo"** Dr. Pablo Baldi (Argentina)

**"Manifestaciones extragástricas de la infección por *Helicobacter pylori*. Impacto en el sistema respiratorio"** Dra. Alba Vega (Argentina)

**"Aplicación de inmunobióticos y postbióticos como adyuvantes nasales para mejorar la inmunidad respiratoria en huéspedes inmunodeprimidos"** Dra. Susana Salva (Argentina)

*Moderador:* Dr. Julio Villena

17:30-18:00 **SIMPOSIO PFIZER**

**Diagnóstico de BGN MDR. Que aprendimos durante la Pandemia.** Dr. Fernando Pasteran (Argentina)

*Moderador:* Dra. Marina Botiglieri

18:00-18:45 **MINICONFERENCIA 3**

**"Micosis respiratorias causadas por patógenos oportunistas en Argentina"** Dr. Jorge Finqueliévich (Argentina)

*Moderador:* Mg. Christian Alvarez

## JUEVES 7 DE OCTUBRE

8:30-10:00 **MESA REDONDA 4. Microbiota en la salud humana: una verdadera revolución en el conocimiento de su composición e implicancia en los estados de salud y enfermedad**

**"Transferencia de Microbiota Fecal"** Dra. Rosa del Campo Moreno (España)

**"Bases metodológicas de las nuevas técnicas moleculares utilizadas en la caracterización de la microbiota"** Dr. Manuel Ponce Alonso (España)

**"Harnessing the microbiome for novel biomarkers and probiotics"** Dr. Bruno Andrade (Irlanda)

*Moderador:* Dra. María Angela Jure

10:00-10:30 **REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA**

**"Logros y nuevos desafíos de la Revista Argentina de Microbiología"** Dra. Cecilia Quiroga (Argentina)

*Moderador:* Dra. M. Carina Audisio

10:30-12:00

**MESA REDONDA 5. Control alternativo de patógenos**

**“Antivirales basados en nanoanticuerpos: una opción para la lucha contra el coronavirus”** Dra. Itatí Ibañez (Argentina)

**“La nanotecnología en la investigación de nuevos antibióticos”** Dra. Cintia Romero (Argentina)

**“Nuevos péptidos antimicrobianos como estrategia frente al problema de la resistencia a los antibióticos”** Dr. Paulo Maffia (Argentina)

**“Plantas nativas: una alternativa para el control de microorganismos”** Dra. Catiana Zampini (Argentina)

*Moderador:* Dra. Guadalupe Vizoso-Pinto

12:00-13:00

**ALMUERZO**

13:00-14:00

**PRESENTACIÓN ORAL DE POSTERS**

**Presentación de trabajos seleccionados en sesiones simultáneas**

*MICROBIOLOGÍA DE LAS INFECCIONES II*

*MICROBIOLOGÍA GENERAL*

*PROBIÓTICOS*

14:00-14:45

**MINICONFERENCIA 4**

**“Espectrometría de masas en microbiología clínica, conclusiones tras seis años de experiencia”** Dr. Mario Vilaró (Argentina)

*Moderador:* Dra. Marisa Almuzara

14:45-15:30

**MINICONFERENCIA 5**

**“Pasado, presente y futuro de los métodos rápidos para el análisis microbiológico de los alimentos”** Dr. Juan Martin Oteiza (Argentina)

*Moderador:* Dr. Gerardo Leotta

16:00-17:30

**MESA REDONDA 6. Probióticos, prebióticos y postbióticos**

**“Probiotics: concept, isolation, properties and delivery”** Dra. Adriane Antunes Moraes (Brasil)

**“Prebióticos: tendencias pasadas y futuras”** Dra. Katia Sivieri (Brasil)

**“Postbióticos: un concepto en evolución”** Dr. Gabriel Vinderola (Argentina)

*Moderador:* Dra. M. Carina Audisio

18:00-18:45

**MINICONFERENCIA 6**

**“Phages for the control of bacterial pathogens: opportunities and challenges”** Dr. Jason Gill (Estados Unidos)

*Moderador:* Dra. Guadalupe Vizoso-Pinto



# RESÚMENES





# **ANTIMICROBIANOS**



**GIL, Marianela S (1), VALLEJO, Marisol (1), PARADA, Romina B (1,2), MARGUET, Emilio R (1)**

1 Laboratorio de Biotecnología Bacteriana, Facultad de Ciencias Naturales y Cs. de la Salud (Sede Trelew), Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. 2 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). [gilmarianela4@gmail.com](mailto:gilmarianela4@gmail.com)

Desde la década de 1950 los antibióticos se han utilizado en todo el mundo en la producción de alimentos de origen animal, para terapia, prevención de infecciones bacterianas y promoción del crecimiento. Metales como cobre, zinc y compuestos químicos derivados, también tienen actividad antimicrobiana y se administran a los animales para promover la eficiencia alimentaria y mejorar la ganancia de peso en el ganado. Esta práctica resulta exitosa desde el punto de vista económico pero tiene consecuencias negativas debido a su impacto ambiental. El objetivo de este trabajo fue determinar la resistencia a zinc y tetraciclina en cepas del género *Enterococcus* aisladas de cerdos de criadero del Valle Inferior del Río Chubut (VIRCh). El muestreo se realizó de forma aleatoria a partir de animales sanos, incluyendo adultos y crías de destete. Las muestras de materia fecal se sembraron en medios selectivos y diferenciales para el aislamiento de *Enterococcus* spp., se incubaron a 37 °C durante 24-48 h y se realizaron sucesivos repiques con el objetivo de obtener cultivos puros. Los ensayos de susceptibilidad al zinc se llevaron a cabo por el método de dilución en agar, al cual se le adicionaron concentraciones crecientes entre 0,25-32 mM de sulfato de zinc heptahidratado ( $ZnSO_4 \cdot 7H_2O$ ). Las placas se inocularon con 5  $\mu$ l de cultivos bacterianos ajustados a 0,5 en la escala de McFarland y se incubaron durante 48 h a 37 °C. En todas las cepas que exhibieron resistencia a zinc se determinó la concentración inhibitoria mínima para tetraciclina mediante el método de las diluciones seriadas en agar. Posteriormente, a todas las cepas resistentes se les extrajo el ADN y se realizó la amplificación del gen *tetM* y la identificación fenotípica mediante pruebas bioquímicas. Se aislaron un total de 97 cepas del contenido fecal de cerdos, 75 presentaron resistencia a zinc ( $\geq 12$  mM) y resistencia a tetraciclina ( $\geq 16$   $\mu$ g/mL). Del total de cepas resistentes, 54 se identificaron como *E. faecium*, 2 como *E. faecalis*, 3 como *E. durans*, mientras que 16 no fueron posible identificar a nivel especie mediante fenotipia. Mediante PCR se obtuvo la amplificación del gen *tetM* en 68 cepas. Los resultados obtenidos en este estudio podrían reflejar el uso generalizado de zinc y tetraciclina como promotores de crecimiento en la alimentación de cerdos. Esta práctica ejerce una presión selectiva en especies bacterianas animales y contribuye a la propagación de la resistencia a los antibióticos.

Palabras clave: promotores del crecimiento, alimentación animal, *Enterococcus* ambientales

**NIEVAS, Hernán (1), NIEVAS, Victorio (1), CARRIQUIRIBORDE, Martín (2), GIACOBONI, Gabriela (1), MOREDO, Fabiana (1, 3)**

1 Laboratorio de Bacteriología y Antimicrobianos, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP. 2 Laboratorio de Animales de Experimentación, FCV-UNLP. 3 Cátedra de Microbiología FCV-UNLP. [hnieves@fcv.unlp.edu.ar](mailto:hnieves@fcv.unlp.edu.ar)

En los últimos años, se observa con mayor frecuencia en los ecosistemas de producción porcina, la circulación de *Escherichia coli* productores de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido. Estas enzimas pueden diferir significativamente en naturaleza y prevalencia entre animales y humanos, lo que genera incertidumbre sobre la magnitud real de su transferencia. Son el principal mecanismo de resistencia a las cefalosporinas de tercera generación, siendo la familia CTX-M la más prevalente. El objetivo de este trabajo es presentar información preliminar respecto a los grupos de la  $\beta$ -lactamasa CTX-M, producidos por *E. coli* aislados de ecosistemas de producción porcina de la República Argentina. En el marco de proyectos de investigación llevados a cabo en el Laboratorio de Bacteriología y Antimicrobianos de la Facultad de Ciencias Veterinarias-UNLP, entre los años 2017-2021 se recuperaron 69 *E. coli* productores de CTX-M de 19 granjas de producción porcina localizadas en la principal zona de producción de la República Argentina (Buenos Aires, Córdoba, Santa Fé, Entre Ríos y San Luis). El origen de los aislamientos fue: 24 y 27 de materia fecal en 2017 y 2018 respectivamente; en 2019, 4 de suela de botas de operarios y 1 de insectos; en 2021, 3 de efluentes, 5 de materia fecal y 5 de botas de operarios. Los aislamientos fueron recuperados en agar MacConkey adicionado con 4  $\mu$ g/ml de cefotaxima. Posteriormente, se caracterizaron como *E. coli* con pruebas bioquímicas y fisiológicas tradicionales. La genotipificación se realizó con protocolos elaborados por el Servicio de Antimicrobianos del Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas Dr. Carlos Malbrán. En el 63,8 % de los *E. coli* productores de CTX-M se detectó el gen que caracteriza al grupo 8/25, en el 16 % el que caracteriza al grupo 1/15, y en el 14,5 y 5,8 % a los genes de los grupos 9/14 y 2 respectivamente. En general, se identificó un grupo de CTX-M por granja, como máximo 2, estando el grupo 8/25 presente en el 63 % del total de granjas. El 31,9 % de los aislamientos también portaron el gen *mcr-1* que confiere resistencia a colistina y el 40,6 % mostraron comportamiento resistente frente a tetraciclina, cloranfenicol y ciprofloxacina. La rápida diseminación de las BLEE depende de muchos factores, como la adquisición y diseminación efectivas de *bla*<sub>CTX-M</sub> en elementos genéticos móviles, la asociación de éstos con clones bacterianos exitosos, el bajo costo de producción de la enzima CTX-M y al uso de cefalosporinas de espectro extendido, fluoroquinolonas, tetraciclinas y florfenicol en la práctica veterinaria, que pueden co-seleccionar cepas productoras de CTX-M que a menudo también son resistentes a estos antimicrobianos. Es importante destacar que el grupo CTX-M-8/25 no ocupa un lugar preponderante dentro las BLEE producidas por *Enterobacteriales* de origen humano en Argentina, sino CTX-M-2 y CTX-M-15, las cuales fueron detectadas en muy bajo porcentaje y en sólo 5 granjas. Cuando el trabajo finalice, se conocerán los clones bacterianos que están circulando dentro de los establecimientos y se podrá inferir con mayor exactitud la posible implicancia que podrían tener sobre la salud pública.

Palabras clave: CTX-M 8/25, BLEE, *Escherichia coli*, cerdos

**MARUCCI, Patricia Liliana (1), GONZÁLEZ, María Belén (2), SICA, María Gabriela (1), BRUGNONI, Lorena Inés (1, 3), SAIDMAN, Silvana B. (2)**

1 Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. 2 Instituto de Ingeniería Electroquímica y Corrosión, Departamento de Ingeniería Química (INIEC, UNS-CONICET), Bahía Blanca, Argentina. 3 Instituto de Ciencias Biológicas y Biomédicas del Sur, INBIOSUR (UNS-CONICET), Bahía Blanca, Argentina. [brugnoni@uns.edu.ar](mailto:brugnoni@uns.edu.ar)

El acero inoxidable 316L (AI 316L) se ha convertido en el material metálico más utilizado para aplicaciones biomédicas debido a su biocompatibilidad, bajo costo y excelente resistencia a la corrosión. Dentro de las complicaciones que pueden sufrir los receptores de implantes biomédicos, podemos destacar el riesgo de infección y posterior rechazo del mismo. Una de las estrategias para prevenir la infección es modificar y funcionalizar la superficie del implante mediante la inmovilización de especies metálicas, confiriéndole así propiedades antibacterianas. Se ha demostrado que tanto especies de Ag como de Cu pueden ser inmovilizadas efectivamente en una matriz microtubular de polipirrol (PPy) dopada con Salicilato (Sa) con un gran área superficial y que ambos iones se liberan de los recubrimientos. En este trabajo se ensayó la actividad antibacteriana de películas de PPy electrosintetizadas sobre AI 316L y modificadas con especies de Ag y Cu (AgNPs-Cu-PPy-Sa) sobre *Escherichia coli* ATCC 25922, *E. coli* O157:H7 EDL 933, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Listeria monocytogenes* ATCC 7644 y otras 20 cepas de *E. coli*, *S. aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Salmonella enterica* y *L. innocua* aisladas de alimentos, aguas y humanos. El PPy se electrodepositó sobre AI 316L a partir de una solución constituida por 0,25 M de Py + 0,5 M salicilato de sodio + 0,1 M  $\text{CuSO}_4 \cdot 5 \text{H}_2\text{O}$ . Posteriormente, sobre el polímero modificado con Cu, se electrosintetizaron las AgNPs mediante un doble pulso de potencial a partir de una solución conteniendo 0,01 M  $\text{AgNO}_3$  y 0,1M  $\text{KNO}_3$ , obteniéndose nanopartículas con un tamaño aproximado de 500 nm distribuidas de manera homogénea sobre la superficie microtubular del PPy. La actividad antimicrobiana de las AgNPs-Cu-PPy-Sa fue evaluada utilizando una técnica de difusión en agar adaptada de Kirby-Bauer, para la cual se realizó una suspensión bacteriana con solución salina estéril hasta obtener una turbidez equivalente al 0,5 de McFarland. Posteriormente, se hisoparon placas de agar Müeller Hinton y se depositaron por duplicado en la superficie las AgNPs-Cu-PPy-Sa y el correspondiente control PPy-Sa. Los halos de inhibición se midieron luego de 24 h de incubación a 35 °C. El 96% de las cepas ensayadas presentaron sensibilidad a la combinación de Cu con AgNPs. El rango de inhibición para las cepas de *S. aureus* fue de 2 a 12 mm y para las cepas de *E. coli* fue de 2 a 8 mm. *Pseudomonas aeruginosa* y *S. enterica* presentaron halos de inhibición de 6 mm y *L. innocua* de 9 mm. No se observó actividad inhibitoria frente a *L. monocytogenes*. Estos resultados sugieren que los recubrimientos de AgNPs-Cu-PPy-Sa tienen actividad antibacteriana frente a los microorganismos ensayados. Aunque no se ha evaluado el efecto tóxico/citotóxico del ión Ag, se ha propuesto que las AgNPs se encuentran estabilizadas y modulan la liberación de Ag<sup>+</sup> cuando se encuentran formando parte de un recubrimiento, favoreciendo así una baja toxicidad/citotoxicidad. En particular, se observó que superficies modificadas con PPy y AgNPs de un tamaño entre 50-500 nm inhibieron el crecimiento de bacterias Gram positivas y Gram negativas sin presentar efectos citotóxicos (según los requerimientos ISO 10993-5).

Palabras clave: Nanopartículas de plata, Cobre, Bacterias gram positivas, Bacterias gram negativas, Actividad inhibitoria

## EMERGENCIA DE ENTEROBACTERIAS RESISTENTES A CARBAPENEMES MEDIADA POR PLATAFORMAS GENÉTICAS DIVERSAS PORTADORAS DEL GEN CODIFICANTE DE CARBAPENEMASA KPC.

DÍAZ, María Susana (1,2), ESPINOZA, Elina (1), PASTORE, Florencia (1,3), PÉREZ, Jorgelina (1,3), LIMANSKY, Adriana (1,2), MARCHIARO, Patricia (1, 2)

1 Área Bacteriología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (FCByF), UNR, Rosario, Santa Fe. 2 Laboratorio de Resistencia Bacteriana a Antimicrobianos, Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR-CONICET), FCByF, UNR. 3 Laboratorio de Bacteriología, FCByF, UNR, Hospital Provincial del Centenario, Rosario, Santa Fe. [pmarchiario@fbioyf.unr.edu.ar](mailto:pmarchiario@fbioyf.unr.edu.ar)

La emergencia de enterobacterias productoras de carbapenemasas tipo-KPC (EB<sub>KPC</sub>) representa un grave problema de salud pública a nivel mundial debido a las escasas opciones terapéuticas y morbimortalidad asociada. El éxito de la propagación de *bla*<sub>KPC</sub> se liga a la diseminación del clon epidémico de *Klebsiella pneumoniae* (*Kpn*) ST258, así como a eventos de transposición mediados por transposones tipo-Tn4401 (esencialmente isoformas Tn4401a y b) y de transferencia horizontal por plásmidos conjugativos. Nuevos elementos genéticos, NTE por “non-Tn4401 element”, han sido recientemente reportados en Argentina, y otros países de Latinoamérica y Asia mayoritariamente en *Kpn* diferentes a *Kpn*-ST258 y otras EB. En este contexto, es de destacar que la diversidad de plataformas con *bla*<sub>KPC</sub> que se diseminan entre diferentes especies de EB es aún poco conocida. Se caracterizaron aquí las plataformas de diseminación de *bla*<sub>KPC</sub> en 10 EB<sub>KPC</sub>, recuperadas de pacientes asistidos en un hospital local (HL) durante 2019 incluyendo 7 *Kpn*, 1 *Escherichia coli* (*Eco*), 1 *Enterobacter cloacae* (*Ecl*) y 1 *Morganella morganii* (*Mmo*). La asociación de *bla*<sub>KPC</sub> a Tn4401 o NTE se determinó mediante PCR y secuenciación. Asimismo, la relación clonal de los 7 aislamientos de *Kpn* se analizó mediante PCR con oligonucleótidos degenerados (OD-PCR), y secuenciación del gen *tonB* del esquema MLST (“Multilocus sequence typing”). Así, se identificaron 3 clones entre 7 *Kpn*, N1 (n: 3), N2 (n: 2) y N3 (n: 2). El análisis de los perfiles de amplificación por OD-PCR, y de las secuencias de *tonB* no mostraron similitud con los correspondientes al clon *Kpn*-ST258 prevalente en el HL, ni con clones de *Kpn* esporádicos (D/ST256, F/ST46, G/ST25, y H/ST273) derivados de estudios previos (año 2015), sugiriendo la circulación local de nuevos clones de *Kpn*. La asociación de *bla*<sub>KPC</sub> al entorno Tn4401 se identificó en las 3 *Kpn* clon N1, y el análisis de secuencia del mismo correspondió a Tn4401a. Por su lado, el entorno NTE se observó en el resto de los aislamientos (n: 7), identificando amplicones de tamaños diferentes, ~1500 pb y ~800 pb, siendo prevalente el segundo. Así, el primero se identificó en 1 *Kpn* clon N2, y el segundo en 6 aislamientos, 1 *Kpn* clon N2, 2 *Kpn* clon N3, *Ecl*, *Eco*, y *Mmo*. El análisis de las secuencias de amplicones identificó 2 entornos diferentes, NTE<sub>KPC</sub>-II ( $\Delta$ 142), y NTE<sub>KPC</sub>-I, para los fragmentos de ~1500 pb, y ~800pb, respectivamente. Es de destacar que el primer entorno ha sido identificado en EB<sub>KPC</sub> no-ST258 previamente en el mismo hospital y representa una variante aún no reportada. Por su lado, NTE<sub>KPC</sub>-I, descrita inicialmente en China, es una nueva variante que circula en el hospital local. Los resultados evidencian diseminación de *bla*<sub>KPC</sub> entre EB (no *Kpn*-ST258) asociada mayoritariamente a entornos menos prevalentes (NTE), y aportan nuevo conocimiento de la diversidad de plataformas involucradas. La epidemiología molecular de la resistencia aporta así herramientas diagnósticas, y es esperable que contribuyan a implementar medidas de prevención de la diseminación de la resistencia en ambientes hospitalarios.

Palabras clave: Carbapenemasa, KPC, transposón

**ACTIVIDAD IN VITRO DEL ISAVUCONAZOL Y OTROS 6 ANTIFÚNGICOS FRENTE A 125 AISLAMIENTOS DE *Cryptococcus neoformans*.**

**GAMARRA, Soledad (1), SASONI, Natalia (1), CARRIZO, Silvia (2,3), BARBAGELATA, María Sol (1), RIERA, Fernando (2), GARCIA-EFFRON, Guillermo (1,4).**

1 Cátedra de Parasitología y Micología – Fac. de Bioquímica – Universidad Nacional del Litoral. Santa Fe (Argentina).

2 Sanatorio Allende. Córdoba (Argentina). 3 Hospital Rawson. Córdoba (Argentina). 4- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

La meningitis criptocócica (MC) tiene gran prevalencia en pacientes con SIDA avanzado. Las guías de tratamiento recomiendan una combinación de anfotericina B más flucitosina como terapia de inducción. Por su parte, se usa fluconazol para las siguientes fases del tratamiento y mantenimiento posterior. En nuestro país la flucitosina no está disponible por lo que el fluconazol se utiliza combinado con el polieno desde el inicio. El fluconazol ha asumido este papel debido a su eficacia terapéutica, vía de administración oral y perfil de seguridad durante períodos prolongados. El isavuconazol es un triazol de amplio espectro que fue aprobado para el tratamiento de aspergilosis invasiva y mucormicosis por la FDA. En un estudio fase 3 no randomizado (open-label) llamado VITAL, esta azol demostró eficacia terapéutica, pero se incluyeron pocos pacientes y solo 2 con infecciones en el Sistema nervioso central. Estos escasos datos clínicos sumado a los pocos estudios de PK/PD y de sensibilidad in vitro al isavuconazol realizados utilizando cepas de *Cryptococcus* spp. han hecho que este nuevo triazol todavía no haya encontrado un papel establecido en el tratamiento de la MC. Evaluar la sensibilidad al isavuconazol de cepas contemporáneas de *Cryptococcus neoformans* (antiguamente var. *grubii*, variante génica VN1) aisladas de pacientes argentinos con MC. Comparar la actividad del isavuconazol versus otros 6 antifúngicos. Se estudiaron 125 cepas de *Cryptococcus neoformans* aisladas de pacientes de las provincias de Entre Ríos, Santa Fe y Córdoba. Se identificaron por métodos fenotípicos y moleculares hasta nivel de variante génica como *C. neoformans* VN1. Se les evaluó la sensibilidad a los antifúngicos siguiendo el documento M27 4ta ed. de CLSI. Se incluyeron en el estudio anfotericina B, 5 fluorcitocina, fluconazol, isavuconazol, itraconazol, posaconazol y voriconazol. Se calcularon la CIM moda, CIM50 y CIM90. Se establecieron correlaciones de CIM usando el test exacto de Fisher utilizando las siguientes definiciones de correlación dependiendo del valor r: muy débil (<0.2), débil (0.2-0.39), moderada (0.4-0.59), fuerte (0.6-0.79) y muy fuerte (>0.79). Los valores fuera de las escalas de concentraciones evaluadas se convirtieron en la siguiente concentración hacia arriba o abajo. Isavuconazol mostró buena actividad in vitro frente a *C. neoformans* (MIC50/MIC90 de 0,06 µg/ml y 0,12 µg/ml). Se encontró una correlación muy fuerte entre las CIM de isavuconazol e itraconazol (r=0.81), posaconazol (r=0.851) y voriconazol (r=0.881). Se encontraron 4 cepas no-wild type para anfotericina B y otra cepa no-wild type para fluconazol (CIM > al punto de corte epidemiológico). Además, 7 cepas presentaron CIMs igual al punto de corte epidemiológico para fluconazol y 5-fluorocitocina (CIM=8 µg/ml). Estas 8 cepas con CIM elevadas a fluconazol (6.4% del total) presentaron CIM bajas para isavuconazol y voriconazol. El isavuconazol se presentaría como una opción promisoriosa como alternativa de tratamiento de CM sobre todo para *C. neoformans* con CIM elevadas para fluconazol o fallas terapéuticas con los antifúngicos habituales.

Palabras clave: *Cryptococcus*, sensibilidad, isavuconazol.

**CLONES EPIDÉMICOS Y RESISTENTES A LOS ANTIBIÓTICOS DE *Staphylococcus aureus* RECUPERADOS DE ALIMENTOS LISTOS PARA CONSUMO (ALC) EN CÓRDOBA, ARGENTINA**

**BARCUDI, Danilo (1), BLASKO, Enrique (1), DEL BÓ, Carolina (2), BOSIO, Delfina (1), CHAGRA, Yamila (2), MACUA, Alicia (2), HERRERO, Gabriela (2), BOCCO, José Luis (1), SAKA, H Alex (1), SOLA, Claudia (1)**

1 CIBICI – CONICET. Facultad de Ciencias Químicas, UNC. 2 Unidad de Microbiología. CEPROCOR. Ministerio de Ciencia y Tecnología de Córdoba. Córdoba. Argentina. [danilo.barcudi@unc.edu.ar](mailto:danilo.barcudi@unc.edu.ar)

*Staphylococcus aureus* puede causar una variedad de infecciones, tanto leves como graves incluyendo las intoxicaciones alimentarias, además de ser una bacteria con capacidad de adquirir resistencia a múltiples antimicrobianos (RAM), particularmente a meticilina (MRSA) y con potencial de diseminación entre hospitales (HA-MRSA), comunidad (CA-MARSA) y en animales (LA-MRSA). La presencia de *S. aureus* en ALC se relaciona a los manipuladores, a las prácticas de manufactura o a la materia prima contaminada. En Argentina, MRSA causa más del 50% de las infecciones por *S. aureus* relacionadas a 3 clones epidémicos: dos CA-MRSA PVL+ (ST30-IVc y ST5-IVa), uno HA-MRSA (ST5-I) y a clones menores como de los linajes ST8 (USA300) y ST97 (relacionado al ganado bovino). El objetivo de este trabajo fue analizar la R a los antimicrobianos y el genotipo de cepas de *S. aureus* recuperadas de ALC, en un periodo de 10 años en Córdoba y establecer su relación genética con los clones circulantes en Argentina. Se analizó retrospectivamente una muestra de 48 aislamientos de *S. aureus* recuperados en ALC a partir de diferentes establecimientos de la ciudad, 2008-2018, ISO6888-1. Se determinó la susceptibilidad a los antimicrobianos por difusión en agar (CLSI2019) y la presencia de genes *mecA/C* y *ermA/C* por PCR. La caracterización genética se realizó por PFGE, tipo *spa*, MLST y Tipo SCC*mec*. Se identificaron 14 linajes/ST: 37,5% (ST8-(t008, t024, t121 y otros), 10,4% (ST188 ,t189), 8,3% [ST72-(t1346, t10419, t148)], 6,3% [ST398-(t1451, t571, t6606), ST5-(t2066, t4867 y t5507) y ST15-(t084), 4,2%[ST30-(t5224, t710), ST1-(t2207), ST45-(t065, t050) y ST88-(t186, t5163)] y 2.1% (ST97, ST620,ST942 y ST12). Del total, 3 aislamientos (6.3%) fueron MRSA (*mecA*<sup>+</sup>): uno sin otra resistencia [clon CA-MRSA-USA300 (USA300-28/ST8-IVb/t596/*pvl*<sup>-</sup>/ACME<sup>-</sup>)] y dos con resistencia a Eritromicina (ERY), Clindamicina (CLI, *ermC*<sup>+</sup>, inducible/MLS*Bi*) y Gentamicina (GEN), los cuales fueron recuperados de ALC a base de mayonesa responsables de intoxicaciones alimentarias y pertenecientes al clon CA-MRSA-ST72-IV-(PFGE-R4/ST72-IVc-t1346); 9 aislamientos (19%) fueron resistentes a ERY y CLI (*ermC*<sup>+</sup>, MLS*Bi*) y pertenecientes a los linajes: ST8 (3), ST398 (3),ST72 (2) y ST942 (1); 3 aislamientos (6.3%) fueron resistentes a Tetraciclina [ST8/USA300 (2) y ST15 (1)] y 2 aislamientos (4.2%) resistentes a GEN (ST72). Estos resultados indican que los ALC pueden ser un vehículo para la diseminación de clones de *S. aureus* epidémicos y/o con RAM, asociados a la comunidad y al ganado (ST97 y ST398). La vigilancia molecular de los ALC es relevante como estrategia para el control de la transmisión de clones epidémicos y con RAM.

Palabras clave: clones, CA-MRSA, alimentos, intoxicación, ST398

**PRAT, Agustina (1), DI SANTO MEZTLER, Gabriela Paula (1), LEÓN, Laura Beltina (2), FAIT, María Elisa (1), MORCELLE, Susana Raquel (1)**

1 Centro de Investigación de Proteínas Vegetales (CIProVe-UNLP-Centro Asociado CACPBA), Departamento de Cs. Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina. 2 Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales Dr. Rodolfo Ertola (CINDEFI-UNLP-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina. [agustinaprat09@gmail.com](mailto:agustinaprat09@gmail.com)

El desarrollo de surfactantes ha generado compuestos multifuncionales que permiten una sencilla formulación de preparaciones farmacéuticas y/o cosméticas, por lo que su uso como excipientes se encuentra ampliamente difundido. Utilizando un sistema de producción ecoamigable y estrategias biocatalíticas, nuestro grupo ha sintetizado un surfactante derivado de arginina ( $N^{\alpha}$ -Benzoil-L-Arginina decilamida o Bz-Arg-NHC<sub>10</sub>) y caracterizado su actividad antibacteriana sobre cultivos planctónicos y biofilms jóvenes de *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 15442 (PA), *Staphylococcus aureus* ATCC 6538 (SA) y *Escherichia coli* ATCC 11229 (EC). En primer lugar, se estimaron las concentraciones inhibitorias y bactericidas mínimas (CIM y CBM, respectivamente) en células planctónicas empleando el método de dilución en microplaca. Los valores de CIM/CBM obtenidos fueron 100/300  $\mu\text{M}$  (PA), 35/87,5  $\mu\text{M}$  (SA) y 70/125  $\mu\text{M}$  (EC). A continuación, con el fin de caracterizar el efecto del surfactante sobre biofilms bacterianos, se evaluó la capacidad formadora de biofilms de los microorganismos en caldo nutritivo (CN, medio rico) y M63 (medio mínimo) suplementado con triptona y/o glucosa, cuantificando el biofilm formado por el método de cristal violeta (CV). Solo PA y SA fueron capaces de formar biofilms en las condiciones ensayadas, siendo el CN el medio más eficiente para este fin. Teniendo estos resultados en consideración, se estimó la concentración inhibitoria mínima para la formación de biofilms (CIMb) y la concentración de erradicación (CE) para estas cepas. PA evidenció una CIMb de entre 3 y 4 veces la CIM planctónica correspondiente (300-400  $\mu\text{M}$ ), con una CE de 9 veces este valor (900  $\mu\text{M}$ ). Por otro lado, para SA la CIMb se estimó en 2,5 veces la CIM correspondiente (87,5  $\mu\text{M}$ ), mientras que la CE sería mayor a 10 veces la CIM (>350  $\mu\text{M}$ ), que fue la máxima concentración del surfactante ensayada. Finalmente, empleando los valores de CIMb previamente obtenidos se evaluó el poder de disrupción de los biofilms preformados para diferentes tiempos de incubación con el surfactante, cuantificando el efecto por el método del CV. Los resultados preliminares evidenciaron un poder de disrupción proporcional al tiempo de incubación, con una reducción del biofilm del 24% en el caso de PA y del 32% para SA, luego de 2,5 h de exposición al surfactante a 37°C. La evidencia experimental recopilada hasta la fecha en estos ensayos sugiere la aplicación de Bz-Arg-NHC<sub>10</sub> como un agente antimicrobiano promisorio demostrando actividad biocida frente a bacterias tanto en estado planctónico como sésil.

Palabras clave: surfactantes, actividad antibacteriana, actividad antibiofilm, disrupción de biofilms

**BRITOS, M. Luciana (1), FARFÁN, Ramón A. (1). AUDISIO, M. Carina (1)**

1 Universidad Nacional de Salta - INIQUI -CONICET, Av. Bolivia 5.150, Salta. CP 4408FVY. [britosmluciana@gmail.com](mailto:britosmluciana@gmail.com)

El lapachol (HLap) de fórmula química [2-hidroxi-3(3-metil-2-butenil)-1,4-naftoquinona], es un producto extraído de la madera del árbol lapacho (*Tabebuia avellanedae*). Este compuesto tiene un amplio uso “popular” como producto medicinal, principalmente por su acción antiparasitaria y por presentar propiedades antibacterianas entre otras. Esta naftoquinona se utiliza como ligando principal en la síntesis de compuestos de coordinación con metales de transición (Zn, Mn, Co y Ni) y así buscar potenciar sus propiedades. El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto antagónico sobre cepas de transmisión comunitaria de *Staphylococcus aureus*. a través del cálculo de la concentración mínima inhibitoria (CIM) de los compuestos de coordinación de lapachol. Las cepas de *S. aureus* de origen clínico y ATCC, fueron cultivadas en caldo BHI a 37°C overnight. Se prepararon soluciones concentradas de los compuestos, todos ellos se solubilizaron en DMF y además el lapachol como el complejo de Zn se solubilizó en etanol. Para determinar la CIM se empleo el método de microdilución en caldo utilizando microplacas de 96 pocillos. Se realizaron diluciones sucesivas para tener un rango de concentraciones de 10 a 500 µg/mL de los complejos en caldo Mueller Hinton. En cada pocillo de la microplaca se agregó 100 µL de las diluciones y 5 µL del inóculo de las cepas (10<sup>5</sup> UFC/mL). También se prepararon controles de crecimiento de las cepas, controles de solventes y controles negativos. La CIM se estableció cuando en el pocillo no se observó turbidez y/o la formación del botón luego de 22-24 horas a 37°C. Además, se determinó el número de unidades formadoras de colonia (UFC/mL) por recuento en placa en donde la concentración de los complejos fue igual al valor de CIM y en los controles de crecimiento y solventes; para ello se tomaron alícuotas de cada uno de los pocillos luego de 22-24 horas de incubación a 37°C, se realizaron diluciones adecuadas, se sembraron en placas con agar Müller Hinton 2,2 % (p/v) y las células viables cultivables fueron determinadas luego de incubarlas 24 horas a 37°C. Se observó que la CIM estaba en un rango de 30-35 µg/mL y 25-35 µg/mL para el complejo de Zn disuelto en etanol y en DMF, respectivamente. Para el complejo de Co, Mn y Ni los valores de la CIM fueron de 50 µg/mL, 60 µg/mL y 70 µg/mL, respectivamente. En general luego del tratamiento, se apreció que el crecimiento disminuyó entre 1 o 2 órdenes y la cepa más sensible fue la ATCC 29213. Los solventes empleados para solubilizar los compuestos no afectaron *per se* el crecimiento de las cepas. Los resultados obtenidos son prometedores dado que demuestran que los complejos de lapachol con metales podrían ser empleados como nuevos agentes antibacterianos.

Palabras clave: Lapachol, complejo de coordinación, actividad antibacteriana.

**PELLEGRINI, Juan Leandro (1), GONZALEZ, María de los Ángeles (2), LÖSCH, Liliana Silvina (1), MERINO, Luis Antonio (1).**

1 Instituto de Medicina Regional, Universidad Nacional del Nordeste, Chaco, Argentina. 2 Estación Experimental Agropecuaria, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Las Breñas, Chaco, Argentina.

La aparición y diseminación de aislamientos de *Escherichia coli* resistentes a múltiples fármacos (MDR) en animales de consumo constituye una amenaza para la salud pública mundial, especialmente aquellos que presentan determinantes de resistencia transferibles como es el gen *mcr-1*. El objetivo fue determinar la prevalencia de *E. coli* resistente a colistina en granjas porcinas, detectar la presencia del gen plasmídico *mcr-1* y evaluar el perfil de sensibilidad respecto a otros antimicrobianos. Se realizó un estudio prospectivo, observacional y de corte transversal. Durante el periodo comprendido entre marzo de 2020 y abril del 2021, se estudiaron 4 establecimientos porcinos de la provincia de Chaco y se obtuvieron 90 hisopados rectales de cerdos aparentemente sanos de la categoría terminación. Las muestras fueron preincubadas en agua peptonada bufferada (pH=7.2 ± 0.2) durante 12 hs. a 37 °C. Posteriormente, se sembraron en Agar Mac Conkey con suplemento de 3 µg/mL de colistina (Sigma-Aldrich) y se incubó a 37°C durante 24 hs. La sensibilidad a colistina se evaluó según el método de dilución en agar (COLTEST®) y la concentración inhibitoria mínima (CIM) de los demás antibióticos se determinó por el método de microdilución en caldo mediante el sistema Sensititre®, de acuerdo con recomendaciones del CLSI y EUCAST. La detección del gen *mcr-1* se realizó por medio de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Se utilizó el programa SPSS versión 9.0 para el análisis estadístico de las variables de estudio. La edad promedio de los animales estudiados fue de 16 semanas (DS = 20,95) con un IC<sub>95</sub> entre 6 y 24 semanas y el peso promedio fue de 48,7 kilogramos (DS = 31,75) con un IC<sub>95</sub> entre 6 y 150 kilogramos. Se obtuvieron 14 (15,5%) aislamientos de *E. coli* a partir de 90 muestras fecales, de los cuales todos (100%) presentaron una prueba de COLTEST® positiva y valores de CIM de colistina ≥4 µg/mL. En 13 (93%) de los 14 aislamientos de *E. coli* resistente a colistina se detectó el gen *mcr-1*. El perfil de resistencia observado en otros antimicrobianos fue el siguiente: ampicilina 86% (12), ampicilina-sulbactam 71% (10), cloranfenicol 79% (11) ciprofloxacina 93% (13), levofloxacina 93% (13) y trimetoprima-sulfametoxazol 21% (3). Todos (100%) los aislamientos fueron sensibles a ceftazidima, cefotaxima, amikacina, imipenem y fosfomicina. Se observó que el 79% (11/14) de los aislamientos fueron categorizados como MDR. Según nuestro conocimiento, este es el primer estudio que describe la epidemiología molecular del gen *mcr-1* en aislamientos de *E. coli* multirresistentes en granjas porcinas del nordeste argentino.

Palabras clave: resistencia antimicrobiana, colistina, *mcr-1*.

## MANTENIMIENTO DE ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE LACTOBACILOS MICROENCAPSULADOS MEDIANTE UN PROCESO DE EMULSIFICACIÓN Y GELIFICACIÓN ENZIMÁTICA EN UNA MATRIZ PROTEÍNAS LÁCTEAS

**GARCÍA, María José (1,2), RUÍZ, Francesca Sofía (1,2), ASURMENDI, Paula (1,2), PASCUAL, Liliana (1,2), BARBERIS, Lucila (1,2)**

1 Departamento de Microbiología e Inmunología, UNRC. 2 IMBIAS (CONICET-UNRC). [mjgarcia@exa.unrc.edu.ar](mailto:mjgarcia@exa.unrc.edu.ar)

Los efectos benéficos de los microorganismos probióticos dependen de la conservación de la viabilidad para llegar en número suficiente al intestino. La microencapsulación de estos microorganismos es una estrategia biotecnológica para aumentar la viabilidad bacteriana. Además de los estudios de viabilidad es importante demostrar el mantenimiento de las propiedades benéficas de las cepas probióticas microencapsuladas. Las cepas de *Lactobacillus fermentum* L23 y *L. rhamnosus* L60 han sido previamente seleccionadas debido a que presentan múltiples propiedades probióticas. La producción de bacteriocinas por estos microorganismos les permite inhibir el crecimiento de una gran variedad de géneros bacterianos, de algunas levaduras y hongos toxicogénicos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el mantenimiento de la actividad antimicrobiana de *L. fermentum* L23 y *L. rhamnosus* L60 microencapsulados en una matriz de proteínas lácteas. El proceso de microencapsulación utilizado fue el de emulsificación y gelificación enzimática. Las microcápsulas fueron almacenadas a 4°C durante 120 días. A distintos intervalos de tiempo (0; 7; 15; 30; 45; 60; 90 y 120 días) se evaluó el mantenimiento de las propiedades antimicrobianas de los lactobacilos microencapsulados. Para ello, se realizó un cultivo de los lactobacilos recuperados de las microcápsulas en caldo MRS. Como control, se utilizó un cultivo de lactobacilos libres. El efecto inhibitorio producido por estos lactobacilos sobre diferentes cepas de *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* se evaluó mediante la técnica de estrías cruzadas. Por otro lado, se estudió la actividad antimicrobiana de los sobrenadantes libres de células (SLC) y SLC neutralizados (SLCN) de los lactobacilos sobre cepas de *E. coli* mediante el método de difusión en pozos. Los resultados de este trabajo mostraron que a lo largo del almacenamiento de las microcápsulas, los lactobacilos recuperados de las mismas presentaron actividad antimicrobiana sobre *S. aureus* y *E. coli*. Al final de la experiencia, se obtuvieron halos promedio de inhibición del crecimiento de *S. aureus* de 15,25 y 15,75 mm con la cepa L23 y L60, respectivamente. Mientras que sobre *E. coli*, los halos de inhibición hallados fueron de 19,62 y 19,00, respectivamente. Mediante la técnica de difusión en pozos no se observaron diferencias significativas entre la actividad antimicrobiana producida por los SLC de los lactobacilos libres y los recuperados de las microcápsulas ( $P > 0,05$ ). Los SLC de ambos lactobacilos recuperados de las microcápsulas a lo largo de la experiencia mantuvieron actividad antimicrobiana sobre *E. coli*. Los halos de inhibición del crecimiento estuvieron comprendidos en un rango entre 19,5 y 26,75 mm para L23, y entre 22,24 y 30,58 mm para L60. Cuando los SLC fueron neutralizados, se mantuvo más del 66% de la actividad antimicrobiana al final de la experiencia, demostrando que la mayor parte de la inhibición es debida a las bacteriocinas producidas por estas cepas. En conclusión, los hallazgos de este estudio permitieron demostrar que ambos lactobacilos recuperados de las microcápsulas conservaron la capacidad de producir metabolitos antimicrobianos durante un largo periodo de almacenamiento. La capacidad bacteriocinogénica se mantuvo inalterada luego del proceso de microencapsulación y posterior almacenamiento.

Palabras clave: Lactobacilos; Microencapsulación; Actividad antimicrobiana

**VALLEJO, Claudia Verónica (1), RODRÍGUEZ-VAQUERO, María José (1,2)**

1 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia – Universidad Nacional de Tucumán. UNT-CONICET, Ayacucho 471, Tucumán, Argentina. 2 CONICET- Argentina. [claudia.vallejo@fbqf.unt.edu.ar](mailto:claudia.vallejo@fbqf.unt.edu.ar)

Las levaduras son microorganismos deteriorantes de una gran variedad de alimentos, y poseen la capacidad de resistir condiciones ambientales adversas, tanto de pH como de temperaturas. Cuando crecen en jugos frutales, estos microorganismos afectan negativamente algunos parámetros sensoriales como el sabor, la turbidez y el olor del jugo natural, disminuyendo además la vida de estante. En este trabajo, se investigó el impacto de la adición de extractos fenólicos a diferentes concentraciones, sobre las propiedades organolépticas del jugo natural de frutilla y naranja, preparado de manera conjunta. Además, se evaluó la capacidad antimicrobiana de los extractos sobre levaduras contaminantes (*Hanseniaspora osmophila* y *Starmarella bacillaris*) aisladas de jugos de fruta naturales, durante siete días de almacenamiento a 4, 20 y 28°C en los jugos enriquecidos con polifenoles. Los resultados mostraron que la adición de compuestos fenólicos mantuvo con éxito la calidad sensorial del jugo de frutilla y naranja en comparación con el control fresco y sin aditivos. La adición de extractos fenólicos redujo el número de levaduras deteriorantes viables (reducciones de 2-7 ciclos logarítmicos) en comparación con los jugos naturales no adicionados con extractos fenólicos. Además, las puntuaciones generales de calidad organoléptica en jugos naturales adicionados con extractos fenólicos de frutillas *Camarosa* y *Albión* se mantuvieron en el nivel de aceptabilidad durante todo el almacenamiento (4, 20 y 28 °C). Por lo tanto, los compuestos fenólicos podrían mejorar la calidad microbiológica y sensorial del jugo de frutilla y naranja. La adición de extractos polifenólicos en jugos naturales de frutilla-naranja podría ser una alternativa para mejorar la calidad microbiológica con bajo impacto en las propiedades organolépticas del mismo.

Palabras clave: Polifenoles; Jugo de frutas; *Hanseniaspora osmophila*; *Starmarella bacillaris*.

**BLANCO, Héctor (1), ANDINA, María Laura (1), VARGAS, Juan Martín (2), MORENO MOCHI, Paula (2), JURE, María Ángela (2) y VIZOSO PINTO, María Guadalupe (1).**

1 Laboratorio de Biología de las Infecciones. INSIBIO (CONICET-UNT). Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Tucumán. 2 LABACER. Facultad de Bioquímica, Qca. Y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán. [hector33817@gmail.com](mailto:hector33817@gmail.com)

*Pseudomonas aeruginosa* es un patógeno oportunista que frecuentemente muestra baja susceptibilidad antibiótica. Uno de sus factores de virulencia está asociado con la capacidad formar biopelículas promoviendo el desarrollo de infecciones recalcitrantes. La fagoterapia emplea bacteriófagos líticos para tratar y controlar infecciones bacterianas. Los objetivos de este trabajo fueron aislar y caracterizar bacteriófagos líticos contra *P. aeruginosa* multirresistente y productora de biofilm. Alícuotas de aguas residuales de Bella Vista, Tucumán, se enriquecieron para fagos con 3 cepas *P. aeruginosa* en medio LB. Los fagos se aislaron picando placas de lisis individuales obtenidas con la técnica de doble capa de agar. Para la microscopía electrónica se obtuvieron lisados de alto título y se suspendieron en buffer  $\lambda$ . La actividad lítica de los fagos sobre células planctónicas se determinó midiendo la absorbancia en el tiempo. La biopelícula y su disrupción fueron determinadas con la técnica de tinción con cristal violeta y por determinación de UFC/ml. Se emplearon 3 cepas multirresistentes de *P. aeruginosa* con baja, mediana y alta capacidad formadora de biofilm (PAO1, Psa309 y Psa303, respectivamente). Se aislaron 3 fagos (PAO1-BV1, PA14-BV1 y PA325-BV1) de aguas residuales de Bella Vista cuyas placas de lisis fueron claras con y sin halo y con un diámetro  $<0.2$ mm. El análisis por microscopía electrónica de transmisión reveló características morfológicas compatibles con las familias *Siphoviridae* y *Myoviridae*. La amplitud de huéspedes de los fagos sobre 25 aislados clínicos para PAO-BV1, PA14-BV1 y PA325-BV1 fue amplia (23/25), moderada (10/25) y baja (6/25), respectivamente. PAO-BV1 fue seleccionado para los posteriores experimentos: determinación de la actividad lítica y disrupción de biofilm. En cultivos planctónicos la eficacia de lisis a distintas relaciones fago/bacteria (MOI, multiplicidad de infección) fue marcado sobre las cepas PAO1 (MOI 0,1 a 100) y Psa303 (MOI 10 y 100) y leve sobre Psa309 (MOI 100). Cuando se cuantificó la biomasa con la técnica de tinción con cristal violeta, el fago fue capaz de disrupir solo la biopelícula de la cepa Psa303 en todas las MOI testeadas con una reducción de un  $\sim 33\%$  respecto al control. Además, PAO-BV1 (MOI 10) redujo en 2 log las UFC/pocillo de la cepa Psa303 respecto al control sin tratamiento a las 24h. Estos resultados revelan que el fago logró controlar el crecimiento más eficazmente en los cultivos de células planctónicas lo que posiblemente se deba a la arquitectura de las biopelículas, que dificulta su acceso. Algunos fagos expresan enzimas capaces de degradar sustancias poliméricas extracelulares facilitando su ingreso en la matriz de la biopelícula. La disrupción la misma y la disminución del recuento observadas en la cepa Ps303 podría deberse a esta característica. En conclusión, se aislaron 3 fagos que fueron caracterizados morfológicamente por MET y según sus placas de lisis. Se seleccionó al fago con mayor amplitud de huéspedes y se evaluó su capacidad lítica en cultivos planctónicos y biopelículas. El comportamiento diferencial del fago sobre distintas cepas de *Pseudomona* con diferente capacidad de formar biofilm, indica la importancia de usar cócteles de fagos y de personalizar los tratamientos.

Palabras clave: bacteriófago, *Pseudomonas aeruginosa*, antimicrobianos, control alternativo

**GUITIÁN, María Virginia (1), ALFARO, Juan (2), BRAMARDI, Sergio (3), AUDISIO, Marcela Carina (1,2,4), IBARGUREN, Carolina (1,5)**

1 Instituto de Investigaciones para la Industria Química-CONICET-Universidad Nacional de Salta. Argentina. 2 Facultad de Ciencias Exactas-Universidad Nacional de Salta. Argentina. 3 Departamento de Estadística-Universidad Nacional del Comahue. 4 Facultad de Ingeniería-Universidad Nacional de Salta. Argentina. 5 Facultad de Ciencias de la Salud - Universidad Nacional de Salta. Argentina. [vickyquitian@gmail.com](mailto:vickyquitian@gmail.com)

Las bacteriocinas, péptidos antimicrobianos sintetizados por bacterias lácticas, han ganado interés como biopreservantes para el control de *Listeria monocytogenes* en alimentos. Su producción en medios sintéticos comerciales es poco rentable, por lo cual es primordial disponer de medios de bajo costo. Además, el uso de subproductos de la industria de alimentos como sustratos permite reducir contaminantes y maximizar la rentabilidad de las materias primas. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el comportamiento de distintos sustratos de grado alimenticio utilizados en la formulación de medios de cultivo alternativos sobre el crecimiento y la producción de bacteriocinas de la cepa *Enterococcus avium* DSMZ17511, con el fin de obtener preparados de bacteriocinas con potencial aplicación como biopreservantes de alimentos. Se probaron como sustratos: Harina de soja (HS), Harina de quinoa (HQ), Levadura de cerveza deshidratada (LC), Suero de queso deshidratado (SQ) y Melaza de caña de azúcar (M). El ensayo se realizó mediante un diseño factorial completo en dos bloques, cada factor (sustrato) se evaluó en dos niveles de concentración (0 y 3 %p/v), y la variable respuesta fue el diámetro del halo de inhibición ( $d_{\text{halo}}$ ). Se utilizó caldo BHI (infusión cerebro corazón) como medio de cultivo control. La cepa productora de bacteriocinas se inoculó e incubó (37 °C, 20 h) en cada medio, se recuperó el sobrenadante libre de células (SLC) y se determinó la actividad antimicrobiana mediante la técnica de difusión en agar usando *L. monocytogenes* 99/287 como cepa indicadora. Los datos de los  $d_{\text{halo}}$  obtenidos se procesaron en el software MINITAB 14. También se determinó la viabilidad de la cepa productora al momento de la inoculación ( $t_0$ ) para algunos sistemas testigo, y luego de 20 h de incubación para todas las combinaciones probadas. Los ensayos se realizaron por duplicado. En general, la síntesis de compuestos antimicrobianos se correlacionó con la producción de biomasa. Los ingredientes que favorecieron el crecimiento fueron HQ, HS, SQ y LC; mientras que la cepa no creció en el medio que solo contenía M. Los SLC de todas las combinaciones probadas presentaron actividad antimicrobiana, a excepción del medio que solo contenía M. La comparación de todas las medias de los  $d_{\text{halo}}$ , comprobó que M no produjo ningún efecto, mientras que HQ fue el medio con mejor efecto inhibitorio ( $d_{\text{halo medio}}=13,5$  mm), mientras que para el medio comercial BHI el  $d_{\text{halo medio}}$  fue de 17 mm. La mejor combinación de a pares, resultó ser HS+SQ ( $d_{\text{halo medio}}=14$  mm); la combinación HQ + HS también produjo un pequeño aumento respecto al medio HQ individual, pero no resultó significativo. Por último, se compararon los intervalos de confianza (95%) de  $d_{\text{halo medio}}$  para los tres medios con mejor respuesta inhibitoria, (HQ, HQ+HS, HS+SQ), sin que se observaran diferencias significativas. Este trabajo permitió identificar tres medios alternativos (HQ+HS, HS+SQ) con actividad antimicrobiana adecuada para su aplicación en preservación de alimentos, en medios de cultivos de grado alimenticio y con costo significativamente menor al medio comercial BHI.

Palabras clave: Bacteriocinas, *L. monocytogenes*, medios de cultivo

**ANDINA, María Laura (1), BLANCO, Héctor L. (1), SACUR, Jacinto A. (1), ARCE, Lorena P. (1), RODRIGUEZ VAQUERO, María José (2), VIZOSO PINTO, María Guadalupe (1).**

1 Laboratorio de Biología de las Infecciones. INSIBIO (CONICET-UNT). Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Tucumán. 2 Cátedra de Microbiología General. Inst. de Microbiología Dr. L. C. Verna. Facultad de Bioquímica, Qca. y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán. [lau\\_andina@hotmail.com](mailto:lau_andina@hotmail.com)

La infección por *Salmonella* produce una enfermedad bacteriana que afecta el tracto gastrointestinal (salmonelosis) y cuya transmisión ocurre por consumo de agua o alimentos contaminados. Los bacteriófagos podrían ser una alternativa para el biocontrol de *Salmonella* en alimentos, ya que no modifican las propiedades nutritivas ni organolépticas de los mismos, y son capaces de inhibir el crecimiento bacteriano. Los objetivos de este trabajo fueron aislar, identificar y caracterizar nuevos bacteriófagos, de acuerdo con la amplitud de huéspedes, la eficacia de plaqueo (EOP) y la actividad lítica *in vitro*; y evaluar la inhibición del crecimiento de *Salmonella* utilizando merengue como matriz alimentaria a 4 y 37°C. Tres bacteriófagos se aislaron a partir de muestras de aguas cloacales de San Miguel de Tucumán y Bella Vista enriquecidas en cultivos de *Salmonella enterica* serovar. Typhimurium ATCC14028. Las placas de lisis de los tres fagos aislados de distintas muestras, Sal400J, Sal400BV1 y Sal400BV2 producen placas de lisis muy similares: translúcidas y pequeñas (1mm de diámetro). El análisis por microscopía electrónica indicó que los tres fagos, de cabeza icosaédrica, son compatibles con el Orden *Caudovirales*, familia *Myoviridae*. Con respecto a la amplitud de huéspedes, los fagos Sal400J y Sal400BV1 son altamente eficientes (EOP: 0,6-1) y Sal400BV2 presentó baja eficiencia (EOP: 0,07-0,16) para las cepas *Salmonella sp.*, *Salmonella* Typhimurium ATCC14028, *S. Typhimurium* y *S. Enteritidis*. La actividad lítica de los fagos se analizó midiendo la absorbancia a 595 nm en cultivos cada hora, durante 12 horas utilizando una MOI (relación entre el título del fago y el recuento bacteriano) entre 0,001-100. El tratamiento del cultivo con Sal400J, a la máxima MOI analizada, presentó una disminución marcada en el crecimiento de *S. Typhimurium* ATCC14028 entre las 3 y 6 h, pero hacia el final del ensayo se observó una tendencia de aumento de la absorbancia. Los fagos Sal400BV1 y Sal400BV2 presentaron actividad lítica a las 9h, luego disminuyó paulatinamente su actividad. El fago Sal400J presentó la mayor actividad lítica por lo que se evaluó su capacidad de controlar el crecimiento de *Salmonella* Typhimurium ATCC14028 en merengue (MOI=100), luego de 24 h de incubación a 4 y a 37°C. A 4°C no se observó aumento de las UFC/ml con respecto al inóculo inicial ( $10^3$  UFC/ml) y el fago no fue capaz de reducir la carga bacteriana, sin embargo, Sal400J redujo diez veces la población a 37°C. En conclusión, se evaluó la especificidad de los fagos aislados y caracterizados frente a distintas cepas de *Salmonella*. La inhibición del crecimiento de *Salmonella* por Sal400J fue mayor y más rápida, logrando una reducción de 1 ciclo logarítmico en merengue. Aún quedan pendientes estudios de estabilidad de los fagos en ésta y otras matrices para evaluar cuales serían las condiciones óptimas para poder implementarlo en el control de *Salmonella sp.* en alimentos derivados de huevo. Sal400J sería un buen candidato para la formulación de un cóctel de fagos como una alternativa natural, inocua y económica para biocontrol de *Salmonella* en alimentos.

Palabras clave: *Salmonella*, bacteriófagos, alimentos, control de patógenos

**NOVOSAK, Marina Gisel (1), SCREPNIK, Paula Daniela (2), WINNIK, Daniana Lilian (2), DELGADO Osvaldo (3,4), SAMPIETRO Diego Alejandro (5), LACZESKI Margarita Ester (1, 6), QUIROGA Marina Inés (1)**

1. Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, CONICET, Departamento de Microbiología, Cátedra de Bacteriología, Misiones, Argentina. 2 Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Departamento de Microbiología, Cátedra de Bacteriología, Misiones, Argentina. 3 Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI-CONICET), Tucumán, Argentina. 4 Universidad Nacional de Catamarca, Centro de Biología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Catamarca, Argentina. 5 Universidad Nacional de Tucumán, LABIFITO, CONICET, San Miguel De Tucumán, Argentina. 6 Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, CONICET, Instituto de Biotecnología de Misiones "Dra. María Ebe Reca", Misiones, Argentina. [marinanovosak2008@gmail.com](mailto:marinanovosak2008@gmail.com)

*Streptococcus* del grupo B (SGB; *Streptococcus agalactiae*) es uno de los principales responsables de infecciones invasivas en neonatos. Además, SGB se asocia a infecciones en gestantes y adultos con patologías predisponentes. La penicilina sigue siendo el antibiótico de elección para el tratamiento de estas infecciones, sin embargo, se informaron casos de cepas tolerantes o con sensibilidad disminuida y un aumento de la resistencia a antibióticos de segunda línea. La necesidad de contar con nuevas alternativas para el tratamiento promueve la investigación de plantas medicinales de la provincia de Misiones como fuentes potenciales de metabolitos con actividad antibacteriana. Nuestro grupo de trabajo anteriormente demostró que el extracto etanólico foliar de *Eugenia uniflora* L. inhibe crecimiento de SGB. El objetivo de este trabajo fue separar los constituyentes antibacterianos responsables de esa actividad. Una columna cromatográfica (32 cm de longitud x 1,5 cm de diámetro) se empaquetó con 9 gramos de sílica gel 60 de 0,040 – 0,063 mm (Merck KGaA, Germany). La misma se sembró con 300 mg de materia seca del extracto, eluyéndose posteriormente con una serie eluotrópica consistente en 20 ml de acetato de etilo, 20 ml de acetato de etilo-metanol (95:5, v/v), 20 ml de acetato de etilo-metanol (90:10), 20 ml de acetato de etilo-metanol (85:15), 20 ml de acetato de etilo-metanol (80:20), y 20 ml acetato de etilo-metanol (50:50). El eluido se recolectó en tubos. Las fracciones recolectadas se agruparon según similitud de composición establecida a través de cromatografías en capa fina (TLC) en sílica gel 60 F254 (Merck KGaA, Germany) desarrolladas con acetato de etilo-metanol (9:1, v/v). Los cromatogramas se observaron bajo luz visible, UV<sub>254</sub> nm, UV<sub>365</sub> nm, y bajo UV<sub>365</sub>nm luego del revelado con ácido difenilborico 2-aminoetil éster (reactivo NP). Esto permitió recuperar 6 grupos de fracciones (F1-F6) cuya actividad antibacteriana se ensayó por difusión en agar desde discos. F3 fue la única fracción capaz de generar halo de inhibición, el cual alcanzó los 14 mm. El factor de retención (Rf) de la fracción 3 fue 0,70 y el revelado químico evidenció la presencia de un compuesto color naranja. Concluimos que F3 contiene una molécula probablemente flavonoide responsable de la actividad antibacteriana del extracto etanólico foliar de *Eugenia uniflora* L. Nuestros resultados sugieren que debe investigarse el uso del extracto de esta planta en el desarrollo de nuevas terapias antibacterianas contra SGB. Se procederá a completar purificación del agente bacteriano presente en F3 y caracterizar su estructura molecular.

Palabras clave: *Streptococcus agalactiae*, *Eugenia uniflora* L., Cromatografía en columna, Flavonoides.

**OLIVIERI, Laura (1), BERGESE, Silvina (1), SCHNEIDER, Ana (1), FOX, Bárbara (1), MALDONADO, Ivana (1), FERNANDEZ CANIGIA, Liliana (1).**

1 Sector Microbiología, Laboratorio Central, Hospital Alemán. [lolivieri@hospitalaleman.com](mailto:lolivieri@hospitalaleman.com)

Los Enterobacteriales productores de carbapenemasas (CPE) son un problema para la salud pública, son de difícil tratamiento y están asociados a altas tasas de mortalidad, especialmente en pacientes hospitalizados. El objetivo del estudio fue comparar la prevalencia de CPE recuperados de muestras clínicas de pacientes internados en la era pre-COVID-19 y COVID-19 en Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) y en sala general (no UCI). Estudio retrospectivo y descriptivo donde se incluyeron aislamientos de Enterobacteriales de pacientes adultos internados en las eras preCOVID-19 (1/12/2018 a 31/03/2020) y COVID-19 (1/04/2020 a 31/07/2021). La identificación fue realizada por MALDI-TOF MS y las pruebas de sensibilidad por método automatizado BD Phoenix™ y por difusión con discos. La sensibilidad a colistin se evaluó con el método de predifusión. A los aislamientos resistentes a carbapenemes se les realizó la prueba de discos combinados para detectar producción de carbapenemasas de tipo KPC y MBL, y ensayos inmunocromatográficos (K-SeT, Britania) para OXA-163 y OXA-48. Durante la era preCOVID-19 se recuperaron 259 aislamientos de Enterobacteriales en UCI y 2171 en no UCI. Se detectaron 44 CPE de tipo KPC (16 en UCI y 28 en no UCI), 3 de tipo MBL (en no UCI) y 1 de tipo OXA-163 (en UCI). Los CPE aislados en UCI fueron 17/259 (7%), 69% correspondieron a *Klebsiella pneumoniae* y 31% a *Enterobacter complejo cloacae*. En no UCI se aislaron 31/2171 (1%) de CPE, siendo *Klebsiella pneumoniae* (68%) la especie predominante. En la era COVID-19 se recuperaron 398 aislamientos de Enterobacteriales en UCI y 1420 en no UCI. Se detectaron 93 CPE de tipo KPC (64 en UCI y 29 en no UCI) y 5 de tipo MBL (en no UCI). Los CPE aislados en UCI fueron 64/398 (16%,  $p < 0,001$ ), con igual distribución de especies que en el período anterior, 70% de *Klebsiella pneumoniae* y 25% de *Enterobacter complejo cloacae*. En no UCI se aislaron 34/1420 (2%,  $p = 0,03$ ) CPE, predominando *Klebsiella pneumoniae* (91%). Para las eras preCOVID-19 y COVID-19, respectivamente, los CPE de UCI fueron aislados principalmente de muestras de orina (47% y 19%), respiratorias (27% y 22%) y sangre (13% y 28%). En no UCI, en ambos períodos se aislaron CPE fundamentalmente de muestras de orina (53% y 65%, respectivamente). El perfil de sensibilidad de los aislamientos de CPE en ambos períodos fue similar para UCI y no UCI. La sensibilidad global fue de 80% para colistin, 76% para amikacina y 100% para tigeciclina. El 100% de los productores de KPC fue sensible a ceftazidima/avibactam en la era preCOVID-19, y el 97% en la era COVID-19. En la era COVID-19 aumentó significativamente la prevalencia de CPE respecto a la era preCOVID-19, especialmente en UCI ( $p < 0,001$ ), con más casos de bacteriemia. Durante el período de estudio, la carbapenemasa predominante fue KPC, no se detectaron doble productores de carbapenemasas, y la especie de CPE más frecuente fue *Klebsiella pneumoniae* independientemente del área de internación.

Palabras clave: Enterobacteriales, carbapenemasas, resistencia, COVID-19, KPC

**GALVEZ-FIGUEROA, Ofelia (1,2)^, CASTELÁN-VEGA, Juan Arturo (1), REYES-GASTELLOU, Abraham (1), RIBAS-APARICIO, Rosa María (1), APARICIO-OZORES, Gerardo (2)\***

1 Laboratorio de Producción y Control de Biológicos "Dr. Mario González y Pacheco", Departamento de Microbiología. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Instituto Politécnico Nacional. 2 Laboratorio de Bacteriología Médica, Departamento de Microbiología. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Instituto Politécnico Nacional. ^Autor de presentación: [ogalvezf@ipn.mx](mailto:ogalvezf@ipn.mx) \*Autor de correspondencia: [gaparici@hotmail.com](mailto:gaparici@hotmail.com)

Dentro de todos los mecanismos de resistencia existentes, las  $\beta$ -Lactamasas de Espectro Extendido (BLEE), es uno de los mecanismos mayormente extendido entre bacterias multidrogosresistentes (MDR), lo que ocasiona que las opciones terapéuticas se reduzcan considerablemente. La familia de  $\beta$ -Lactamasas tipo GES se describió por primera vez en 2001, habiendo 49 variantes reportadas hasta el momento; de las cuales 13 tienen actividad contra carbapenémicos, que son la última opción de tratamiento para patógenos como *Pseudomonas aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii*. En este trabajo mediante análisis bioinformáticos se caracterizó una secuencia nucleotídica no reportada identificada como *bla*<sub>GES</sub>. Al compararla con la secuencia de referencia perteneciente a GES-1, se identificó un cambio en la posición 26 de la secuencia lineal, dando como resultado un cambio de una treonina por una alanina. Con esta sola mutación presente, hace que el movimiento de la proteína en general sea mayor. Aunque la mutación se encuentra presente en una hélice externa, al tener un aminoácido más pequeño en esa área, permite que la proteína tenga mayor movimiento, teniendo un impacto en el sitio activo ya que, este tiene una oscilación diferente de una manera más notable que el sitio activo GES-1. Con esto, se puede conjeturar que esta variante no reportada, podría tener un espectro de acción distinto a GES-1, además de ser la primera variante de esta familia en tener una mutación en una hélice externa que tiene impacto en el sitio activo.

Palabras clave: BLEE, GES, carbapenemasas, nueva variante

**VALLEJOS, Alicia Cecilia (1,2), PONDAL, Yolanda Beatriz (1), DURANDAL, Mónica Graciela (1), BILAVCIK, Carlos Fabian (1), PIDUTTI, Agostina (1), CANCINO, D. Luciana Nataly (1), FLORES, Silvia Andrea (1)**

1 Unidad de Microbiología del Hospital Eva Perón, Banda del Río Salí, Tucumán, Argentina. 2 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán. [alicia.vallejos@fbqf.unt.edu.ar](mailto:alicia.vallejos@fbqf.unt.edu.ar)

La diarrea es una de las infecciones que presenta una alta morbilidad en los países subdesarrollados, afecta a personas de todos los sexos y edades especialmente a niños menores de 5 años donde existe una alta tasa de consulta y hospitalización. Si bien en la mayoría de los casos es autolimitada y no requiere tratamiento antimicrobiano, el diagnóstico microbiológico es necesario para determinar la etiología. En la shigellosis el uso de antibióticos ha demostrado ser útil en la reducción de la duración de la enfermedad, morbimortalidad y el periodo de excreción bacteriana. Nuestro objetivo fue estudiar la prevalencia de los agentes etiológicos de las diarreas de los pacientes atendidos en el hospital Eva Perón y determinar el perfil de sensibilidad antibiótica en los aislamientos de modo de evaluar la evolución de la resistencia en el periodo estudiado. Este es un estudio retrospectivo descriptivo donde se analizaron 2423 coprocultivos de pacientes ambulatorios e internados, con diagnóstico clínico de diarrea aguda, que concurren al Hospital Eva Perón de Tucumán en el periodo de enero de 2018 a diciembre de 2020, del total de muestras procesadas, 745 fueron positivas. Se aislaron: *Shigella* spp 598 (80.26 %), *Campylobacter* spp 114 (15.3%), *Salmonella* spp 32 (4.29%) y *Aeromonas* spp 2 (0.13%). En cuanto a la sensibilidad antimicrobiana de *Shigella flexneri*: el 87.36 % (401) presentaron resistencia a Ampicilina (AMP), mientras que la resistencia a Trimetoprima-Sulfametoxazol (TMS) fue del 39.43% (181). Hubo dos aislamientos de *Shigella flexneri* en los que se detectó la presencia de beta lactamasa de espectro extendido (BLEE) mediante la Cepodoxima (CPD) que fue resistente, la resistencia a Ciprofloxacina (CIP) se detectó en 1 caso y la resistencia a Fosfomicina (FOS) y Furazolidona (FD) en 2 aislamientos. En *Shigella sonnei* el 37,96 % (108) presentó resistencia a Ampicilina (AMP), la resistencia a Trimetoprima-sulfametoxazol (TMS) fue del 24.07 % (26) y se detectó en 1 caso la resistencia a CIP. No detectamos resistencia a FD, FOS ni CPD. El enteropatógeno de mayor prevalencia fue *Shigella* spp coincidiendo con otros reportes, la especie más aislada fue *Shigella flexneri* en segundo lugar *Shigella sonnei*, se detectó altos niveles de resistencia a AMP seguida de TMS. Es importante conocer la resistencia local y los agentes etiológicos al momento de decidir el tratamiento empírico, previniendo la emergencia de resistencias.

Palabras clave: diarreas, enteropatógenos, resistencia antimicrobiana

## EVALUACIÓN DE SINERGISMO ENTRE EXTRACTO DE *Schinopsis lorentzii* Y CEFOTAXIMA SOBRE *Salmonella enterica* serovar. Typhimurium MEDIANTE MODELOS NO LINEALES MIXTOS

**TINTI, Mariano Guillermo (1), VICO, Juan Pablo, ZARAZAGA, María del Pilar (1), HIMELFARB, Martín Alejandro (1), AGUILAR-SOLÁ, María Soledad (1), LITTERIO, Nicolás Javier (1), LORENZUTTI, Augusto Matías (1)**

1 IRNASUS CONICET-Universidad Católica de Córdoba. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Correo: [marianotinti@gmail.com](mailto:marianotinti@gmail.com)

Son necesarias nuevas opciones y alternativas para combatir el problema de la resistencia a los antimicrobianos convencionales (AC), lo cual ya ha sido reiterado por múltiples organismos internacionales de salud pública. En esta búsqueda, la flora nativa argentina supone una fuente poco explorada que ya cuenta con especímenes identificados con actividad antimicrobiana intrínseca. El objetivo de este estudio fue determinar el sinergismo de la combinación de cefotaxima (CTX) junto a un extracto vegetal (EV) proveniente de *Schinopsis lorentzii* (quebracho colorado santiagueño) frente a *S. Typhimurium* ATCC 14028. Dicha combinación surgió de resultados de un screening previo que incluyó 167 EV de plantas nativas de la provincia de Córdoba en combinación individual con 10 AC considerados de importancia crítica. Los EV se obtuvieron mediante extracción etanólica por 24-48 horas a partir de los restos secados y pulverizados de cada planta. El método para evaluar el sinergismo entre la combinación CTX+EV fue la microdilución en caldo Mueller-Hinton, con evaluación de las curvas de crecimiento mediante la medición seriada de la densidad óptica (DO), que es proporcional número de bacterias en suspensión, en el sistema Bioscreen C (Growth Curves, Finlandia). Se cargaron placas Honeycomb de 100 pocillos con diluciones de CTX+EV en un diseño tipo tablero de ajedrez para determinar el impacto del EV sobre la potencia de CTX frente a *S. Typhimurium*, que fue inoculada por último. Las placas se incubaron 24 horas a 37,5°C y se midió la DO a intervalos de 15 minutos durante todo el proceso. Se llevó a cabo una modelización farmacocinética/farmacodinámica a partir de las curvas de DO vs. tiempo, utilizando modelos no lineales mixtos con el software Monolix Suite 2020R1 (Lixoft, Francia). El modelo utilizado fue el siguiente:

$$\frac{dDO}{dt} = k_g * dkg * \left(1 - \frac{DO}{DO_{max}}\right) * DO - k_{max} * \left[\frac{C^\gamma}{(C^\gamma + EC50^\gamma)}\right] * DO$$

Donde  $k_g$  es la tasa de crecimiento neto de DO;  $dkg$  es el retraso en el inicio de la fase de crecimiento exponencial;  $DO_{max}$  es el valor máximo de DO en la fase estacionaria;  $k_{max}$  es la tasa máxima de muerte;  $EC50$  es la concentración que produce el 50% del efecto máximo y  $\gamma$  es el factor de sigmoidicidad. La concentración de EV fue incluida en el modelo como covariable para evaluar su efecto sobre los parámetros del modelo. El mismo mostró un buen ajuste y capacidad predictiva, donde la mayoría de los valores observados estuvieron dentro del 95% del intervalo de predicción. La concentración de EV redujo significativamente la DO observada a las 24 h ( $DO_{max}$ ;  $p=0,0011$ ) y además produjo incrementos en el valor de DO a tiempo 0 ( $p<2,2e-16$ ). La reducción de la  $DO_{max}$  podría deberse a un efecto de sinergismo de la combinación CTX+EV, lo que resulta en una mayor reducción de la misma que con CTX sola. Por otra parte, el incremento de la DO inicial a concentraciones crecientes de EV puede explicarse por la DO del mismo, que es mayor a la del caldo utilizado. Se realizarán posteriores estudios para identificar el/los principios activos causantes de esta interacción que permitan desarrollar estrategias terapéuticas para incrementar la vida útil de la CTX.

Palabras clave: Modelos no lineales mixtos; Sinergismo; Extracto vegetal; Farmacodinamia; Resistencia a los antimicrobianos

KACHUK, Analía (1), WINNIK, Daniana (1), SCREPNIK, Paula (1), SCHENHOLT, Gloria (1), TANOVICH, Cecilia(1), CUBILLA, Mariana (1), CORTESE, Julieta (2), ONETTO Andrea (2), Marina, Novosak (1), Oviedo, Patricia (1), LACZESKI, Margarita(1, 2)

1 Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. 2 Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, CONICET, Instituto de Biotecnología de Misiones "Dra. María Ebe Reca", Misiones, Argentina. 3 Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, CONICET, Departamento de Microbiología, Cátedra de Bacteriología, Misiones, Argentina. [mlaczeski@gmail.com](mailto:mlaczeski@gmail.com)

El aumento de la resistencia a los antimicrobianos representa un problema de salud pública a nivel mundial, esto genera una reducción de las opciones terapéuticas disponibles y obliga a la investigación y desarrollo de nuevas alternativas terapéuticas. Para la OMS la búsqueda de nuevos antimicrobianos representa una prioridad y las especies vegetales, por su diversidad, constituyen una importante fuente de posibles sustancias activas contra numerosas bacterias. *Ilex paraguariensis* St. Hil. (yerba mate) es una especie autóctona de interés agronómico y cultural para la provincia de Misiones con demostrada actividad antimicrobiana. El objetivo de este trabajo fue determinar la actividad antibacteriana de extractos foliares etanólicos de yerba mate sobre bacterias portadoras de mecanismos de resistencia a antibióticos. Inicialmente, las hojas de *Ilex paraguariensis* St. Hil se trataron durante 30 seg con agua a 100°C y se secaron a temperatura ambiente. Las hojas secas fueron molidas y luego tratadas a diferentes tiempos y temperaturas: 1) Sin tratamiento; 2) estufa a 50°C durante 30 min; 3) 80°C durante 30 min y 4) 80°C durante 60 min. Los extractos se obtuvieron por digestión a 37°C utilizando como solvente alcohol comercial (96%). Las cepas bacterianas estudiadas fueron: *Staphylococcus aureus* ATCC 43300, *Enterococcus faecalis* ATCC 51299, *Klebsiella pneumoniae* BAA-2342 y cepas clínicas de *Enterococcus faecium* CB10821 vancomicina resistente, *Providencia rettgeri* (productora de metalo-beta-lactamasa NDM), *Klebsiella pneumoniae* CB20821 (productora de metalocarbapenemasa), *Acinetobacter baumannii* CB030821 con resistencia extrema. La dosis inhibitoria Mínima (DIM) se evaluó por el método de difusión con discos; las dosis efectivas utilizadas fueron 8; 4; 2; 1; 0,75; 0,5 y 0,25 mg disco<sup>-1</sup>. Como controles positivos se utilizaron discos de Cefoxitina 30 µg (Britania, Argentina), Colistin 10 µg (BD BBL, USA) y TMS 25 µg (Thermo Scientific, USA) y como controles negativos discos con dimetil sulfóxido (DMSO – Biopack, Argentina). Los resultados para cada extracto fueron: 1) DIM=2 mg disco<sup>-1</sup> frente a *S. aureus* ATCC 43300, *K. pneumoniae* BAA-2342, *Providencia rettgeri* y *K. pneumoniae* CB20821; 2) DIM=2 mg dico<sup>-1</sup> frente a *S. aureus* ATCC 43300, *Providencia rettgeri* y *A. baumannii* CB030821; 3) DIM=2 mg disco<sup>-1</sup> frente a *S. aureus* ATCC 43300; DIM=0,75 mg disco<sup>-1</sup> frente a *Providencia rettgeri*; DIM= 8 mg disco<sup>-1</sup> frente a *K. pneumoniae* CB20821 y DIM=0,5 mg disco<sup>-1</sup> frente a *K. pneumoniae* BAA-2342 y; 4) DIM=2 mg disco<sup>-1</sup> frente a *S. aureus* ATCC 43300 y *Providencia rettgeri* y DIM=8 mg disco<sup>-1</sup> frente a *K. pneumoniae* CB20821. Estos resultados sugieren que la yerba mate es una fuente potencial de agentes antimicrobianos para ser aplicados en el tratamiento de infecciones causadas por patógenos con determinados mecanismos de resistencia. En etapas siguientes se separarán los metabolitos activos de los extractos con técnicas cromatográficas y se realizará la identificación de los compuestos.

Palabras clave: Yerba mate, Extractos vegetales, Dosis Inhibitoria Mínima, Actividad antimicrobiana, Resistencia a antibióticos.

**CORLETO, Merlina (1,2), MAFFÍA, Paulo (1,2)**

1. Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Hurlingham. 2 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). [merlinaaimc@gmail.com](mailto:merlinaaimc@gmail.com)

*Cannabis sativa* representa una fuente interesante de agentes antibacterianos para abordar el problema de la multi-resistencia a antibióticos en bacterias patógenas, principalmente en bacterias resistentes a los antibióticos, en particular *Staphylococcus aureus* multi resistente (MRSA) y otras bacterias patógenas. Hoy en día existen variedades diferentes de esta planta que producen altas concentraciones de cannabinoides no psicotrópicos y terpenos muy diversos, que inclusive han demostrado de manera preliminar actividad anti microbiana y anti inflamatoria en diferentes modelos experimentales. De las familias de compuestos presentes en la planta de cannabis, ha habido un fuerte interés en entender los efectos de los cannabinoides y, en particular, de delta-9-tetrahidrocannabinol ( $\Delta^9$ -THC ó THC) y cannabidiol (CBD). El objetivo principal del presente trabajo es evaluar *in vitro* la actividad antimicrobiana del cannabinoide no psicoactivo CBD con vistas a su posible formulación como principio activo para aplicación tópica. En particular se propone evaluar su actividad principalmente en *Staphylococcus aureus*, y en otras bacterias Gram positivas y Gram negativas. Se realizaron ensayos de concentración inhibitoria mínima en placas de 96 pocillos y en tubos frente a la cepa de referencia *S. aureus* ATCC25923. El CBD utilizado fue extraído en dimetil sulfóxido (DMSO) a partir del aceite puro de CBD al 5% y al 10% provisto por la empresa danesa CIBID®. En estos ensayos pudimos observar que inclusive en concentraciones de 0,015% el CBD inhibía el crecimiento de *S. aureus* evaluado a las 24 hs. Como control se usaron concentraciones equivalentes de DMSO (sin CBD) en todos los ensayos. Posteriormente se realizaron ensayos de cinética de muerte a diferentes concentraciones en un lapso de 24 h. En estos ensayos también se puede observar que el principio activo CBD va disminuyendo gradualmente su actividad en función de las concentraciones decrecientes del mismo, y no presenta un comportamiento de tipo todo o nada por encima o debajo de la CIM. Por último se evaluó la actividad del CBD en un rango de concentraciones entre 0,5 y 0,004 % en *Streptococcus zooepidemicus* (aislado veterinario), *Escherichia coli* ATCC25922, *Pseudomonas aeruginosa* (aislado clínico M13513) y *Bacillus subtilis*. En estos ensayos pudimos observar que el CBD posee marcada actividad antimicrobiana en Gram positivas y no tanto en negativas, en concordancia con reportes previos. El cannabinoide CBD posee marcada actividad antimicrobiana *in vitro* frente *S. aureus*, *S. zooepidemicus* y *B. subtilis*. Por lo que podría ser considerado un posible principio activo principalmente en formulaciones de aplicación tópica, entre otras.

Palabras clave: cannabidiol, antimicrobiano, Gram-positivas, Gram-negativas

**RABANAL-SANCHEZ, Jhonatan (1)**1 Universidad Peruana Cayetano Heredia. [jhonatan.rabanal@upch.pe](mailto:jhonatan.rabanal@upch.pe)

La proteína PonA1 regula la morfología y el crecimiento bacteriano; probablemente mediante su interacción con otras proteínas, entre ellas la RipA. Diversos estudios han determinado que algunos polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) o alteraciones en la actividad de las subunidades transglicosilasa (TG) o transpeptidasa (TP) de PonA1 alteran la tolerancia de *Mycobacterium tuberculosis* a rifampicina. El objetivo fue identificar polimorfismos de un solo nucleótido en el gen ponA1 de *M. tuberculosis* asociados estadísticamente a la resistencia a rifampicina. Este estudio analizó tres bases de datos secundarias de 914 genomas de *M. tuberculosis*, los cuales fueron obtenidos a partir de muestras tomadas a pacientes de las ciudades de Lima y Callao. Para determinar la asociación estadística se utilizaron las siguientes pruebas estadísticas: prueba de Chi-Cuadrado, razón de prevalencias (RP) y odds ratio (OR). Se encontró que la presencia de al menos un SNP en el gen ponA1 está asociado estadísticamente a la resistencia a rifampicina (valores de  $p$  de la prueba de Chi-Cuadrado y OR  $<0,05$ ) y es más probable encontrar un SNP de este gen en cepas sensibles que en cepas resistentes a rifampicina (valor de  $p$  de la RP  $<0,05$ ). Asimismo, se encontraron dos SNPs (P631S y A516T) asociados estadísticamente a la resistencia a rifampicina (valores de  $p$  de la prueba de Chi-cuadrado y OR  $<0,05$ ). Nuestro estudio propone que el SNP P631S reduce el fitness de esta bacteria probablemente mediante una disminución en la capacidad de PonA1 de unirse a RipA, ya que un estudio previo encontró que este SNP altera la unión de la región C-terminal de PonA1 con la proteína RipA. Debido a este menor fitness, las cepas con el SNP P631S serían menos tolerantes a rifampicina y explicaría su mayor frecuencia en cepas sensibles. Sin embargo, las cepas resistentes a rifampicina probablemente deben haber desarrollado mutaciones que compensen esta pérdida del fitness, ya que este SNP también está presente en cepas resistentes, aunque en menor frecuencia. El SNP A516T es más probable en cepas resistentes que en sensibles a rifampicina, lo opuesto se encontró en el SNP P631S (valor de  $p$  de la RP  $<0,05$ ). Nuestro estudio propone que el SNP A516T alteraría la actividad transpeptidasa de PonA1 lo cual produciría cambios fenotípicos que se verían reflejados en una mayor tolerancia a rifampicina. Nuestra hipótesis guarda relación con los resultados de un estudio previo que encontró que cepas de *M. tuberculosis* con un SNP en el TP (Q365H) presentaron 4 a 6 veces más porcentaje de supervivencia a una concentración de 0,00125  $\mu\text{g/ml}$  que las cepas wild-type. Además, las cepas con esta mutación presentaron un MIC de 0.0025  $\mu\text{g/ml}$ , el cual es dos veces mayor a lo encontrado en cepas wild-type. Los SNPs P631S y A516T están asociados estadísticamente a la resistencia a rifampicina y podrían generar cambios fenotípicos, lo cual podría alterar la tolerancia a rifampicina.

Palabras clave: rifampicina, tuberculosis, resistencia antimicrobiana, proteína PonA1.



# **MICROBIOLOGÍA DE LAS INFECCIONES**



## CARACTERIZACIÓN GENÓMICA Y DE LA VIRULENCIA DE CEPAS DE *Klebsiella pneumoniae* ST25 HIPERMUCOVISCOSAS PRODUCTORAS DE KPC-2 AISLADAS EN EL NOROESTE DE ARGENTINA

CORTEZ ZAMAR, Juan (1), ALBARRACIN, Leonardo (1), VARGAS, Juan Martín (2), DENTICE MAIDANA, Stefania (1), JURE, María Angela (2), VILLENA, Julio (1)

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA), CONICET, Argentina. 2 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán, Argentina. [juancorzamar@gmail.com](mailto:juancorzamar@gmail.com)

En el noroeste de Argentina se ha detectado recientemente la aparición y propagación de cepas de *Klebsiella pneumoniae* hipermucoviscosas productoras de KPC-2 pertenecientes al secuencio tipo (ST) 25, las cuales se han asociado a infecciones nosocomiales. El primer objetivo de este trabajo fue realizar la secuenciación del genoma completo de dos cepas de *K. pneumoniae* ST25 aisladas de pacientes hospitalizados para analizar genes asociados a resistencia a los antimicrobianos (RA), factores de virulencia y colonización. Se aplicaron métodos microbiológicos estándar para aislar a *K. pneumoniae* LABACER 01 (Kp01) de una muestra de tejido óseo y *K. pneumoniae* LABACER 27 (Kp27) del tracto respiratorio. Las bacterias se identificaron mediante MALDI-TOF y la secuencia de los genomas completos se realizó mediante Illumina MiSeq. La anotación y la predicción de genes se realizaron empleando PGAP y RAST. El análisis reveló un genoma de 5.598.020 pb para Kp01, con 19 genes asociados a RA y un genoma de 5.622.382 pb, con 20 genes de RA en Kp27. El análisis bioinformático también predijo regiones genómicas asociadas a factores de virulencia. En el genoma de Kp01 se detectaron los genes *mrkA-F* y *ecpD* (asociados a adhesión), *iutA*, *iroN*, *entB*, *entS* y *entH* (adquisición de hierro), *fepB-D* (enterobactina férrica) y *cyoA/B*, *tamA/B*, *hemN* y *gltB* (asociados a colonización de la mucosa intestinal). El genoma de Kp27 presentó los genes de virulencia *ycfM*, *mrkD*, *kpn* y *entB*, así como *rfaH*, *copA*, *aroE*, *ilvD* y *purH*, asociados a factores de patogenicidad involucrados en las infecciones respiratorias. El segundo objetivo de este trabajo fue evaluar la virulencia Kp01 y Kp27 en un modelo murino. Ratones Suizos de 6 semanas de edad fueron desafiados por vía nasal con  $10^8$  células de Kp01 o Kp27, y se evaluó la colonización y el daño pulmonar, así como la inmunidad respiratoria a los dos días post-infección. Tanto Kp01 como Kp27 se detectaron en los pulmones de ratones infectados, sin embargo, los recuentos para Kp01 fueron significativamente más altos que Kp27 ( $p < 0,05$ ). Los niveles de LDH y albúmina en muestras de lavado bronco-alveolar fueron significativamente más altos en los ratones infectados con Kp01 que en los desafiados con Kp27 ( $p < 0,05$ ), indicando mayor daño celular y mayor alteración de la barrera alveolo-capilar. Solo Kp01 fue detectada en los hemocultivos. Ambas cepas incrementaron los niveles de neutrófilos, macrófagos, TNF- $\alpha$ , IL-1 $\beta$ , IL-6, KC, MCP-1, IFN- $\gamma$  e IL-17 en el tracto respiratorio y en sangre, siendo el efecto de Kp01 más marcado que el de Kp27. Los estudios genómicos e *in vivo* indican que Kp01 es una cepa más virulenta e invasiva que Kp27. Los resultados también sugieren que Kp27 estaría más adaptada para colonizar el tracto respiratorio, induciendo menos inflamación para evitar su eliminación por el sistema inmunológico. Este estudio explora el perfil de virulencia de *K. pneumoniae* ST 25 en modelo murino basado en el genoma, ampliando el conocimiento de la biología del clon ST25 emergente en Argentina.

Palabras clave: *Klebsiella pneumoniae*, genómica comparativa, factores de virulencia, respuesta inmune, secuencio tipo 25

## LA BACTERIA COMENSAL RESPIRATORIA *Dolosigranulum pigrum* MEJORA LA RESISTENCIA DE RATONES INFANTES A LA INFECCIÓN NEUMOCÓCICA DE MANERA CEPA-DEPENDIENTE

**RAYA TONETTI, Fernanda (1), TOMOKIYO, Mikado (2), QUILODRÁN-VEGA, Sandra (3), MELNIKOV, Vyacheslav (4), KITAZAWA, Haruki (2), VILLENA, Julio (1)**

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA), CONICET, Argentina. 2 Universidad de Tohoku, Japón. 3 Universidad de Concepción, Chile. 4 Instituto de Investigación en Epidemiología y Microbiología Gabrichevsky, Rusia. [frayatonetti@gmail.com](mailto:frayatonetti@gmail.com)

Las bacterias comensales del tracto respiratorio han ganado interés como posibles probióticos de nueva generación. Entre ellas, *Dolosigranulum pigrum* es una de las más prometedoras ya que se ha reportado que niños con mayor abundancia de esta bacteria tienen menor riesgo de contraer infecciones respiratorias severas. Por otro lado, se ha demostrado que el efecto de los probióticos sobre el sistema inmunológico es una propiedad específica de la cepa, dado que la actividad inmunomoduladora de una cepa no puede extrapolarse a otras, incluso de la misma especie. En este trabajo se evaluó el efecto de diferentes cepas de la especie *D. pigrum* sobre la resistencia de ratones infantiles a la infección causada *Streptococcus pneumoniae* (Sp). Para ello, ratones Suizos de 3 semanas de edad fueron tratados por vía nasal con  $10^8$  células de *D. pigrum* 030918 (Dp03) y 040417 (Dp04) durante 5 días consecutivos. Al sexto día, los animales fueron desafiados con Sp ( $10^6$  células/ratón) de los serotipos 3, 6B, o 14, y se evaluó la resistencia a la infección y la inmunidad respiratoria a distintos días post-infección. Animales sin tratamiento con Dp e infectados con Sp se emplearon como controles. Dp04 mejoró la resistencia a la infección con los tres serotipos de Sp, disminuyendo significativamente la pérdida de peso corporal observada en los ratones controles ( $p<0,05$ ). Dp04 fue también capaz de reducir los recuentos de los tres serotipos de Sp en pulmón y evitar su diseminación a sangre. Además los niveles de LDH y albúmina en muestras de lavado bronco-alveolar (BAL) fueron significativamente más bajos en los ratones infantiles tratados con Dp04 que en los controles ( $p<0,05$ ), indicando menor daño celular y menor alteración de la barrera alveolo-capilar. Los ratones tratados con Dp04 presentaron mayores recuentos de macrófagos y neutrófilos en BAL en los primeros días post-infección así como niveles más altos de IL-1 $\beta$ , IFN- $\gamma$  e IL-6 en el tracto respiratorio en comparación con los controles ( $p<0,01$ ). Por otro lado, la respuesta inflamatoria se reguló de manera más eficiente en las últimas etapas de la infección en los animales tratados con Dp04, como lo demostró la disminución de los niveles de neutrófilos, TNF- $\alpha$ , CCL2 e IL-6 ( $p<0,01$ ) y los aumentos en las citoquinas reguladoras IL-10 e IL-27 ( $p<0,05$ ), con respecto al grupo control. No se observaron diferencias significativas en los parámetros analizados entre los ratones tratados con Dp03 y el grupo control. Este trabajo ha permitido avanzar en la caracterización de las propiedades beneficiosas de *D. pigrum* 040417. La diferente magnitud y cinética de la respuesta inmune innata inducida por *D. pigrum* 040417 en el tracto respiratorio en el contexto de la infección neumocócica logró mejorar la resistencia de los ratones infantiles al patógeno respiratorio mientras que protegió contra el daño inflamatorio pulmonar. Además, los resultados demostraron por primera vez que la capacidad de las bacterias comensales respiratorias para modular la respuesta inmune innata respiratoria es una propiedad dependiente de cada cepa.

Palabras clave: *Dolosigranulum pigrum* 040417, inmunidad respiratoria innata, probióticos de nueva generación, *Streptococcus pneumoniae*.

## CARACTERIZACION MICROBIOLOGICA DE *Citrobacter freundii* PRODUCTOR DE TRIPLE CARBAPENEMASA (KPC-NDM-VIM) CAUSANTE DE INFECCION URINARIA EN UN PACIENTE PEDIATRICO

**CALIVA AGÜERO, Sebastián (1), BETTUCCI FERRERO, Gloria Nazarena (2), ANNA, Ailen Nair (2), VANZO, Carolina (3), GARNERO, Analía (3), PAREDES, Marisa Esther (1), SAKA, Héctor Alex (2).**

1 Laboratorio de Microbiología, Hospital de Niños de la Santísima Trinidad, Córdoba, Capital. 2 Departamento de Bioquímica Clínica, CIBICI-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba. 3 División Infectología, Hospital de Niños de la Santísima Trinidad, Córdoba, Capital. [sebacaliva84@hotmail.com](mailto:sebacaliva84@hotmail.com)

La reciente emergencia de *Enterobacteriales* productoras de múltiples carbapenemasas (EMC) representa un problema, por las dificultades que implican para su identificación fenotípica en el laboratorio y por las escasas alternativas terapéuticas disponibles. En el presente trabajo se caracterizaron 3 aislamientos de *Citrobacter freundii* (2 orinas y 1 hisopado rectal, en ese orden) recuperados de un paciente de 2 meses con malformaciones uro-genitales congénitas. La identificación se realizó por Vitek-2 y pruebas bioquímicas convencionales. La sensibilidad se determinó por Vitek-2 y difusión en agar, según CLSI y EUCAST. La pesquisa de EMC se abordó mediante algoritmos vigentes del Laboratorio Nacional de Referencia en Antimicrobianos-ANLIS. La identificación del tipo de carbapenemasas (KPC, NDM, VIM, IMP, OXA-48/163) y beta-lactamasas de espectro extendido (CTX-M, PER, SHV) se llevó a cabo por PCR. La transferibilidad de la resistencia se evaluó mediante ensayos de conjugación utilizando *Escherichia coli* ER1793/ATCC25922 como aceptora. Los 3 aislamientos presentaron resistencia fenotípica a carbapenemes (ertapenem, imipenem, meropenem), ceftacidima-avibactam, ceftolozano-tazobactam, aztreonam, gentamicina, amikacina y ciprofloxacina y sensibilidad a fosfomicina, tigeciclina y colistina. El primer aislamiento fue sensible a trimetoprima-sulfametoxazol, mientras que los dos restantes, aislados luego de la indicación de tratamiento con este antibiótico, fueron resistentes. Pruebas de Triton-Hodge-modificado y Carba-blue: positivo. Se observó sinergia entre discos de carbapenemes--EDTA, ceftacidima/avibactam-EDTA, ácido borónico-aztreonam pero no entre carbapenemes--ácido borónico. Los discos combinados (DCM-Brit) arrojaron resultados compatibles con KPC. Pruebas mCIM y eCIM: 6 mm. La predifusión ceftacidima-avibactam/aztreonam indicó fenotipo salvaje ( $CIM \leq 1 \mu\text{g/ml}$ ). La CIM a meropenem fue 8  $\mu\text{g/ml}$  (apto para tratamiento combinado). En conjunto, las pruebas fenotípicas de sensibilidad indicaron producción simultánea de carbapenemasas Clase A y B. Los resultados de PCR indicaron que los tres aislamientos fueron positivos para carbapenemasas tipo KPC, NDM y VIM y negativos para OXA-48/163 e IMP y para beta-lactamasas de espectro extendido CTX-M, SHV y PER. Mediante ensayos de conjugación se obtuvieron *E. coli* transconjugantes KPC-NDM y NDM (confirmadas por fenotipo y PCR), demostrando que estas carbapenemasas se encuentran en diferentes plásmidos transferibles. Ambos tipos de transconjugantes presentaron resistencia acompañante solo a gentamicina y amikacina, indicando que la resistencia a estos antibióticos estaría asociada a los plásmidos transferidos. En base a los resultados de la CIM a meropenem, se indicó tratamiento con infusión prolongada de meropenem endovenoso asociado a colistin endovenoso, con evolución clínica favorable. Las EMC están emergiendo como causa de infecciones. Su correcta categorización en el laboratorio de microbiología por métodos fenotípicos es dificultosa, complejizando la instauración de antibioticoterapia basada en el antibiograma. Los métodos moleculares constituyen una herramienta muy útil para la elucidación de los mecanismos de resistencia presentes en estos aislamientos.

Palabras clave: múltiples carbapenemasas, *Citrobacter freundii*, infección urinaria, pediatría

**SECOTARO, Adriana (1), CONTRERAS, Lorena (1), FERREYRA, Alberto (1), CAPOZZELLI, Cintia (1), DOMINGUEZ, Sofia (1), ZULOAGA, Leila (1).**

1 Hospital Central de Mendoza. [adriana.secotaro@gmail.com](mailto:adriana.secotaro@gmail.com)

La mucormicosis es una infección micótica producida por hongos ambientales saprófitos del orden Mucorales, que se encuentran en el suelo y en la materia orgánica en descomposición. Es una enfermedad angioinvasiva grave, de progresión rápida, que es muy poco frecuente en la población general. La tasa de letalidad se estima en 40-80%. Se caracteriza por el infarto y necrosis de los tejidos del huésped, que resulta de la invasión de los vasos por las hifas. Las presentaciones clínicas pueden ser: rino-orbita-cerebral, pulmonar, cutánea, gastrointestinal y diseminada. La infección se adquiere por inhalación de esporas, por implantación traumática en tejidos o por la ingesta de alimentos contaminados. Generalmente, afecta los senos paranasales, el cerebro y los ojos, provocando áreas necróticas (“negras”). Debido a la veloz progresión de la invasión, requiere un diagnóstico temprano y la inmediata implementación del tratamiento eficaz, y en muchos casos la resección quirúrgica del tejido necrótico, que puede incluir tejido óseo y ocular. La mucormicosis rinosinusal (MRS) es poco frecuente, afecta principalmente a diabéticos e inmunodeprimidos, con compromiso de nariz y senos paranasales, pudiendo progresar a órbita y cerebro. La supervivencia en diabéticos oscila entre un 60% y 90%. Caso clínico: Paciente de sexo femenino de 44 años de edad, con antecedentes de HTA, con alta epidemiológica por covid-19, 5 semanas previas a la consulta. Presenta otalgia, rinorrea, dolor facial y ocular. Se realiza evaluación por ORL y tratamiento con antibióticos y corticoides. Se interna 20 días después por presentar sinusitis, se realiza rinoscopia anterior y limpieza quirúrgica del área afectada. Se envían muestras para cultivo y Anatomía Patológica. Se confirma diagnóstico de Mucormicosis rinosinusal por aislamiento de *Rhizopus arrhizus*. Inicia tratamiento antifúngico específico con Anfotericina, con buena evolución clínica. Conclusión: La mucormicosis puede presentarse como una infección oportunista en pacientes post Covid-19. El Ministerio de Salud mediante Resolución 680/2020 incorporó al COVID-19 al Régimen de las Enfermedades de Notificación Obligatoria en todas las etapas de su evolución, por lo que la mucormicosis asociada a Covid-19 es un evento de notificación obligatoria. En la Argentina la mucormicosis es poco frecuente y no existen datos actuales de su prevalencia. La sospecha y el diagnóstico temprano, seguidos de un tratamiento adecuado y toilette quirúrgico mejoran el pronóstico y disminuyen la mortalidad de esta enfermedad.

Palabras clave: Mucormicosis rinosinusal post COVID-19

**GUALTIERI, Ariel Félix (1), DE LA CAL, Carolina (1), TOMA, Augusto Francisco (1), HECHT, Juan Pedro (1)**

*1 Universidad de Buenos Aires, Facultad de Odontología, Cátedra de Biofísica y Bioestadística. [gualtieriarief@gmail.com](mailto:gualtieriarief@gmail.com)*

Los modelos epidemiológicos dinámicos son diseños que intentan representar la propagación de enfermedades transmisibles. Su desarrollo, que comenzó hace más de un siglo, hoy se desenvuelve en un escenario multidisciplinario, que reúne a distintas áreas del conocimiento, incluyendo matemática, física teórica, computación, microbiología y epidemiología. A diferencia de los modelos estadísticos de regresión, son diseños mecánicos que permiten realizar simulaciones de escenarios hipotéticos. Para lograr este propósito, la población representada se divide en grupos. Por ejemplo, en un modelo SI la población se divide en susceptibles (S) e infectados (I). Luego se representan matemáticamente los mecanismos que regulan la transición entre los grupos. Así, en un modelo SI, se representa el proceso de infección, que es el que regula la transición desde S hasta I. Los modelos epidemiológicos aleatorios incorporan métodos algebraicos para simular efectos estocásticos. Por eso, son adecuados para representar la propagación de enfermedades transmisibles en poblaciones pequeñas, en donde la influencia del azar puede ser importante. El objetivo de nuestro presente trabajo ha sido desarrollar y explorar modelos aleatorios conceptuales de propagación de hepatitis B, gonorrea, sífilis y VIH. Planteamos un escenario hipotético conformado por una población de estudio vinculada con una población externa. Desde la población externa ingresan sujetos a la población de estudio. A su vez, desde la población de estudio, salen individuos hacia la población externa. Se representaron 3 modelos: (1) SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado) para hepatitis B; (2) SIS (Susceptible-Infectado-Susceptible) para gonorrea y sífilis; y (3) SI (Susceptible-Infectado) para VIH. La dinámica de los modelos fue representada por ecuaciones de diferencia. Para incorporar efectos aleatorios se utilizó el algoritmo de Gillespie. Los modelos fueron explorados por medio de simulaciones numéricas computacionales, en donde se representó la prevalencia en función del tiempo dentro de la población de estudio. Las simulaciones fueron analizadas cualitativamente. Los resultados de las simulaciones que realizamos muestran que nuestros modelos logran representar cualitativamente las dinámicas esperadas. Para el modelo SIR (hepatitis B), la prevalencia asciende hasta un espacio máximo y luego comienza a descender. Para los modelos SIS (gonorrea y sífilis) y SI (VIH), en cambio, la prevalencia se estabiliza en una meseta y no decae. Las simulaciones también arrojan fluctuaciones conspicuas en algunas curvas de prevalencia, lo que refleja una dinámica aleatoria. Además, las simulaciones muestran como la prevalencia se reduce cuando disminuyen la tasa de infección o la tasa de ingreso de sujetos infectados desde la población externa. En conclusión, se han desarrollado modelos originales que permiten representar, cualitativamente, la dinámica de propagación de brotes de hepatitis B, gonorrea, sífilis y VIH. Además, los modelos básicos desarrollados logran representar fluctuaciones aleatorias, muestran coherencia interna y manifiestan sensibilidad a parámetros que regulan la dinámica de propagación.

Palabras clave: Modelos epidemiológicos, hepatitis B, gonorrea, sífilis, VIH.

## PARASITOSIS INTESTINALES Y ESTADO NUTRICIONAL: ESTUDIO TRANSVERSAL EN UNA POBLACIÓN INFANTIL DE LA CIUDAD DE SANTO TOMÉ-SANTA FE. RESULTADOS PRELIMINARES

**SANCHEZ, Valeria (1), GOMEZ COLUSSI, Andrea Florencia (1), RODRIGUEZ, Erica Soledad (1), VERA GARATE, María Verónica (1), GUTIERREZ, César Ernesto (1).**

1 Cátedra de Parasitología y Micología -Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas - Universidad Nacional del Litoral. [vale.sanchez.055@gmail.com](mailto:vale.sanchez.055@gmail.com)

Las infecciones parasitarias intestinales y la desnutrición son problemas de salud importantes en los niños en edad preescolar y escolar en muchos países en desarrollo. Son presentados los resultados preliminares correspondientes al trabajo final de grado “Estado enteroparasitológico, estado nutricional y factores socioambientales en niños de 0 – 12 años del Barrio El Chaparral de la ciudad de Santo Tomé” para aspirar al título de Lic en Nutrición de la autora. El objetivo del estudio fue evaluar la presencia de infecciones parasitarias intestinales y el estado nutricional en niños menores de 12 años. Se realizó un estudio transversal durante los meses de enero y febrero de 2021 en 26 niños residentes del barrio El Chaparral de la ciudad de Santo Tomé, Santa Fe. Para el estudio coproparasitológico, se entregaron frascos con formol al 10% para la recolección de muestras de materia fecal y escobillado anal seriados. Se utilizó la técnica de concentración por sedimentación Ritchie modificada. La identificación de parásitos se realizó mediante características morfológicas y morfométricas. Se utilizaron coloraciones supra vitales (Iugol) para la búsqueda de estructuras parasitarias, empleando microscopio óptico, con objetivos secos 10X y 40X. Se realizaron coloraciones Ziehl-Neelsen para la búsqueda de coccidios intestinales y se observaron con el objetivo húmedo/inmersión 100X. La altura y el peso de los niños se midieron utilizando una balanza calibrada estándar y tallímetro. Se determinaron los indicadores nutricionales utilizando el software *Who Antrho* y *Who Antrho Plus*. Datos sociodemográficos de los niños y sus familiares/tutores se obtuvieron mediante un cuestionario estructurado. Los resultados globales mostraron 35% ( $n=9$ ) de parasitosis intestinales, siendo más prevalente *Giardia lamblia* (67%), *Blastocystis sp.* (22%) y *Entamoeba coli* (11%). El 88% presentó Normopeso ( $n=23$ ) y el 12% Sobrepeso ( $n=3$ ). La valoración antropométrica utilizando el indicador Talla/Edad, denota un 15% de niños ( $n=4$ ) con retraso en el crecimiento. La mayoría de los hogares se encontraron condiciones de hacinamiento, con la presencia de basurales cercanos, agua estancada y calles sin pavimentar. Un gran número no cuentan con agua potable ni cloacas. Los resultados preliminares obtenidos en este estudio revelaron que la infección parasitaria intestinal y el retraso en el crecimiento son problemas de salud pública entre la población infantil del área de estudio. Se destaca la importancia y necesidad de implementar estrategias de intervención integrales para abordar la problemática. En este grado de avance describe la presencia de infecciones parasitarias intestinales y el retraso en el crecimiento, como una alteración presente en la población infantil hasta aquí estudiada. No se han establecido relaciones entre las variables. Las mismas se prevén establecer al completar el estudio y arribar así, a conclusiones definitivas.

Palabras clave: malnutrición, enteroparasitosis

**CASSANELLI, Martin (1)\*, GALEANO, Mariana B.\* (2), PAREDA, Rosana (1), CARDOZO, Andrea (1), RIAL, Maria Jose (1), SIMTH, Silvina (3), GONZALEZ, Norma (3), TRIBELLI, Paula M. 2**

1 División Laboratorio Central, Hospital General de Niños "Pedro de Elizalde", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. 2 IQUIBICEN-CONICET. Dpto. Química Biológica, FCEyN, UBA. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. 3 División Neumotisiología, Hospital General de Niños "Pedro de Elizalde", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. [martincassanelli@gmail.com](mailto:martincassanelli@gmail.com)

Los microorganismos se encuentran en mayoritariamente en comunidades multi-especies con interacciones neutrales, mutualistas o antagonistas. En particular, *P. aeruginosa* y *S. aureus* son patógenos humanos oportunistas que pueden co-aislarse en infecciones endobronquiales en pacientes que padecen fibrosis quística (FQ), infecciones intrahospitalarias o en heridas crónicas. En general, la presencia de ambas bacterias co-existiendo puede demorar la recuperación de los tejidos, incrementa la inflamación y la resistencia a antibióticos, provocando un peor pronóstico para el paciente. La interacción entre estos patógenos es compleja y se la ha descrito principalmente antagonista, aunque muchas veces las observaciones clínicas contradicen experimentos realizados *in-vitro*. La coexistencia es mayor a la esperada, sugiriendo que existe una adaptación en ambos patógenos, estableciendo infecciones crónicas. Durante el establecimiento de una infección crónica los microorganismos se encuentran sujetos a presiones selectivas, por lo que, es esperable que se seleccionen mutaciones que sean ventajosas en este ambiente. Nuestro objetivo es caracterizar fenotípicamente los aislamientos y evaluar luego por secuenciación completa de los genomas si en el curso de la infección crónica de la FQ existen mutaciones patoadaptativas en *S. aureus* en pacientes pediátricos mono-infectados que provoquen, una vez que *P. aeruginosa* aparece, la modificación en la interacción entre estas bacterias y el desplazamiento de *S. aureus* del pulmón FQ. Se estableció un protocolo de reclutamiento con consentimiento informado de pacientes en el Hospital General de Niños Dr. Pedro Elizalde (HGNPE, CABA, Argentina) donde se seleccionaron aleatoriamente 10 pacientes pediátricos diagnosticados con FQ que cumplan con los criterios de selección en el inicio del estudio, conformándose dos grupos (mono-infectados y co-infectados). Se colectaron muestras de esputo o hisopado de fauces tosido en el marco de su seguimiento habitual realizando el control bacteriológico en el HGNPE. Para el aislamiento bacteriano se emplearon medios de cultivo sólidos comerciales y se tomaron registro de variables clínicas, así como de las mutaciones asociadas al diagnóstico de FQ de cada paciente. Se aislaron colonias independientes confirmando la identidad de *S. aureus* y *P. aeruginosa* mediante MALDI-TOF. Se determinaron características morfológicas, factores de virulencia, motilidad y resistencia a antibióticos entre otros parámetros. Los aislamientos iniciales de *P. aeruginosa* de pacientes co-infectados mostraron variedad de fenotipos, incluyendo variantes mucosas, con producción de piocianinas, alta y baja motilidad de tipo *swarming* y actividad DNAsa extracelular variable. Por otro lado, en el caso de aislamientos de *S. aureus* también se encontró diversidad en cuanto a su aspecto provenientes ambos grupos de pacientes. La actividad hemolítica en placas agar sangre de carnero fue variable siendo negativa en dos aislamientos, uno proveniente de paciente mono-infectado y otro del grupo de co-infectados. Las caracterizaciones fenotípicas permitirán seleccionar los candidatos para secuenciar completamente su genoma en busca de mutaciones que impacten en la interacción entre estos dos patógenos oportunistas.

Palabras clave: Interacción- *Staphylococcus aureus*- *Pseudomonas aeruginosa*- Fibrosis Quística

**PASCAL, Stefania Belén (1), LORENZO LÓPEZ, Juan Ramiro (1), LUCCHESI, Paula María Alejandra (1), KRÜGER, Alejandra (1)**

1 Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN, CONICET-CIC-UNCPBA), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, Tandil, Buenos Aires, Argentina. [spascal@vet.unicen.edu.ar](mailto:spascal@vet.unicen.edu.ar)

*Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es un patógeno que puede causar severas enfermedades como colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico, principalmente en niños. Las toxinas Shiga (Stx) están codificadas por bacteriófagos (fagos Stx), los cuales regulan también su producción y juegan así un papel clave en la virulencia de STEC. Los fagos Stx presentan una gran variabilidad en la composición y el tamaño de sus genomas y poseen varios genes de función aún desconocida. Dado que el subtipo de toxina Stx<sub>2a</sub> es el más frecuentemente detectado en casos de enfermedad grave, los fagos que lo codifican son los más caracterizados y los que se encuentran representados en mayor proporción en las bases de datos genómicos. Investigaciones recientes sobre ciertos fagos Stx<sub>2a</sub> evidenciaron la presencia del gen *nanS*-p que codifica para una sialato O-acetilesterasa que podría contribuir al crecimiento y colonización de STEC en el intestino. El objetivo de este estudio fue determinar si el gen *nanS*-p está presente también en fagos portadores de subtipos de *stx* diferentes a *stx*<sub>2a</sub> y, en caso afirmativo, establecer su localización dentro del genoma del fago. Para ello, se buscaron secuencias de ADN de fagos Stx en la base de datos NCBI GenBank con el programa BLASTN utilizando secuencias de referencia de genes que codifican para diferentes subtipos de Stx. Se obtuvieron 24 secuencias, de las cuales 17 correspondieron a genomas de fagos descargados directamente del GenBank y 7 a profagos extraídos de genomas bacterianos mediante el servidor web Phaster. El análisis de las secuencias indicó la presencia de *nanS*-p en los fagos Stx<sub>1a</sub>, Stx<sub>1c</sub>, Stx<sub>2b</sub>, Stx<sub>2c</sub>, Stx<sub>2d</sub>, localizado *downstream* del operón *stx* y adyacente al mismo. Sin embargo, no se identificó en los fagos Stx<sub>2e</sub>, Stx<sub>2f</sub> y Stx<sub>2g</sub> analizados. Los avances de las tecnologías de secuenciación han permitido una mayor disponibilidad de secuencias genómicas de cepas STEC y un incremento en el análisis de genomas de profagos Stx. Estudios previos de secuencias de ADN de fagos Stx<sub>2a</sub> mostraron que portan el gen *nanS*-p en la región tardía, la cual sería una región más conservada en ese grupo de fagos. A pesar de la variabilidad entre los miembros de la familia de fagos Stx, nuestro estudio mostró que el gen *nanS*-p tiene una amplia distribución y se encuentra en similar localización también en genomas de fagos codificantes de otros subtipos de Stx. Es llamativa, sin embargo, la ausencia de *nanS*-p en los fagos portadores de los subtipos *stx*<sub>2e</sub>, *stx*<sub>2f</sub> y *stx*<sub>2g</sub> que se evaluaron y se requieren más estudios sobre fagos codificantes de estos tres subtipos para determinar si es una característica general.

Palabras clave: STEC, fagos Stx, sialato O-acetilesterasa, toxina Shiga.

**MARCHETTI, Anabella (1), RUBINSTEIN, Gabriela (1), SIRVENT, Julia (2), DE BUNDER, Sabrina (2), MEDONI, Antonella (2)**

1 Hospital Privado Regional del Sur. 2 Hospital Zonal de San Carlos de Bariloche; [anabellamarchetti93@gmail.com](mailto:anabellamarchetti93@gmail.com)

La listeriosis es una enfermedad grave causada por *Listeria monocytogenes* (LM), se transmite principalmente a través de alimentos contaminados. Afecta especialmente a embarazadas, recién nacidos, ancianos, inmunodeprimidos o con enfermedades de base. Su presentación clínica puede ser invasiva o no invasiva dependiendo del huésped y de la carga bacteriana ingerida. En nuestra ciudad, en años previos, esta enfermedad presentaba baja incidencia, con menos de 1 aislamiento cada 2 o 3 años. El objetivo de este trabajo fue describir 3 casos de listeriosis invasiva ocurridos en Bariloche entre octubre de 2020 y junio de 2021, cuya frecuencia alertó ante la posibilidad de un brote. Caso clínico 1: Paciente masculino de 65 años, diabético y con sobrepeso, ingresa con alteración y deterioro de conciencia, fiebre, Glasgow 9/15 y leve rigidez de nuca. LCR con leucocitosis, predominio de PMN, hipoglucoorraquia e hiperproteinoorraquia. El cultivo del LCR y los hemocultivos fueron positivos para LM. El tratamiento inicial fue ceftriaxona, ampicilina, aciclovir y rotado a ampicilina más gentamicina tras el resultado de bacteriología. El paciente fue mejorando y recibió el alta al día 21. Caso clínico 2: Paciente masculino de 79 años, con hipertensión arterial, insuficiencia renal crónica y cardiopatía. Ingresó con traumatismo encéfalo craneano por desvanecimiento con deterioro del sensorio, 38°C, desorientado, Glasgow 3/15 y mala mecánica respiratoria. LCR turbio, recuento de leucocitos de 150 por mm<sup>3</sup>, glucosa 98 mg/dL, proteínas 376 mg/dl. Al examen directo se observaron bacilos Gram positivos pero no se obtuvo desarrollo. Si hubo desarrollo de LM a partir de los hemocultivos. El paciente recibe tratamiento antibiótico con gentamicina + ampicilina. Posteriormente, progresa a falla multiorgánica y se produce el óbito tras un mes de internación. Caso clínico 3: Paciente femenina de 80 años inmunosuprimida por cáncer biliar ingresa por fiebre y mal estado general. Inició tratamiento empírico con Piperacilina tazobactam y posteriormente Imipenem. El laboratorio reportó LCR ligeramente turbio, glucosa baja y proteínas altas, sin rescate bacteriológico pero en los hemocultivos desarrollo LM. Luego de 8 días de internación la paciente desmejora su estado general y sensorio, cuadro que conduce a su óbito. Los tres casos descritos fueron característicos de listeriosis invasiva con septicemia, seguida de las infecciones en el sistema nervioso central (SNC). El personal de la Unidad Regional de Epidemiología y Salud ambiental zona Andina no pudo identificar alimento en común implicado, si bien los familiares del paciente 2 refirieron que éste consumía habitualmente carnes y helados congelados de origen comercial. Dado que la incidencia anual varía en distintos países entre 0,1 a 11 casos cada 1.000.000 habitantes la ocurrencia de 3 casos en una población aproximada de 150.000 habitantes en el lapso de 8 meses sugiere un posible brote o un aumento local de la incidencia de esta enfermedad. La listeriosis es de gran relevancia debido a su gravedad. Dada la capacidad de este microorganismo de tolerar las bajas temperaturas de refrigeración los alimentos con mayor riesgo para la transmisión de listeriosis son aquellos listos para el consumo, refrigerados, siendo los productos lácteos los más implicados en brotes. Sin embargo, en estos casos no se logró establecer la fuente de transmisión. Sería de importancia realizar investigaciones epidemiológicas más exhaustivas para evitar la ocurrencia de nuevos casos.

Palabras clave: Listeriosis, ETA, meningitis, *Listeria monocytogenes*.

**GONZALEZ, Carolina (1), GOMEZ COLUSSI, Andrea (2), MUÑOZ, Gisela (2), ARGARAÑA, Fernanda (2).**

1 Carrera de Especialización en Bacteriología Clínica - Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas - UNL. 2 Laboratorio de Microbiología - Hospital J.B. Iturraspe - Santa Fe. [cf-gonzalez@outlook.com](mailto:cf-gonzalez@outlook.com)

El hemocultivo es el método de referencia para realizar el diagnóstico etiológico de una bacteriemia, la contaminación de estos cultivos da resultados falsos positivos que se traducen en tratamiento antibiótico innecesario, selección de cepas resistentes, aumento de días de hospitalización, aumento de costos en insumos hospitalarios para el tratamiento y diagnóstico. Un hemocultivo se considera contaminado cuando se aísla, en un solo set, *Staphylococcus coagulasa* negativo, *Bacillus* sp., *Cutibacterium acne* o *Corynebacterium* sp. Se recomienda mantener el porcentaje de contaminación de hemocultivos por debajo de 3%. La pandemia por SARS CoV-2 (COVID-19) condujo a un aumento en la utilización de procedimientos invasivos en pacientes críticos, con hospitalización prolongada, mayor dificultad en el mantenimiento y control de catéteres (urinarios, venosos, arteriales) de pacientes en posición prono; cansancio del personal sanitario y mayor carga microbiana en la piel de estos pacientes. Estos factores podrían influir en la contaminación de hemocultivos durante la extracción de la muestra. Este trabajo tiene como objetivo comparar los porcentajes de hemocultivos contaminados en dos períodos de tiempo, previo y durante la pandemia COVID-19, en la unidad de terapia intensiva (UTI) del Hospital J.B. Iturraspe. Se analizaron los resultados de 790 botellas de hemocultivos de pacientes atendidos en UTI desde octubre de 2019 a marzo de 2020 (sin COVID-19 en la ciudad de Santa Fe) y 1055 botellas de hemocultivos, desde octubre de 2020 a marzo de 2021 (durante pandemia COVID-19). El índice de hemocultivos contaminados en la UTI en el período pre pandemia fue de 6,46 %, mientras que, durante la pandemia, fue de 12,89%. Con los resultados obtenidos se muestra que hubo un aumento estadísticamente significativo ( $p < 0,05$ ) de la contaminación de hemocultivos durante la pandemia COVID-19 comparado con el período previo a la misma. La situación epidemiológica asociada a COVID-19 ocasionó cambios en la estructura y organización de la UTI del hospital, con un aumento significativo en el número de camas de cuidados críticos y la consecuente sobrecarga del personal sanitario. Nuestros resultados muestran una desatención en los cuidados de higiene del paciente y en la técnica de extracción de hemocultivos, una falla en la fase pre analítica de este método microbiológico que se traduce en la contaminación de los frascos de hemocultivo y destacan la necesidad de la implementación de programas de formación y capacitación continua del personal.

Palabras clave: Porcentaje de contaminación-Bacteriemia-COVID-19.

**HJELT, Valentina (1), MARTIN, Valentina (2), RUYBAL, Paula (3), MORETTA, Rosalía (2)**

1. Escuela de Ciencia y Tecnología-Universidad Nacional de San Martín (UNSAM). 2. Universidad Nacional de San Martín (UNSAM), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Instituto de Tecnologías Emergentes y Ciencias Aplicadas (ITECA), Escuela de Ciencia y Tecnología, Avenida General Paz 5445, San Martín 1650, Argentina. 3. Universidad de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPAM), Facultad de Medicina, Paraguay 2155 Piso: 12, CABA 1121, Argentina. [valenhjelt@gmail.com](mailto:valenhjelt@gmail.com)

*Toxoplasma gondii* (*T. gondii*) es un parásito apicomplejo intracelular, y el agente causal de una zoonosis que se expande a nivel mundial. En Argentina la toxoplasmosis ha sido considerada relevante por su alta prevalencia y morbilidad en individuos inmunocomprometidos, y por su impacto sobre la salud durante el período gestacional. Dos aspectos clave de la infección con *T. gondii* residen tanto en su capacidad de invasión de distintos tipos celulares, como en el establecimiento de infecciones crónicas a través de estructuras de resistencia denominadas quistes tisulares. Dentro del phylum, se han descrito mecanismos de variación relacionados con la presencia en secuencias codificantes de regiones de baja complejidad, y repeticiones en tándem que contribuyen tanto a la invasión como a la cronicidad de las infecciones. Sin embargo, la presencia y distribución de este tipo de regiones en el genoma de *T. gondii* y su posible rol en los mecanismos de patogenicidad aún no han sido explorados. Dentro de los objetivos de este trabajo nos planteamos realizar un relevamiento de las repeticiones en tándem en el genoma de *T. gondii*, e identificar estas secuencias en proteínas asociadas a la invasión y la formación de quistes tisulares, a través de su localización subcelular y patrón de expresión diferencial en los distintos estadios del parásito. A partir del análisis del genoma de *T. gondii* (cepa ME49), se pudo determinar que entre un 0.5 y 2 % corresponde a secuencias repetitivas en tándem, respondiendo el rango a los parámetros y filtros utilizados. Se observó una distribución asimétrica de las secuencias identificadas con respecto a su composición nucleotídica. Dentro de las secuencias codificantes, más del 80% de las regiones repetitivas presentaron un sesgo, siendo o bien ricas en purinas (30%) o en pirimidinas (56%), con un promedio de GC del 51%. Utilizando tanto los datos de localización subcelular disponibles como los de expresión diferencial en los distintos estadios del parásito, se seleccionó un pool de secuencias codificantes conteniendo repeticiones en tándem, localizadas en organelas relacionadas con la invasión (micronemes, roptrias y gránulos densos). El análisis de variabilidad utilizando los genomas disponibles de 14 cepas mostró que proteínas ya caracterizadas como ROP1, TNL1 y CST1 son polimórficas en las regiones repetitivas. Dentro de las proteínas hipotéticas de este pool, se observaron regiones intrínsecamente desordenadas que serán nuevos blancos de estudio en trabajos futuros. El presente trabajo representa el primer reporte acerca de la presencia, distribución y composición de secuencias repetitivas en tándem en el genoma completo de *T. gondii*. A diferencia de las regiones repetitivas sub-teloméricas, las repeticiones en tándem mostraron una distribución ubicua a lo largo de los cromosomas. Dentro de las secuencias codificantes seleccionadas, hallamos proteínas localizadas en organelas relacionadas con la invasión del parásito y la formación de quistes. Los polimorfismos tanto en el número de repeticiones como a nivel de la secuencia aminoacídica podrían tener implicancias funcionales en proteínas de secreción de *T. gondii*.

Palabras clave: Toxoplasma - genoma - minisatélites - variabilidad - patogenicidad

**AISLAMIENTOS CLÍNICOS DE *Candida vulturna* ERRÓNEAMENTE IDENTIFICADAS POR MALDI-TOF, ChromAgar-*Candida* PLUS Y VITEK2. NUEVA ESPECIE MULTIRRESISTENTE DEL COMPLEJO *Candida haemulonii*.**

**MACEDO, Daiana (1,2), BERRIO, Indira (3,4), SCANDON, Patricia (5), BARBAGELATA, María Sol (1), LATORRE-RAPELA, Gabriela (1), GAMARRA, Soledad (1), GARCIA-EFFRON, Guillermo (1,2).**

1 Cátedra de Parasitología y Micología – Fac. de Bioquímica – Universidad Nacional del Litoral. Santa Fe (Argentina). 2 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). 3 Grupo de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas. 4 Hospital General de Medellín, Luz Castro Gutiérrez E.S.E., Medellín. 5 Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia.

*Candida vulturna* fue aislada por primera vez en 2016 a partir de flores y a partir de una muestra de sangre en Malasia. Recientemente fue incluida como miembro del complejo de especies de *Candida haemulonii*. Este complejo cuenta con 9 especies dentro de las cuales *C. haemulonii* (incluyendo la variedad vulnera), *C. pseudohaemulonii*, *C. duobushaemulonii*, *C. auris* y ahora *C. vulturna* son considerados patógenos humanos. Al igual que los demás miembros del complejo haemulonii, la identificación de *C. vulturna* es difícil. Debido a la escasez de cepas para estudiar, el patrón de sensibilidad de esta especie es desconocido. Los objetivos de este trabajo son: describir cómo se identificaron cepas de *Candida vulturna* aisladas de muestras clínicas en distintas ciudades de Colombia y evaluar la sensibilidad de estas cepas a 9 antifúngicos. Se estudiaron 5 cepas de *C. vulturna* aisladas en 3 ciudades distintas de Colombia (Bogotá, Valledupar y Cali). Se las identificó en origen como *Candida duobushaemulonii* (n=4) y *Candida haemulonii* (n=1) utilizando VITEK2 (versión del software 9.02) y como *C. pseudohaemulonii* (n=5) con el MALDI-TOF de Bruker. A raíz de estas discrepancias se las remitió para identificación molecular a nuestro laboratorio. Se analizaron las secuencias de las regiones ITS del operón ribosomal (rDNA) y las 5 cepas fueron identificadas como *C. vulturna* (100% de homología). También se utilizó el nuevo medio cromogénico ChromAgar *Candida* plus que según el fabricante es capaz de identificar *C. auris* debido a que crecen como colonias blancas rodeadas por un halo de color azul. Las 5 cepas de *C. vulturna* fueron indistinguibles de *C. auris* en este medio ya que presentaron las características descriptas. Además, se la intentó identificar en el MALDI-TOF de Biomerieux (VITEK MS) que devolvió como resultado “no identificable” debido a que no figura en su base de datos. Se les evaluó la sensibilidad a los antifúngicos siguiendo el documento M27 4ta ed. de CLSI. Se incluyeron en el estudio anfotericina B, anidulafungina, caspofungina, 5 fluorcitocina, fluconazol, isavuconazol, itraconazol, posaconazol y voriconazol. Las 5 cepas presentaron CIMs bajas a las equinocandinas (0,06-0,12 µg/ml), a 5 fluorcitocina (0,06-0,12 µg/ml) y a los triazoles con la excepción del fluconazol (isavuconazol: <0,015-0,12 µg/ml; itraconazol: 0,06-0,50 µg/ml; posaconazol: <0,015-0,015 µg/ml y voriconazol: 0,03-0,50 µg/ml). Para el caso de anfotericina B y fluconazol, 4 de las 5 cepas presentaron CIMs elevadas a ambos antifúngicos (>8 µg/ml y >64 µg/ml) mientras que la restante presentó valores de CIM=1 µg/ml para el polieno y para el azol. Este patógeno multirresistente emergente puede estar siendo subdiagnosticado por los métodos utilizados habitualmente en los laboratorios clínicos. El único método capaz de identificar esta especie es la secuenciación de ADN. Las cepas estudiadas presentaron valores muy elevados de CIM para anfotericina B y Fluconazol.

Palabras clave: emergente multirresistente, *Candida vulturna*, Complejo haemulonii, identificación molecular.

## PRIMER AISLAMIENTO DE *Salmonella* Infantis MULTIRRESISTENTE PORTADOR DE CTXM-9/14 Y RESISTENCIA A AZITROMICINA EN HOSPITAL MATERNO INFANTIL DE JUJUY

**ARMELLA, Romina Tatiana (1), COSCI, Aldo Rafael (1), GRANADOS, Gabriela Karina (1)**

1 Hospital. Materno Infantil "Dr. Héctor Quintana". S.S. de Jujuy. [tati2481@gmail.com](mailto:tati2481@gmail.com)

La salmonelosis es una enfermedad transmitida por alimentos caracterizada por manifestaciones gastrointestinales o sistémicas que pueden ser graves. Recientemente la serovariedad Infantis (*Salmonella* Infantis) ha tomado protagonismo debido a que puede presentar un fenotipo Multirresistente(MR). A nivel hospitalario, las bacterias productoras de BLEE son causantes del incremento de morbilidad y mortalidad. En países con alto nivel de resistencia a cefalosporinas y fluorquinolonas en *Salmonella enterica*, Azitromicina ha demostrado ser una buena opción terapéutica. Sin embargo la resistencia a Azitromicina ha sido reportada en nuestro país como un fenotipo emergente de resistencia. El objetivo fue describir el primer aislamiento clínico de *Salmonella* Infantis MR en un caso de infección gastrointestinal en la provincia de Jujuy. Paciente pediátrico femenino, ingresa al hospital con un cuadro de gastroenteritis aguda con fiebre de 39°C, vómitos y diarrea mucosanguinolenta. Recibe tratamiento empírico con Ceftriaxona y rehidratación. Se solicita coprocultivo. La muestra es sembrada en E.M.B., *Salmonella Shigella* Agar, Mac Conkey Sorbitol, y Caldo Selenito. Las placas se incuban 24-48 hs a 36 °C. Las colonias compatibles con *Salmonella spp* se confirman mediante pruebas bioquímicas, aglutinación con antisuero OS "B" y método automatizado Vitek2 como *Salmonella enterica sp enterica*. Por método de difusión de Kirby-Bauer y determinación de CIM por Vitek 2, se observa el siguiente patrón de resistencia, interpretado según CLSI 2018: Resistente: Ampicilina, Ampicilina-sulbactam, Cefotaxima, Cefixima, Cefpodoxima, Ceftazidima, Cefepima, Azitromicina, Trimetroprima/Sulfametoxazol, Fosfomicina, y Nitrofurantoina. Intermedio: Ciprofloxacina. Sensible: Amoxicilina- Clavulanico, Cefoxitina, Colistin, Ertapenem, Imipenem, Meropenem, Piperacilina-tazobactam. Sinergia CTX – AMC positiva y FOX-APB negativa. La cepa fue derivada a ANLIS-MALBRAN para confirmación de sensibilidad y tipificación, resultando *Salmonella* Infantis productor de BLEE, caracterizado como CTX-M-9/14 y confirmación de resistencia a Azitromicina. El paciente se encuentra ambulatorio al llegar el informe definitivo a la sala de internación. Los cuadros de diarreas en general son autolimitados por lo que sólo requieren hidratación y recambio electrolítico, sin embargo en ciertos pacientes como menores de 1 año, inmunosuprimidos o infecciones sistémicas, se considera dar tratamiento antimicrobiano; por lo cual es crucial conocer el perfil de sensibilidad a los antimicrobianos. Este es el primer reporte en Jujuy de *Salmonella infantis* MR. Es necesario implementar políticas sobre el uso racional de antibióticos principalmente en diarreas y a la vez extremar la vigilancia de gérmenes multirresistentes.

Palabras clave: *Salmonella* Infantis, Multirresistente, CTX-M-9/14. p.

**MI14****ESTUDIO DE LA PREVALENCIA DE INFECCIONES POR *Klebsiella pneumoniae* PRODUCTORA DE CARBAPENEMASAS ANTES Y DURANTE LA PANDEMIA DE COVID-19****OJEDA, Guillermo (1), PUGLIESE, Natalia (1), MANCUSO, María (1), LÓPEZ MORAL, Laura (1), GÓMEZ, Nora (1)***1 Laboratorio central, Sección Microbiología. Hospital General de Agudos "Dr. Cosme Argerich", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. [andre\\_sito06@hotmail.com](mailto:andre_sito06@hotmail.com)*

El aumento de la resistencia antimicrobiana plantea un daño colateral de la pandemia. *Klebsiella pneumoniae* (KPN) es uno de los principales patógenos asociados a las infecciones intrahospitalarias, siendo preocupantes aquellas cepas productoras de carbapenemasas (CPasas), enzimas capaces de conferir un perfil de multirresistencia a los antimicrobianos. El objetivo fue estudiar la distribución y prevalencia de KPN productoras de CPasas en los servicios de internación del hospital antes y durante la Pandemia de COVID-19. Comparar los resultados de cada periodo y evaluar los cambios entre ambas etapas respecto a la resistencia antimicrobiana. Estudio retrospectivo observacional: Se analizaron los aislamientos de KPN, recuperados de episodios de infección en pacientes internados (1 por paciente con intervalo mínimo de 1 mes) durante Periodo Pre-pandemia: Marzo de 2019 a Febrero de 2020; Periodo Pandemia: Marzo de 2020 a Febrero de 2021. Se establece el tipo de CPasa utilizando métodos fenotípicos y/o inmunocromatografía. La sensibilidad a los antimicrobianos se evaluó por el método de difusión o CIM en sistema automatizado y se interpretaron según CLSI/EUCAST. Se evalúan los resultados como porcentajes de No-Sensibilidad (NS). Para la comparación entre periodos se utilizó el test de Chi cuadrado y un nivel de significancia estadística del 5%. Se observó el aumento del 1,34% ( $p < 0,001$ ) en la proporción de aislamientos de KPN productoras de CPasas en el periodo de pandemia (N: 256) respecto al periodo de pre-pandemia (N: 163), evaluado por número de egresos de pacientes del hospital. Dicho aumento se concentró en las terapias intensivas (UTI) y se acompañó de un cambio en la prevalencia del tipo de CPasa producida (disminución de KPC y aumento de MBL/MBL+BLEE). Las cepas productoras de KPC aisladas de las UTI, muestran un aumento en el porcentaje de NS a tigeciclina (18,05%  $p < 0,05$ ) y amikacina (40,17%,  $p < 0,001$ ). Las KPN MBL+BLEE emergieron en pandemia, con altos niveles de resistencia. Las KPC tuvieron una disminución en los diámetros de los halos de inhibición en Ceftazidima+avibactam, permaneciendo sensibles. Las causas de estas variaciones epidemiológicas pueden ser multifactoriales y estar relacionadas a los cambios en el ámbito hospitalario y social producto de la pandemia de COVID-19, además de un reemplazo de las cepas previamente existentes por otras más aptas.

Palabras clave: *Klebsiella pneumoniae*, carbapenemasas, aumento de resistencia antimicrobiana

*Bacillus cereus* es un bacilo gram positivo esporulado, ubicuo en la naturaleza. Las enfermedades clásicas que produce son las toxiinfecciones alimentarias. Es agente etiológico de bacteriemias, endoftalmitis, infecciones del sistema nervioso central y neumonías. Infecciones como fascitis y mionecrosis han sido descritas en series pequeñas o de forma individual. Tiene el potencial de imitar la presentación clínica de síndromes como la mionecrosis por clostridios y la fascitis necrotizante estreptocócica. Se presenta un caso de fascitis necrotizante por *B. cereus*: Varón, 77 años con linfoma de células T, ingresó por fiebre de 38°, ictericia, edema en los pies y somnolencia. Había iniciado hacía tres días su primer ciclo de quimioterapia. Examen físico: petequias en ambos pies, brazo y lesión indurada violácea con halo eritematoso, caliente, dolorosa y con flictenas hemáticas en muslo que había comenzado hacía quince horas con una mácula de 3x5 cm, de extensión progresiva. Hemoglobina 17,3gr/dl, hematocrito 45%, glóbulos blancos 3200/mm<sup>3</sup>, plaquetas 60000/mm<sup>3</sup>, creatinquinasa 2222 u/l. Se le indicó naproxeno con lo cual se tornó afebril. Se tomaron muestras de hemocultivos, punción de la flictena y urocultivo. Ecografía: edema y compromiso muscular en todo el muslo afectado. Se indicó vancomicina, piperacilina tazobactama y clindamicina. Cuatro horas posteriores al ingreso se observó una evolución desfavorable con esfacelación y sangrado. Se suspendió la fasciotomía por mala evolución, signos de sepsis y fallecimiento a las seis horas del ingreso. El profesional que obtuvo la muestra de flictena realizó un extendido en portaobjetos y el resto lo inoculó en su totalidad en botella de caldo anaeróbico automatizado. Al examen directo de la flictena se observó bacilos gram positivos sin reacción inflamatoria. A las 12 horas se obtuvo de la botella un desarrollo de bacilos gram positivos, subcultivados en agar sangre con atmósfera aeróbica y anaeróbica. Desarrollo en aerobiosis de colonias grandes, grises, bordes irregulares, beta hemolíticas identificadas por el método Maldi-Tof como *Bacillus cereus*. No hubo desarrollo de bacterias anaerobias. Se realizó pruebas de sensibilidad por CIM a penicilina y vancomicina y por difusión en agar Mueller Hinton al resto de los antimicrobianos, esta última metodología solo con fines orientativos para la terapia ya que no está estandarizada por CLSI. La bacteria fue sensible a clindamicina, eritromicina, gentamicina, meropenem, vancomicina y resistente a rifampicina, trimetoprima/sulfametoxazol y penicilina. Hemocultivos y urocultivo negativos. La infección de tejidos blandos necrotizante es una enfermedad rápidamente progresiva con manifestaciones sistémicas y mortalidad alta, se requiere tratamiento quirúrgico y antibiótico inmediato. La visualización en el examen directo de bacilos gram positivos regulares sugirió una infección por *C. perfringens*; el desarrollo precoz de *B. cereus* jerarquizó el rol etiológico de la bacteria aislada. La resistencia a penicilinas y cefalosporinas es frecuente. Estos antimicrobianos suelen ser usados como tratamiento empírico de mionecrosis o fascitis necrotizante, por lo cual el diagnóstico etiológico precoz es de gran utilidad para el tratamiento de esta infección.

Palabras claves: *Bacillus cereus*, fascitis necrotizante, mionecrosis

MARCALAIN, María Josefina (1), TAVERNA, Constanza (2), CÓRDOBA, Susana (2), CASTILLO, Natalia Alejandra (1)

1 Cátedra de Micología de la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán. 2 Departamento de Micología del Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". [marcalainjose@gmail.com](mailto:marcalainjose@gmail.com)

La criptococosis es una infección causada por levaduras capsuladas del género *Cryptococcus*, ampliamente distribuidas en la naturaleza. Los agentes causales más frecuentes son las especies de los complejos *C. neoformans* y *C. gattii*, las cuales se diferencian en la epidemiología y los cuadros clínicos que producen, siendo *C. neoformans* más frecuente en individuos inmunocomprometidos, mientras que *C. gattii* prevalece en inmunocompetentes. Se adquiere por la inhalación y posterior diseminación del hongo y produce principalmente criptococosis pulmonar o cerebral. En 2015 y 2017 se reportaron los primeros casos clínicos de criptococosis por *C. gattii* en Tucumán, pero hasta la fecha no existen reportes ambientales de este patógeno primario. El objetivo del presente estudio fue caracterizar fenotípica, genética y proteómicamente aislados ambientales de *Cryptococcus spp.* y evaluar su prevalencia en San Miguel de Tucumán. Se recolectaron 120 muestras en 9 parques y plazas de la ciudad. La identificación presuntiva de los aislados sospechosos se realizó mediante examen macro y micromorfológico y mediante pruebas bioquímicas. Posteriormente se recurrió a la caracterización proteómica empleando MALDI-TOF-MS. La genotipificación de las levaduras de los complejos *C. neoformans/C. gattii* se llevó a cabo por PCR-RFLP del gen *URA5*. Las levaduras no pertenecientes a los complejos fueron identificadas por secuenciación del ADN ribosomal. Finalmente se empleó el Método de Referencia EDef. 7.3.1-EUCAST para determinar la CIM de los aislamientos pertenecientes a los complejos *C. neoformans* y *C. gattii* a anfotericina B, flucitosina, fluconazol, itraconazol, voriconazol y posaconazol. La caracterización fenotípica permitió identificar presuntivamente 10 aislamientos sospechosos de pertenecer al género *Cryptococcus spp.*, de los cuales uno pudo ser identificado como *C. neoformans* y uno como *C. gattii*. MALDI-TOF permitió confirmar la identificación de *C. neoformans* y *C. gattii* obtenida por las pruebas presuntivas, mientras que el resto de los aislamientos solo pudieron confirmarse a nivel de género, debido a que la robustez de la biblioteca de referencia del equipo, no contó con suficientes espectros cargados provenientes de aislamientos ambientales, de baja frecuencia clínica. La identificación de estos aislados a nivel de especie pudo confirmarse mediante secuenciación del ADN ribosomal. Las técnicas empleadas en este trabajo, permitieron identificar un aislamiento de *C. gattii* genotipo VGI y un aislamiento de *C. neoformans* VNI, aislados de huecos de *Jacaranda mimosifolia* (Tarco) y *Handroanthus ochraceus* (lapacho amarillo), respectivamente, árboles autóctonos de nuestra provincia. Del mismo modo fueron obtenidos aislamientos de especies que anteriormente estaban clasificadas dentro del género *Cryptococcus*, correspondientes a *Papiliotrema laurentii*, *Papiliotrema terrestris* y *Hannaella luteola*. Los valores de CIM de *C. neoformans* y *C. gattii* para posaconazol y anfotericina B fueron mayores (0,5 y 1 mg/L respectivamente) que los valores de punto de corte epidemiológico provistos por la Red Nacional de Laboratorios de Micología de nuestro país (0,006 y 0,5 mg/L). Hasta la fecha, solo se ha establecido el punto de corte clínico para anfotericina B contra *C. neoformans*. El aislamiento *C. neoformans* resultó sensible a anfotericina B (CIM  $\leq$  1). En este trabajo reportamos por primera vez el aislamiento ambiental de *C. gattii* en la provincia de Tucumán.

Palabras clave: Complejo *C. neoformans/C. gattii*, MALDI-TOF, PCR-RFLP, Sensibilidad antifúngica, Prevalencia ambiental.

**MORONI, Mirian (1), BRENGI, Silvina (1), PANAGÓPULO, Marcela (1), ALCAIN, Andrea (1), CATALANO, Florencia (1), CAFFER, María Inés (1), VIÑAS, María Rosa (1).**

1 Servicio Enterobacterias, INEI-ANLIS "Carlos G. Malbrán", Argentina. [mmoroni@anlis.gob.ar](mailto:mmoroni@anlis.gob.ar)

*Yersinia enterocolitica* es un enteropatógeno zoonótico y de transmisión alimentaria perteneciente a la familia *Enterobacteriaceae*, bajo vigilancia y de notificación como caso de diarrea aguda en Argentina. Se encuentra en una gran variedad de animales (porcinos, pollos, ovinos, bovinos, equinos, conejos, roedores, gatos y perros), en el medio ambiente (lagos y corrientes de agua), en alimentos (lácteos, cremas, helados, carnes crudas y vegetales) e inclusive en alimentos refrigerados debido a su capacidad de crecer a 4°C. Es agente causal de una enfermedad caracterizada por diarrea y malestar abdominal, que puede cursar con fiebre y fuerte dolor abdominal en el cuadrante inferior derecho, generando un cuadro similar al de apendicitis. En el Laboratorio Nacional de Referencia (LNR) se reciben aislamientos en el marco de la Red de Laboratorios de Diarreas y Patógenos Bacterianos de Transmisión Alimentaria (RND), para su identificación y caracterización a fin de contribuir a la vigilancia. El objetivo de este trabajo, es el análisis de la caracterización de los aislamientos de *Y. enterocolitica* recibidos en los últimos 10 años en el LNR para la evaluación de su rol como agente causal de gastroenteritis y otras infecciones extraintestinales en Argentina. Desde el 2011, en el LNR se recibieron 103 aislamientos en el marco de la RND, los cuales fueron identificados mediante pruebas bioquímicas y en los últimos años, mediante el uso de la técnica de espectrometría de masa MALDITOF. Se determinó el biogrupo (1A, 1B, 2, 3, 4 y 5) por pruebas bioquímicas diferenciales. Anteriormente al 2011, en el LNR se recibieron además aislamientos de *Y. enterocolitica* recuperados de alimentos, tales como carne picada y chorizo. Desde 2011, el total de los aislamientos de *Y. enterocolitica* estudiados es de origen humano; siendo 91,3% de materia fecal y 8,7% de sangre. En su mayoría son procedentes de la región Centro y Sur del país (Córdoba 31,1%, CABA 14,6%, Buenos Aires 13,6%, Neuquén 13,6%, resto del país 27,2%). Una alta proporción de los casos se dio en niños de hasta 5 años. Se analizó un 37% de los aislamientos para la determinación del biogrupo por pruebas bioquímicas. Si bien *Yersinia enterocolitica* es de lento crecimiento; su búsqueda se facilita con el uso de medios selectivos y/o técnicas automatizadas, y su confirmación diagnóstica con la derivación al LNR. Se observó una alta incidencia en la población pediátrica y en algunas provincias del centro y sur del país. La diversidad en las fuentes de infección, indica que este enteropatógeno es de suma relevancia para la vigilancia y control de las infecciones causadas por el mismo. La importancia de fortalecer su búsqueda en el contexto de diarreas agudas y remitir al LNR los aislamientos para su caracterización, contribuiría a la vigilancia epidemiológica de este microorganismo.

Palabras clave: *Yersinia enterocolitica*, zoonosis, ETA

**ALONSO, Fernando Martin (1), POKLEPOVICH, Tomás (2), QUIROGA, María Paula (1), CAMPOS, Josefina (2), CENTRÓN, Daniela (1).**

1 Laboratorio de Investigaciones en Mecanismos de Resistencia a Antibióticos (IMPAM UBA-CONICET). 2 Plataforma de Genómica y Bioinformática (ANLIS-Malbrán). [fernando.m.alonso@hotmail.com](mailto:fernando.m.alonso@hotmail.com)

Los integrones son plataformas de recombinación y expresión de genes cassette que poseen un rol vital en la adaptación bacteriana. *Vibrio cholerae* es un patógeno humano primario de gran relevancia en salud pública y portador de un integron cromosómico sedentario (SCI). En este trabajo, comparamos el SCI de aislamientos de *V. cholerae* con comportamiento pandémico (Pnd; 7<sup>th</sup> pandemic El Tor, 7PET) y no pandémico (NPnd, no-7PET) para analizar el potencial uso del SCI como marcador de comportamiento epidemiológico. Para ello se utilizaron 8 genomas completos (4 Pnd y 4 NPnd) de *V. cholerae* pertenecientes a la colección de genomas de la Plataforma de Genómica y Bioinformática (ANLIS-Malbrán) obtenidos durante el brote de cólera de 1992 en Argentina. Los genomas se procesaron con los softwares *Spades* y *Prokka* y se utilizó el software *Integron finder* para predecir las regiones de integrones y sus componentes. Se analizó el pangenoma con OrthoMCL para identificar los genes únicos, genes *core* y no *core* dentro del SCI. Además, se calculó la identidad promedio de nucleótidos (ANI) de los integrones detectados mediante JSpeciesWS. Dentro del integrón se identificaron 339 familias de genes ortólogos y 5 genes pertenecientes al *core*: 2 pertenecientes a sistemas de toxina-antitoxina (TA) de tipo II, 1 integrasa de integron (IntIVch), 1 lipoproteína de membrana externa y 1 proteína hipotética. El SCI Pnd tuvo entre 1-4 genes únicos, y el SCI NPnd presentó entre 22-62 genes únicos ( $P < 0,0001$ ). Los SCI de los genomas Pnd compartieron 35 genes incluyendo 1 gen de resistencia al glufosinato, 2 endonucleasas HNH, 1 vibriolisina, 1 glioxalasa, 1 metilasa de modificación MbolI y varias proteínas hipotéticas. El SCI de los aislamientos de NPnd comparte un solo gen asociado con un sistema TA de tipo II (RelE / StbE), que no se encuentra en el SCI Pnd. La región del integron muestra un ANI promedio de 99,85% en los genomas Pnd y 93,63% en los genomas NPnd, siendo estas diferencias estadísticamente significativas ( $P < 0,0001$ ). Además, la longitud de los integrones fue de 41,4-94,5 Kb y estas diferencias no fueron estadísticamente significativas. El número total de sitios de *Vibrio cholerae* Repeats (VCR) fue 796, todas las secuencias de VCR fueron únicas, con una longitud promedio de 126 pb. Los integrones NPnd tenían entre 58-114 y el Pnd entre 84-101 VCR, estas diferencias no fueron estadísticamente significativas. Un mayor número de genes únicos fue encontrado en el SCI NPnd mostrando un sesgo hacia un SCI más abierto y activo. El uso del integrón cromosómico sedentario de *V. cholerae* como marcador de comportamiento epidemiológico es prometedor para complementar las técnicas tradicionales de vigilancia ambiental de este patógeno.

Palabras clave: integrones, *Vibrio cholerae*, resistencia a antibióticos

**TONELOTTO, María Eugenia (1), SOTO, Roxana (1), DOMÍNGUEZ, María José (2), DEBUCHY, Verónica (2), TINGHITELLA, Guillermo César (2), SOLANA, María Elisa (1).**

1 Depto. Cs. Básicas Universidad Nacional de Luján. 2 Depto. Tecnología Universidad Nacional de Luján. [marieuton@hotmail.com](mailto:marieuton@hotmail.com)

*Staphylococcus aureus* (*Sau*) es una de las principales causas de infecciones graves asociadas al cuidado de la salud, particularmente *Sau* resistente a meticilina (SAMR). Los portadores nasales de *Sau* son sus principales reservorios, capaces de diseminarlo a nivel nosocomial y de la comunidad. Este trabajo tiene como objetivo estimar la portación nasal de *Sau* y su perfil de sensibilidad a antimicrobianos en estudiantes de la carrera de Licenciatura en Enfermería, antes de su ingreso en instituciones de atención secundaria para la salud y durante la realización de sus prácticas pre-profesionales así como determinar los factores de riesgo asociados. Para dicho estudio longitudinal, se tomaron muestras de hisopados nasales a estudiantes pre (n=40) y pos-práctica hospitalaria (n=32), previa firma de CI y realización de un cuestionario sobre factores epidemiológicos (patologías de base, convivencia con niños o personal de salud, consumo de antibióticos, cirugías previas, etc). Las muestras obtenidas se sembraron en agar manitol salado y fueron incubadas a 37°C durante 24 hs. A las colonias confirmadas como *Sau* mediante pruebas bioquímicas, se les analizó el perfil de sensibilidad a antimicrobianos (oxacilina, cefoxitina, eritromicina, gentamicina, trimetroprima/sulfametoxazol, penicilina, tetraciclina, ciprofloxacina, eritromicina y cloranfenicol) por el método de difusión en discos. De las 40 muestras iniciales, se aisló *Sau* en 9 (22,5%) y 2 de ellas resultaron SAMR (22,2%). Luego del segundo muestreo, de los 9 individuos que resultaron colonizados en la 1ra muestra, se aisló nuevamente *Sau* en 6, 2 de los cuales mantuvieron la meticilino-resistencia. Por otro lado, en 2 participantes no colonizados inicialmente, se aisló *Sau* en su 2da muestra y uno de ellos resultó SAMR. Además, en 2 de ellos se registró resistencia acompañante a gentamicina y eritromicina. A partir del estudio de asociación entre variables epidemiológicas y el estado de portación de *Sau* surge que el hipotiroidismo constituye un factor de riesgo asociado a la colonización bacteriana con un *odd ratio* de 11,6 (IC95 1,66-81,1) ( $p = 0,02$ ). No hubo asociación estadísticamente significativa para el resto de los parámetros evaluados. Así los resultados obtenidos confirman que la prevalencia de portación de *Sau* en los estudiantes de Enfermería de la UNLu no difiere de la registrada en la bibliografía nacional/ mundial. Hasta hoy, no existen evidencias de asociación de hipotiroidismo como factor de riesgo de colonización nasal por *Sau* aunque, sí con otras enfermedades metabólicas, lo que podría indicar un comportamiento similar. Considerando el papel de eventuales transmisores de *Sau* que pueden ejercer los estudiantes de Enfermería en el ámbito de la salud, resulta importante diseñar estrategias de relevamiento de colonización previas a su ingreso a instituciones de atención secundaria para la salud así como reforzar las medidas bioseguridad a fin de minimizar la transmisión de *Sau* y evitar consecuencias graves para la salud de la población.

Palabras clave: portación nasal, *Staphylococcus aureus*, resistencia antibiótica.

**ALTAMIRANO, L. (1), ÁLVAREZ\*, C. (1), COLOMBRES, MS. (1), NÓBLEGA LM. (1), MÁRQUEZ, NE.<sup>1</sup>, ORELLANA NR (1)**

1- División Micología - Laboratorio de Salud Pública. Hospital Néstor Kirchner. San Miguel de Tucumán. [Tucumán. lorenadamianaa@gmail.com](mailto:lorenadamianaa@gmail.com)

La esporotricosis es una micosis subcutánea producida por especies del complejo *Sporothrix schenckii*. Los pacientes se infectan por inoculación traumática a través de fómites (espinas, escombros), suelo contaminado y/o rasguños de animales. La esporotricosis tiene dos formas clínicas: la cutánea (95%) que a su vez puede ser linfangítica (70%) o fija (25%) y una forma sistémica (5%). El objetivo es comunicar casos de esporotricosis de pacientes procedentes del departamento de Río Chico de la provincia de Tucumán. Caso clínico 1: hombre de 61 años internado en el Hospital Concepción por descompensación de cuadro diabético, además se constata lesión eritemato-costrosa en miembro izquierdo de varios meses de evolución. Antecedente realiza poda de árboles. Caso clínico 2: hombre de 31 años, sin patologías de base, trabajador azucarero, asiste a un CAPS por presentar lesión ulcerosa acompañada de nódulos que siguen un trayecto tronco linfático en miembro superior izquierdo, de dos semanas de evolución. En ambos casos, se realizó análisis micológicos a partir de biopsia en el Servicio de Micología del Laboratorio de Salud Pública de Tucumán, en donde fueron analizadas y procesadas según normativas del servicio. No se observó elementos fúngicos por microscopía, mientras que por cultivo a 28°C y 37°C a la semana se detectó el desarrollo de colonias filamentosas y levaduriformes respectivamente demostrando dimorfismo. La identificación a nivel de complejo se basó en características macro y micromorfológicas. Ambos pacientes fueron tratados con itraconazol obteniéndose resolución clínica. El mejor método diagnóstico es a través de los cultivos del tejido afectado. El examen microscópico de la muestra es de poco valor debido al escaso número de levaduras presentes. La demostración del dimorfismo permite confirmar la identificación de especie de *S. schenckii* complex para ello el hongo debe inocularse en un tubo con agar sangre a 37°C. Debe tenerse en cuenta que, en ocasiones, la conversión a la fase levaduriforme sólo se observa en los bordes de las colonias. La descripción de estos casos constituye el recordatorio de una entidad con una incidencia desconocida en nuestra provincia, quizás debido a un sub-reporte y a que no son eventos de notificación obligatorios. Consideramos necesario incentivar la comunicación de casos adquiridos en el territorio argentino con el fin de realizar estudios epidemiológicos futuros. Estos casos constituyen uno de los pocos reportados de esporotricosis linfo-cutánea contraída en Tucumán, con confirmación micológica.

Palabras clave: Esporotricosis, Tucumán, cultivo, dimorfismo

**VARGAS, Juan Martín (1), LOMENZO, Gregorio (2), CABRERA, Pilar (3), REYNOSO, Soledad (3), MORALES, Silvia (3), LOPEZ, Carolina (1), JURE, María Angela (1).**

1- Laboratorio de Bacteriología Certificado, Cátedra de Bacteriología, Instituto de Microbiología Luis Verna, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina. 2-Laboratorio de Microbiología, Hospital Eva Perón, Banda de Río Salí, Tucumán, Argentina. 3- Departamento de Infectología, Hospital Eva Perón, Banda de Río Salí, Tucumán, Argentina. Mail: [juan.martin.vargas@hotmail.com](mailto:juan.martin.vargas@hotmail.com)

La irrupción del SARS-CoV-2 ha supuesto un gran obstáculo en el normal funcionamiento de los programas de control de infección nosocomial, incluyendo la vigilancia activa de microorganismos multirresistentes (MMR). La pandemia COVID-19 ha provocado un aumento de la carga asistencial y ha obligado a realizar cambios en los flujos de trabajo, tanto a nivel de las unidades de hospitalización como de los laboratorios de microbiología. Además, las guías actuales sobre el manejo de pacientes con COVID-19 no incluyen recomendaciones sobre la realización de cultivos de vigilancia o medidas de control especiales para evitar las IN por MMR en estos pacientes. El objetivo de este trabajo fue evaluar la colonización por MMR y *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SAMR), en pacientes COVID-19 ingresados en las UCI de un hospital de tercer nivel. Presentamos un estudio prospectivo descriptivo en el que se analiza el aislamiento de MMR y SAMR, dentro del programa de vigilancia de resistencia antibiótica en las UCI de adultos de nuestro hospital, durante el periodo comprendido entre junio- agosto de 2021. Se realizaron estudios de colonización por MMR al ingreso del paciente en la unidad y de forma periódica una vez a la semana durante su estancia. Se recogieron muestras de exudado rectal (ER) para la búsqueda de MMR y exudado nasal (EN) para la búsqueda de SAMR, se analizaron un total de 87 muestras de ER y 112 muestras correspondientes a 69 pacientes con RT-PCR positiva para SARS-CoV-2. El screening microbiológico se realizó en medios cromogénicos y la caracterización molecular de  $\beta$ -lactamasas (*bla*<sub>KPC</sub>, *bla*<sub>OXA-48-like</sub>, *bla*<sub>VIM</sub>, *bla*<sub>IMP</sub>, *bla*<sub>NDM</sub>) asociadas a los MMR y del gen *mecA* asociado a SAMR por PCR. Los MMR hallados con mayor frecuencia fueron *A. baumannii* (40,9%) con un fenotipo de resistencia extrema (XDR) y no productor de carbapenemasas, seguido de enterobacterias productoras de carbapenemasas: *K. pneumoniae* (36,4%), *P. mirabilis* (9,09%), *E. coli* (4,55%) y *E. cloacae* (2,24%), y *A. baumannii* productor de carbapenemasas (6,82%). En cuanto a las enzimas detectadas, predominaron *bla*<sub>OXA-48-like</sub> y *bla*<sub>KPC</sub> (31,77%), seguido de *bla*<sub>NDM</sub> (25,92%) y *bla*<sub>VIM</sub> (10,54%); en un solo paciente se detectó *K. pneumoniae* coproductora de OXA-48-like y NDM. El tiempo promedio de colonización con MMR fue de 1 semana y los pacientes colonizados con SAMR fueron detectados el día cero, al ingresar a UCI. El 96% de los pacientes se encontraban con ventilación mecánica; entre los tratamientos antimicrobianos recibidos, el 20% de los pacientes recibieron tratamiento con vancomicina, 12% con Piperacilina-Tazobactam y 9 % con Ampicilina-Sulbactam, entre otros, durante su estancia en la UCI. Es importante recalcar que existen numerosos factores que incrementarían la posibilidad de colonización en pacientes COVID-19, como su mayor tiempo de estancia hospitalaria, el uso de técnicas invasivas, tratamiento antibiótico previo y la saturación del sistema sanitario que dificulta implementar los aislamientos de contacto, por lo cual es imprescindible, mantener activos los programas de vigilancia e implementar las medidas de contingencia necesarias para controlar la diseminación de estos microorganismos.

Palabras clave: COVID-19; unidad de cuidados intensivos; microorganismos multirresistentes.

**FLORES, Silvia Andrea (1), VARGAS, Juan Martín (2), JURE, María Angela (2)**

1 Laboratorio de Microbiología, Hospital Eva Perón, Banda de Río Salí, Tucumán, Argentina. 2 Laboratorio de Bacteriología Certificado, Cátedra de Bacteriología, Instituto de Microbiología Luis Verna, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina. [saf23\\_6@hotmail.com](mailto:saf23_6@hotmail.com)

Las infecciones adquiridas en hospitales van en aumento y un microorganismo de especial preocupación es *Acinetobacter baumannii* por su persistencia en el entorno hospitalario y su capacidad para adquirir resistencia a los antimicrobianos. Si bien existen directrices específicas para detectar y controlar su transmisión, *A. baumannii* continúa causando brotes nosocomiales, con la aparición de cepas multirresistentes (MDR) lo que amerita incrementar el control de este patógeno problemático y disminuir su colonización en intestinal en pacientes hospitalizados en Unidades de Cuidados Intensivos (UCI), reservorio epidemiológico importante para posteriores infecciones. Nuestro objetivo fue caracterizar aislamientos clínicos de *Acinetobacter* spp. MDR, recuperados de pacientes COVID-19 internados en UCI y conocer su incidencia de colonización/infección. Durante 30 días, se realizó un estudio prospectivo descriptivo desde el 13 julio al 18 de agosto de 2021, en tres unidades de cuidados intensivos del Hospital. La población de estudio estuvo constituida por 69 pacientes (25 a 81 años), quienes permanecieron hospitalizados en estas salas, con diagnóstico confirmado por la prueba de RT-PCR para el SARS-CoV-2. Las variables de estudio fueron: edad, sexo, tiempo de hospitalización previo al aislamiento, estancia hospitalaria, comorbilidades, colonización/adquisición de infección, tipo de infección y tratamiento antibiótico utilizado. El comité de ética del hospital aprobó el estudio y autorizó el acceso a la información de las historias clínicas. Se implementó un programa de cultivo de vigilancia activa (detección rectal al ingreso del paciente en la unidad y semanalmente durante su estancia) y caracterización y subtipificación molecular de aislamientos de *Acinetobacter* MDR. El screening microbiológico se realizó en medios cromogénicos; la identificación a nivel de especie por MALDITOF, las pruebas de susceptibilidad por métodos de difusión, VITEK y microdilución en caldo (CIM a colistina). La caracterización molecular de  $\beta$ -lactamasas (*bla*<sub>KPC</sub>, *bla*<sub>OXA-48-like</sub>, *bla*<sub>VIM</sub>, *bla*<sub>IMP</sub>, *bla*<sub>NDM</sub>, *bla*<sub>SHV</sub> y *bla*<sub>CTX-M</sub>) se realizó por PCR y la subtipificación molecular por PFGE. Todos los aislamientos se identificaron como *A. baumannii* y presentaron resistencia a  $\beta$ -lactámicos, incluyendo carbapenemes, ciprofloxacina, trimetoprima-sulfametoxazol y rifampicina; sensibilidad variable a gentamicina, ampicacina y minociclina, y sensibilidad a colistina y tigeciclina. Los pacientes estudiados se encontraban bajo respiración mecánica, con elevadas dosis de corticoides, presentaban comorbilidades (87%), entre las que destacan: enfermedades cardiovasculares (37%), obesidad (27%) y diabetes (27%) y con diferentes esquemas terapéuticos. De los 69 pacientes, 18 (26%) se colonizaron con *A. baumannii* MDR, de los cuales 6 (33%) se infectaron en el lapso de una semana con patrones de restricción/ PFGE idénticos en ambas cepas (colonizante y asociada a infección). De los 18 aislamientos de *A. baumannii* MDR, tres fueron productores de carbapenemasas (dos de VIM y uno de NDM) y el análisis de PFGE individualizó 2 clusters diferentes, asumiendo que la diseminación en las tres UCI fue clonal. Las cepas de *A. baumannii* MDR, representan un desafío para la salud pública es imprescindible identificar los mecanismos implicados para poder adaptar las opciones terapéuticas empíricas y continuar con los cultivos de vigilancia activa y medidas de control de infecciones en entornos de alto riesgo para prevenir brotes o infecciones invasivas por estas superbacterias.

Palabras clave: *Acinetobacter baumannii*, MDR, COVID-19, UCI.

## REPORTE DE CASO: DETECCIÓN RECURRENTE DE SARS-CoV-2 EN MUESTRAS RESPIRATORIAS DE UN INDIVIDUO INMUNOCOMPETENTE DURANTE UN AÑO, ¿PERSISTENCIA O REINFECCIÓN?

**SALIDO, Jimena (1), VELLA, Milda Alejandra (1), GÓMEZ, Paula (1), MORELLINI, Fernanda (1), PEREYRA, Roxana (1), DANTUR, Yanina (1), FLORES, Daniel (1).**

(1) Laboratorio Flores, SRL. Monteagudo 785, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina. [jimenasalido@gmail.com](mailto:jimenasalido@gmail.com)

A fines de diciembre de 2019 en Wuhan, China, estalló una epidemia de infecciones respiratorias causada por el nuevo coronavirus SARS-CoV-2. La enfermedad resultó altamente contagiosa, lo que llevó a su rápida extensión a nivel mundial. Los síntomas principales son: fiebre, tos seca, fatiga y dificultad para respirar. La infección viral, estimula la producción de anticuerpos específicos: IgM (3-10 días luego del inicio de la enfermedad) seguido de la producción de IgG. Como ha sido descripto para otros coronavirus, se esperaba que la infección fuese monofásica. Sin embargo, diferentes trabajos han reportado fenómenos de persistencia viral en pacientes ya recuperados. El objetivo del presente trabajo fue reportar un caso clínico leve de COVID-19 en un joven adulto sano quien, tras haber contraído la enfermedad, continúa (luego de 12 meses), arrojando resultados positivos en muestras respiratorias, acompañado de una baja producción de anticuerpos específicos, IgM e IgG. El paciente proveyó su consentimiento informado por escrito para la presentación de este trabajo. Durante un año, se sometió al individuo de sexo masculino, de 31 años de edad, y sin patologías de base reportadas, a la toma de hisopados nasofaríngeos en búsqueda de la presencia del virus SARS-CoV-2 (por RT-PCR e inmunocromatografía), realizándose, en ese período, un total de 44 determinaciones. De ellas, 12 fueron detectables para la presencia del virus, con intervalos variables entre muestras negativas y positivas (de 1 a 4 meses). Asimismo, se le tomaron 3 muestras de suero en diferentes momentos para la búsqueda de anticuerpos específicos (por ELISA, inmunocromatografía o quimioluminiscencia), resultando negativas para el dosaje de anticuerpos específicos tanto de tipo IgG como IgM. Trabajos previos sugieren varias hipótesis para explicar estas pruebas directas recurrentemente positivas en pacientes ya recuperados, como ser: falsos negativos y positivos, reactivación a partir de sitios "santuario" para el virus o reinfección. Pero el mecanismo que conduce a estos casos re-positivos aún no está claro. En este caso en particular, la débil producción de anticuerpos específicos, podría contribuir a una lenta erradicación viral. En línea con esto, puede considerarse la posibilidad de que algunos individuos actuarían como portadores crónicos del virus e, incluso, podrían transmitir la infección. En conclusión, comprender e identificar este tipo de fenómenos resulta relevante para lograr controlar finalmente la transmisión viral. Estudios tales como la comparación de secuencias genómicas de las cepas involucradas en estos episodios, la determinación de la capacidad infectiva por cultivo viral, así como la evaluación de la respuesta inmune de manera integral en individuos con infecciones similares, son fundamentales para lograr una comprensión profunda de los mecanismos involucrados en la fisiopatogenia viral.

Palabras clave: SARS-CoV-2, caso clínico, infección recurrente, bajo nivel de anticuerpos específicos.

**MALLOU, María Florencia (1), ZOLEZZI, Gisela (1), MANFREDI, Eduardo (1), BASCHKIER, Ariela (1), MASSA, Rosana (1), SCHESI, Carla (1), DEZA, Natalia (1), GHIGLIONE, Barbara (1) (2), MILIWEBSKY, Elizabeth (1), CARBONARI, Carolina (1), CHINEN, Isabel (1).**

1 Servicio Fisiopatogenia, Departamento de Bacteriología, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". 2 CONICET UBA, CABA. [flormallou@gmail.com](mailto:flormallou@gmail.com)

*Escherichia coli* diarregénico (DEC) es un grupo de cepas heterogéneas que poseen diversos factores de virulencia y que se asocian a casos de diarrea (D) y diarrea sanguinolenta (DS). Comprende a las categorías de *E. coli* enteropatógeno (EPEC), enterotoxigénico (ETEC), enteroagregativo (EAEC), enteroinvasivo (EIEC) y *E. coli* productor de toxina Shiga (STEC). La incidencia y el riesgo de mortalidad por enfermedad diarreica son mayores en niños menores de cinco años. Se realizó un estudio para determinar la frecuencia de infección por las diferentes categorías de DEC (excepto STEC que no fue objeto de estudio en este trabajo) en muestras de materia fecal recibidas de pacientes con D y DS en el período comprendido entre el año 2018 al 2020. Para ello se trabajó con dos PCR múltiples, mPCR1 para EPEC (*eae*) y ETEC (*lt*, *st<sub>p</sub>* y *st<sub>h</sub>*) y mPCR2 para EAEC (*aggR*) y EIEC (*ipaH*), dirigidas a la detección de seis genes de virulencia específicos de cada categoría. Durante el período en estudio se recibieron un total 706 casos de los cuales 279 correspondieron a D y 427 a DS. Se detectó infección por DEC en 70 (24.01%) y 63 (14.75%) muestras, respectivamente. Del total de las DEC aisladas (133 muestras) se observó que 59 (44.36%) correspondieron a EAEC, 36 (27.07%) a EPEC y en menor proporción se detectaron EIEC (22 cepas; 16.54%), y ETEC (8 cepas; 6.02%). En 8 casos (6.02%) se observó coinfección con más de una categoría. De las DEC detectadas un 72.8% (83/114) correspondieron a niños menores de 5 años (en 19 casos no se contó con el dato de la edad). Los resultados de este trabajo permitieron estimar en los casos de diarrea y DS estudiados, una frecuencia de infección por estas categorías de un 18.8% (133/706). La categoría de EAEC fue prevalente y presentó una mayor frecuencia de infección seguida de EPEC, EIEC y ETEC. Además fueron detectadas en un bajo porcentaje infecciones asociadas a más de una categoría de *E. coli*. Dado que las cepas de *E. coli* poseen características fenotípicas similares, la identificación de los factores de virulencia específicos de cada categoría de DEC es requerido para poder diferenciarlas entre si y de cepas de *E. coli* no patógenas, y para poder detectar nuevos patotipos híbridos. Teniendo en cuenta la relevante cantidad de cepas no-STEC que son causantes de diarreas y DS, la identificación de DEC es importante para comprender el espectro de causas asociadas a la enfermedad, rastrear las fuentes de infección y las posibles vías de transmisión. La rápida detección de estos patógenos es de relevancia para establecer el tratamiento adecuado de los pacientes con diarrea y para una vigilancia epidemiológica activa y efectiva.

Palabras clave: *Escherichia coli*, DEC, EPEC, EIEC, EAEC, ETEC.

**GHIGLIONE, Barbara (1) (2), ZOLEZZI, Gisela (1), MANFREDI, Eduardo (1), MALLOU, María Florencia (1), MILIWEBSKY, Elizabeth (1), MASSA, Rosana (1), CAMPOS, Josefina (3), CHINEN, Isabel (1).**

1 Servicio Fisiopatogenia, Departamento de Bacteriología, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". 2 CONICET UBA, CABA.

3 Plataforma de Genómica y Bioinformática INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". [barbaraq@ffyb.uba.ar](mailto:barbaraq@ffyb.uba.ar)

*Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es un patógeno asociado a enfermedades transmitidas por los alimentos. En Argentina, los casos de SUH e infecciones por STEC son de gran preocupación por su alta incidencia. La vigilancia se ha fortalecido en los últimos años con la implementación de la Secuenciación de Genoma Completo (SGC), lo que ha permitido ampliar la información sobre las características genómicas de las cepas circulantes. Aunque trabajos previos han reportado resistencia a los antimicrobianos (RAM) en STEC, la observación de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) en este patógeno es un hecho poco frecuente. El objetivo de este trabajo fue caracterizar los mecanismos de resistencia en una cepa de STEC O157:H7 resistente a ampicilina aislada de un niño con diarrea utilizando técnicas fenotípicas, moleculares y genómicas. Durante el período de estudio (3-12-19 al 20-1-2020, se analizaron por SGC 68 aislamientos de STEC de un total de 208 casos clínicos. Se determinó la presencia de un único aislamiento resistente a las cefalosporinas de tercera generación, en el que se corroboró la presencia de BLEE mediante el ensayo de sinergia de doble disco (CAZ-AMC-CTX). Éste fue aislado a partir de las heces de un paciente pediátrico con diarrea y se confirmó por PCR y SGC que se trataba de un aislamiento de STEC O157:H7 *stx*<sub>2a</sub>/*stx*<sub>2c</sub>, ST11, del Clado 8 (según Riordan). Este aislamiento fue idéntico por PFGE y tipificación molecular a otro recuperado con 25 días de diferencia a partir de las heces de un niño con diarrea que se atendió en la misma institución, pero sensible a ampicilina y no productor CTX-M. El análisis bioinformático del ensamblaje obtenido con el programa Unicycler permitió asignar la presencia de un plásmido perteneciente al grupo de incompatibilidad Inc11, y determinar que *bla*<sub>CTX-M-14</sub> se encuentra asociado a IS26 e IS903 upstream y downstream, respectivamente. El mapeo del contig con *bla*<sub>CTX-M-14</sub> contra NCBI nos permitió inferir la asociación a un plásmido relacionado con pV404 (número de acceso LM651376). El plásmido pV404 ha sido reportado previamente en diversos filogrupos de *E. coli* de la microbiota intestinal de niños sanos en un entorno comunitario del Chaco boliviano. La contribución local a la RAM encontrada en STEC es baja, aunque la presencia de un plásmido portador de *bla*<sub>CTX-M-14</sub> señala una vez más la necesidad de comprender la relación entre genotipos de virulencia, antecedentes filogenéticos y rasgos de resistencia en *E. coli* patógena. El análisis de los diversos patotipos de *E. coli* desde un punto de vista global permitiría comprender mejor qué presiones selectivas pueden promover tales combinaciones de patógenos virulentos y altamente resistentes y qué relevancia tiene su portación en un nicho compartido con otros patógenos como *Shigella* y *Salmonella*.

Palabras claves: STEC, CTX-M-14, Inc11

**MI26****BACTERIEMIA POR *Nocardia farcinica* EN PACIENTE INMUNOCOMPROMETIDO****BALBONA, Marianela (1), BLANCO, Miriam Edith (1), GODOY, Dario Amilcar (1), D'URSO, Gustavo Hernán (1), GONZALEZ, Yanina Deborah Soledad (1), PESTANA, Laura Marta (1), LOUDET, Stella Maris (1).***1 Hospital de Alta Complejidad en Red El Cruce "Dr. N. C. Kirchner" SAMIC. [marianela.balbona@gmail.com](mailto:marianela.balbona@gmail.com)*

La bacteriemia por *Nocardia spp* es una entidad poco frecuente con elevada mortalidad (40%). La nocardiosis es una infección oportunista que afecta a pacientes inmunocomprometidos, con alteración de la inmunidad celular, tratamiento con glucocorticoides, tumores, trasplantes de órganos y/o infección por HIV. La presentación más frecuente es la pulmonar, seguida de la diseminada, la extrapulmonar (principalmente SNC) y la enfermedad primaria de la piel y los tejidos blandos. *Nocardia spp* pertenece al orden de Actinomycetales. Son bacilos gram positivos, finos, filamentosos, ramificados y parcialmente ácido-resistentes. Son microorganismos ambientales ubicuos, forman parte del suelo, polvo, materia orgánica en descomposición y también agua salada y dulce. El tratamiento empírico es trimetoprima-sulfametoxazol (TMS) en monoterapia, aunque en infecciones graves o sistémicas suele utilizarse combinado con amikacina (AMK), carbapenémicos o cefalosporinas de tercera generación. El objetivo fue presentar un caso clínico de bacteriemia en paciente inmunocomprometido secundaria a infección de partes blandas por *Nocardia farcinica*. Paciente femenino de 69 años con antecedente de Mieloma Múltiple, TAMO hace 7 años en recaída. Ingresó febril y confusa con una úlcera en miembro inferior que no respondía al tratamiento antibiótico. Presentó leucocitosis con neutrofilia y anemia, hepatograma y función renal normales. Se recibieron en el área de microbiología muestras de hemocultivos, urocultivo y punción aspiración de partes blandas de la úlcera. A las 48 hs de incubación, en el cultivo de partes blandas se observó desarrollo en agar sangre ovina 5% (AS) y agar CLDE de colonias típicas, compatibles con actinomicetales. La coloración de Gram mostró bacilos grampositivos ramificados y la coloración de Kinyoun ácido-resistencia parcial. A las 82 hs de incubación positivizaron los hemocultivos evidenciando bacilos grampositivos, ramificados, con tinción no uniforme, parcialmente ácido-resistentes. En el subcultivo en AS, a las 24 hs se observó desarrollo de colonias amarillas, secas, levantadas, agarradas al agar. Se realizó la identificación de los aislamientos utilizando MALDI-TOF (Vitek MS, BioMerieux) obteniéndose *Nocardia farcinica* con 99.9% de certeza de identificación. Se determinaron las CIMs por tiras de gradiente en Agar Mueller-Hinton de AMK (0.5 ug/ml), cefotaxima (>256 ug/ml), imipenem (0.5 ug/ml) y TMS (<0.125 ug/ml). Se inició tratamiento con TMS e Imipenem. Se solicitó RNM de cerebro para descartar abscesos secundarios. La paciente obitó el día 20º de internación por sepsis de origen en partes blandas. Los pacientes inmunocomprometidos representan siempre un desafío diagnóstico. Los bacilos gram positivos son considerados habitualmente como contaminantes, pero ante la presencia de bacilos grampositivos ramificados ácido-resistentes es importante la sospecha de actinomicetales y la notificación inmediata desde el laboratorio debido a su rol patógeno potencial. La identificación a nivel de especie del agente causal es relevante debido a las diferencias en el perfil de sensibilidad de las distintas especies. El aislamiento de este tipo de microorganismos en hemocultivos exige la búsqueda del origen y la presencia de posibles impactos secundarios. El éxito terapéutico depende de la instauración del tratamiento antimicrobiano precoz, adecuado, y del estado inmunológico del paciente.

Palabras clave: infección de partes blandas, *Nocardia*, inmunocomprometidos.

**BALBUENA-ALONSO, María Guadalupe (1), CAMPS, Manel (2), CORTÉS-CORTÉS, Gerardo (1), KIM, Jay (2), LOZANO-ZARAIN, Patricia (1), ROCHA-GRACIA, Rosa del Carmen (1)**

1 Posgrado en Microbiología. Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas. ICUAP. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. 2 Department of Microbiology and Environmental Toxicology. University of California at Santa Cruz. [mariaquadalupe.balbuenaalonso@viep.com.mx](mailto:mariaquadalupe.balbuenaalonso@viep.com.mx)

*Escherichia coli* es una enterobacteria que reside en diversos hospederos y ambientes, en algunos casos actúa como bacteria patógena causando infecciones intestinales y extraintestinales. Esta diversidad de estilos de vida está asociada con la alta plasticidad de su genoma, involucrando frecuentemente la presencia de genes de virulencia y un número cada vez mayor de genes de resistencia a antibióticos. Por otra parte, *E. coli* es una de las principales bacterias asociadas al consumo de alimentos; sin embargo, la comprensión de la dinámica de transmisión de estas bacterias y/o sus determinantes de virulencia y resistencia a antibióticos, a diferentes hospederos a través de la cadena alimentaria está poco esclarecida. El objetivo fue analizar la relación filogenética y el contenido de genes de virulencia y de resistencia a antibióticos de genomas de *E. coli* de origen alimentario y clínico. Se analizaron *in silico* 77 genomas de *E. coli* de origen alimentario y 649 genomas de origen clínico depositados en el *GenBank* hasta el 31 de diciembre de 2020. El análisis se realizó empleando diferentes herramientas bioinformáticas. Se identificaron siete filogrupos (A, B1, B2, C, D, E y F) en genomas de ambas poblaciones, resaltando su amplia diversidad en ambos nichos, siendo los filogrupos A, B y E los más frecuentes, y los filogrupos C, D y F los de menor frecuencia. La principal diferencia entre las cepas de ambos orígenes fue la frecuencia de genomas vinculados al filogrupo B2, el cual fue más abundante en aislamientos clínicos. El análisis de secuenciación (ST) reveló diferencias considerables. De las 218 STs diferentes que se encontraron combinando las dos poblaciones, sólo 16 STs coincidían: El 77% de las STs alimentarias y el 65% de las clínicas eran únicas. Además, identificamos cuatro patotipos en los genomas alimentarios (EHEC, EPEC, STEC, DAEC) y otros tres en los genomas clínicos (UPEC, EIEC y EAEC). Todos los genomas mostraron al menos un gen asociado a la resistencia a antibióticos, con un máximo de 21 y 36 genes en genomas alimentarios y clínicos, respectivamente. Se identificaron 175 tipos de genes diferentes asociados a la resistencia a antibióticos que confieren resistencia al menos a 15 familias de antibióticos, siendo los asociados con la resistencia a los aminoglucósidos y betalactámicos los de mayor prevalencia y diversidad. También, el 100% (77/77) de los genomas de origen alimentario y el 97% (638/649) de los clínicos mostraron la presencia de al menos un gen de virulencia, siendo 27 y 31 el número máximo, respectivamente. Identificamos 72 tipos de genes de virulencia, los que en su mayoría estuvieron asociados al proceso de adherencia y síntesis de toxinas. Este análisis además de revelar la amplia diversidad clonal de *E. coli* en ambos nichos, pone de manifiesto que las cepas transmitidas por los alimentos al igual que las clínicas, representan un riesgo para la salud humana y animal no sólo por su patogenicidad, sino por el papel potencial de actuar como reservorios de determinantes de virulencia y resistencia a los antibióticos.

Palabras clave: *Escherichia coli*, genómica comparativa, genes de resistencia, genes de virulencia, cadena alimentaria.

**PREVALENCIA DE PORTACIÓN DE ESTREPTOCOCO DEL GRUPO B (EGB) EN PACIENTES EMBARAZADAS DE LA UNIDAD DE MICROBIOLOGIA DEL HOSPITAL EVA PERON. RESCATE DE EBG EN INFECCIONES NEONATALES, EXPERIENCIA EN 8 AÑOS DE TRABAJO**

**DURANDAL, Mónica Graciela (1), PIDUTTI, Agustina María (1), BILAVCIK, Carlos Fabián (1), PONDAL, Yolanda Beatriz (1), VALLEJOS, Alicia Cecilia (1,2), FLORES, Silvia Andrea (1)**

*1 Unidad de Microbiología del Hospital Eva Perón, Banda del Río Salí, Tucumán, Argentina. 2 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán. [monicad1179@gmail.com](mailto:monicad1179@gmail.com)*

El estreptococo del grupo B (EGB) es una de las causas más frecuentes de sepsis neonatal precoz. Este microorganismo forma parte de la flora del tracto gastrointestinal, desde el cual, de forma intermitente puede colonizar la vagina. En Argentina la tasa de colonización en embarazadas varía del 5 al 35% dependiendo de la población estudiada. La infección del recién nacido se produce, en la mayoría de los casos, durante el parto a partir del tracto genital materno, manifestándose en las primeras horas de vida como neumonía, sepsis o meningitis. Por esto es importante determinar la portación en la semana 35 a 37 de gestación y poder realizar la profilaxis antibiótica intraparto. El objetivo de este trabajo fue conocer la prevalencia de colonización por EGB en embarazadas que concurren al laboratorio del Hospital Eva Perón y determinar el número de aislamientos de EGB en hemocultivos en el contexto de las infecciones materno infantiles. En un estudio retrospectivo descriptivo, se analizaron las muestras de hisopado anal e introito vaginal de 6005 embarazadas, durante el período comprendido desde junio de 2013 hasta julio de 2021. Las muestras se procesaron de acuerdo a los consensos nacionales. Para el reporte de infecciones neonatales producidas por el EGB se documentaron los rescates en muestras de hemocultivos y placenta. De las 6005 embarazadas estudiadas, 622 tuvieron cultivo positivo para EGB, lo que indica una prevalencia del 10.35 %. La infección por el EGB en nuestro hospital durante 8 años fue de 10 pacientes, 7 neonatos y 3 embarazadas, recuperándose a partir de hemocultivos y en 1 de las mujeres además en placenta. En ninguno de estos reportes se había realizado el estudio de portación, debido a que en el caso de los bebés nacieron antes de la semana 35 de gestación, y en el caso de las embarazadas 2 tuvieron abortos y 1 un parto prematuro donde el bebé falleció. Teniendo en cuenta la prevalencia de portación del EGB en nuestra población, el bajo costo de la determinación y su contribución a disminuir los riesgos de infección del recién nacidos, la búsqueda de EGB es importante realizarla en todas las embarazadas. Las infecciones neonatales que se producen antes de la semana 35-37 de embarazo nos recuerdan que es importante contar con nuevas estrategias para prevenir la infección neonatal, como la inmunización de mujeres en edad fértil, con una vacuna segura y eficaz. Esto podría ser la solución definitiva a este problema.

Palabras clave: Estreptococo Grupo B, embarazadas, neonatos

**MI29****SHOCK SÉPTICO POR *Pasteurella multocida*****MENDIETA, Sonia, LÓPEZ, Ana, CABRAL, Marcelo, MACHACA, Marianela**Hospital Pablo Soria –Jujuy. [alejasonia@hotmail.com](mailto:alejasonia@hotmail.com)

*Pasteurella multocida* es un cocobacilo gram negativo que se encuentra en la orofaringe y en el tracto digestivo de animales domésticos principalmente, pero también de animales salvajes. El cuadro clínico más común es la infección de piel y tejidos blandos, posterior a una mordedura animal., seguido por infecciones del tracto respiratorio, que afecta en la mayoría de los casos a personas con una enfermedad pulmonar subyacente. Se han reportado casos infrecuentes de septicemia, endocarditis y meningitis, con mayor frecuencia en personas mayores de 50 años. Se reporta el caso de un paciente con reemplazo valvular con bacteriemia y bacteriuria por *P. multocida*. Hombre de 61 años procedente de zona rural del departamento de Tilcara (Jujuy), dedicado a la cría de animales, ingresa al hospital con un cuadro de shock séptico. Los resultados del laboratorio al momento de su ingreso fueron: Hematocrito 28%, Hemoglobina 9.3 mg/dl, glóbulos blancos 25000/ul con neutrofilia y desviación a la izquierda, plaquetas 33000/ul, procalcitonina 34.6 ng/ml, dímero D 800 ng/ml, urea 238 mg/dl, creatinina 6.40 mg/dl, bilirrubina total 10 mg/dl, Bilirrubina directa 8 mg/dl, GOT 44 UI/L, GPT 26 UI/L. Se tomaron muestras de orina, y muestras de sangre que se cultivaron en frascos aeróbico y anaeróbico BacTAlert, siendo estas últimas positivas a las 10 horas de incubación, observándose en la coloración de gram cocobacilos gram negativos pleomórficos. Se realizó subcultivo en agar sangre y EMB, en aerobiosis a 35°C. A las 24 horas se observa crecimiento solo en Agar sangre, de colonias blanco-grisáceas, de 1-2 mm de diámetro, no hemolíticas. Por las pruebas convencionales: catalasa, oxidasa, indol, ornitina descarboxilasa, sacarosa y manitol positivos, y urea, maltosa y lactosa negativos, se identificó al germen, confirmado por Vitek 2 y por el Instituto Malbrán (Maldi-tof). Al mismo tiempo, la orina tuvo un recuento de 10000 UFC/ml, con un aislamiento igual al obtenido en sangre. Las bacteriemias por *P. multocida* son relativamente infrecuentes, por lo tanto, se debe incluir en el diagnóstico diferencial de los agentes etiológicos de shock séptico de origen desconocido, cuando existen antecedentes epidemiológicos y de convivencia con animales, con el fin de iniciar el tratamiento antibiótico empírico adecuado.

Palabras clave: bacteriemia, endocarditis, septicemia.

**VALLEJOS, Augusto (1), TRACOGNA, María (1), CAROL REY, Mariana (1), BREGANT, Matías (1), FERNANDEZ, Mariana (1), CATTANA, María (1), GARIBOGLIO VÁZQUEZ, María (1).**

1 Hospital Dr. Julio C. Perrando, Chaco. [lucreciaqariboglio@hotmail.com](mailto:lucreciaqariboglio@hotmail.com)

Las enterobacterias productoras de carbapenemasas (EPC) constituyen una de las principales preocupaciones de la salud pública, especialmente las carbapenemasas de tipo plasmídicas KPC y MBL. El objetivo del trabajo fue describir la evolución de las colonizaciones por EPC en pacientes internados en unidades de cuidados intensivos en un hospital de adultos de la provincia del Chaco. Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo, donde se analizaron estudios de portación anal para EPC en los servicios de unidad de cuidados intensivos polivalente (UTI) y modular COVID (HMUTI) del Hospital J. C. Perrando entre enero y agosto del 2021. El cultivo primario se realizó en el medio selectivo CHROMAGAR™ KPC. La detección de carbapenemasas se realizó por medio de los métodos de BLUE CARBA y DCMBRIT (Britania). Una vez detectadas las portaciones positivas, se observó si esos pacientes desarrollaron una infección por la carbapenemasa aislada previamente en portación. Se realizaron 379 hisopados anales, el 26% (n=98) fueron positivos para EPC. Coincidente con la bibliografía consultada, *K. pneumoniae* fue la EPC más prevalente con el 69% (n=35) de los aislamientos de HMUTI y 87% (n=41) de UTI. El resto de las carbapenemasas correspondían a aislamientos de *K. aerogenes* en un 15% (n=8), *E. cloacae* en un 10% (n=5), *P. mirabilis*, *K. oxytoca* y *C. freundii* en un 2% (n=1) en HMUTI, así como de *K. oxytoca*, *P. mirabilis* en un 5% (n=2) y *C. freundii* en un 3% (n=1) en UTI. Esta variabilidad de especies refleja la capacidad de diseminación interespecie que poseen los elementos genéticos móviles que contienen a las carbapenemasas.

En HMUTI, en enero se obtuvo un 18% de portaciones positivas donde el 100% se correspondía con carbapenemasas tipo KPC, el porcentaje de positivos fue aumentando hasta agosto donde alcanzo un 81%, siendo el 100% identificados como MBL. En UTI, la variación de casos positivos fue de un 14% en enero con un 25% de EPC tipo MBL y 75% KPC, hasta un 49% en agosto donde las frecuencias fueron del 40% y del 60% respectivamente. El aumento de EPC en este periodo coincidió con el aumento de pacientes hospitalizados por COVID durante la segunda ola en la provincia. El 15% (n=15) de los pacientes con portación positiva para EPC, desarrollaron una infección con cepas portadoras de la misma enzima. Los factores que intervienen en la rápida dispersión de cepas productoras de MBL son, sobre todo, la higiene deficiente y el uso indiscriminado de antibióticos de amplio espectro en hospitales. Además, estos microorganismos se transfieren fácilmente entre humanos, por contacto directo, por el agua o por fomites. La vigilancia activa junto a estrategias que limiten la diseminación de EPC, como el aislamiento de contacto de pacientes colonizados, el uso racional de antimicrobianos, y comités de control de infecciones que capaciten en forma permanente al personal de atención directa al paciente, son medidas necesarias para evitar la proliferación de estas cepas.

Palabras clave: carbapenemasas- portaciones anales- vigilancia activa

SOSA, María (1)(2), RAUSCH, Luciana (1), GÓMEZ BARRIOS, Augusto (3), RODRIGUEZ, Tatiana Ríos (3), PACCE, Mirta (1), FARIAS, Grisel (1)

1. Laboratorio Central de Redes y Programas. Corrientes. 2 Instituto de Medicina Regional. UNNE. 3 Hospital Escuela de Corrientes.

La *Nocardia* se adquiere por inhalación, inoculación directa a través de la piel o tejido subcutáneo. Es una bacteria oportunista, ubicua en el ambiente. La infección es poco común, generalmente se encuentra una lesión inicial en piel o en el pulmón que posteriormente se disemina al sistema nervioso central. En el SNC genera el 2% de los abscesos, y es 2,5 a 3 veces más común en hombres que en mujeres. Se presenta un caso de manejo multidisciplinario de nocardiosis cerebral. Paciente de sexo masculino de 61 años, oriundo de Curuzú Cuatia (Corrientes) con antecedentes de HTA diagnosticada hace 15 años sin tratamiento actual. Recolector de residuos, con antecedentes de múltiples lesiones cutáneas por heridas cortantes. Inicia hace 3 meses con episodios convulsivos tónicos clónicos y cefalea intensa, por lo cual consulta al centro de su localidad donde se realiza TC de cerebro donde se evidencia LOE múltiples, por lo que se realiza RMN de cerebro que informa lesión expansiva intra-axial cortico-subcortical que realiza en forma heterogénea compatible con implante secundario. Agrega hemiplejía braquio-crural izquierda, registros febriles y desorientación temporo espacial. Evolucionando una semana después con paresia del hemicuerpo derecho y afasia de expresión, decidiéndose su derivación al Hospital Escuela de Corrientes. Ingresa al servicio de neurocirugía, vigil, afásico, realizándose biopsia estereotáxica obteniéndose material purulento, luego del procedimiento pasa al servicio de clínica médica. Evoluciona con mal patrón respiratorio, por lo que se decide su intubación orotraqueal para protección de vía aérea. Se envían muestras al laboratorio bacteriología, anatomía patológica y al Laboratorio Central de Corrientes y se inicia antibioticoterapia empírica con Vancomicina, Ceftriaxona y Metronidazol. Por mejoría del Score neurológico se extuba el día 01/03/2021. El día 03/03/2021 el laboratorio de bacteriología informa bacteria filamentosas gram +, probable *Nocardia* sp, y se rota esquema a Meropenem, Ampicilina y TMS/SMX. El día 10/04/2021 se obtiene la identificación definitiva proveniente del Instituto Malbrán que informa *Nocardia farcinica*. Se suspende ampicilina y continúa con esquema antibiótico con Meropenem y TMS/SMX. El día 20/04/2021 se recibe la información del estudio de CIM realizado por el Instituto Malbrán por lo que se decide modificar el esquema terapéutico a Imipenem y Ciprofloxacina. Al mes de instaurado el tratamiento dirigido se realiza nueva RMN de cerebro de control, donde se evidencia progresión de las lesiones, por lo que se decide continuar con el tratamiento endovenoso, luego el paciente es derivado a su localidad para continuar su tratamiento, perdiéndose el seguimiento del paciente. Si bien la nocardiosis cerebral es de baja incidencia, este caso destaca la necesidad de incluirlo en el diagnóstico diferencial en pacientes con factores epidemiológicos como los que presentaba este paciente.

Palabras clave: Absceso cerebral, *Nocardia*, Biopsia, Estereotáxica.

**VILLANUEVA, Freddy (1,2), MAMANI, Dick (1,2), BARRON, Heli (2), ORTIZ, Tamin (2,3), MALLMA, Katia (1), ALBERTI, Stefany (2)**

1 Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas. 2 Universidad Nacional Mayor de San Marcos. 3 Laboratorios AUNA [freddyvillanue@gmail.com](mailto:freddyvillanue@gmail.com)

Las infecciones por enterobacterias productoras de carbapenemasas (EPC) poseen alta mortalidad y van extendiéndose cada vez más a varios países. La OXA-48 es una carbapenemasa producida por un número creciente y variado de EPC, cuya aparición está mediada por un plásmido que facilita su diseminación en la comunidad y el medio ambiente. Aunque esta oxacilinas hidroliza débilmente a los carbapenémicos sin afectar a cefalosporinas de amplio espectro, cuando se asocia a defectos de permeabilidad y producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), el nivel de resistencia a estas puede ser significativamente mayor. Sin embargo, los aislamientos productores de OXA-48 pueden pasar desapercibidos debido a su relativa susceptibilidad a carbapenémicos y cefalosporinas y a la falta de una prueba fenotípica para su reconocimiento, siendo necesarias las técnicas inmunocromatográficas y moleculares para su detección. Este reporte busca caracterizar los primeros aislamientos de EPC OXA-48 detectados en nuestro laboratorio. Entre marzo y agosto de este año se han detectado seis aislamientos de EPC OXA-48 sin aparente relación entre sí. Se aislaron cinco cepas de pacientes hospitalizados tratados previamente con carbapenémicos y uno de admisión ambulatoria. La etiología de estas EPC OXA-48 incluyó *K. aerogenes* (3), *K. pneumoniae* (2) y *E. coli* (1). En el estudio de sensibilidad antimicrobiana por el método de diluciones se encontró resistencia a ertapenem (>1, 2, >2) y piperacilina/tazobactam (>64/4) (6/6), producción de BLEE y AmpC (3/6) y resistencia a imipenem y meropenem (2/6). Posteriormente, el estudio inmunocromatográfico confirmó la presencia de OXA-48 en los seis aislamientos, descartándose la producción de otras carbapenemasas por ambos métodos. Además, se evaluaron 4 aislamientos por PCR multiplex detectándose el gen *blaOXA-48-like* en todos ellos sin detectarse otros genes de carbapenemasas (NDM, VIM, IMP y KPC). Nosotros advertimos la aparición de EPC OXA-48 en nuestro centro hospitalario y que carece de antecedentes en nuestro medio. La mayoría de los EPC OXA-48 detectados muestran un posible origen hospitalario probablemente a consecuencia del uso previo y masivo de carbapenémicos en la práctica médica rutinaria. Por el contrario, uno de los aislamientos nos indicaría su origen comunitario, algo descrito previamente y que alerta la diseminación de esta enzima. El hallazgo de resistencia a ertapenem y piperacilina/tazobactam en el antibiograma y para todos los aislamientos muestra una potencial utilidad de estos como marcadores presuntivos de OXA-48, lo que coincide con lo encontrado por otros autores. Por otro lado, la resistencia asociada por producción de BLEE, AMPc e impermeabilidad pueden explicar la resistencia in vitro de algunos de nuestros aislamientos frente a imipenem y meropenem, lo que podría significar una mayor probabilidad de fracaso terapéutico al emplear estos antibióticos. La confirmación de la emergencia de aislamientos de EPC OXA-48 en nuestra institución resalta la necesidad de implementar medidas de vigilancia y detección de estas cepas resistentes que limiten su diseminación. Por ello, alentamos el uso de metodologías sencillas y poco costosas para el tamizaje y la confirmación de aislamientos de EPC OXA-48 mediante la evaluación de ertapenem y piperacilina/tazobactam en el antibiograma y su posterior confirmación inmunocromatográfica.

Palabras clave: OXA-48, carbapenemasas, enterobacterias, emergencia.

**MENA, Cristian (1), SERVIAN, Andrea (2), BRUNETTO, Micaela (3), ARIAS, Diego (4) BARNES Andrés (5) GUASCONI, Lorena (1), BURSTEIN, Verónica (1), BECCACECE, Ignacio (1), ALMEIDA, Mariel (1), CERVI, Laura (1), CHIAPELLO, Laura (1).**

1 Laboratorio de Parasitología y Micología Experimental, Departamento de Bioquímica Clínica, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Centro de Investigaciones en Bioquímica Clínica e Inmunología (CIBICI) - CONICET. 2 Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores, CONICET - UNLP. 3 Laboratorio Central de la Provincia de Córdoba. 4 Instituto de Agrobiotecnología del Litoral, CONICET – UNL. 5 Laboratorio de Microbiología, Hospital Rawson Córdoba.

Varias especies de protozoos del género *Entamoeba* pueden colonizar el intestino humano. Sin embargo, *Entamoeba histolytica* es la única especie reconocida como patógena, siendo el agente causal de la amebiasis intestinal. Otras especies, tales como *Entamoeba dispar*, *E. moshkovskii* y *E. bangladeshi* son morfológicamente idénticas a *E. histolytica*, aunque aún no se ha establecido un posible rol patogénico de estas especies en humanos. Por lo tanto, la identificación diferencial de las especies de *Entamoeba* es necesaria para las decisiones de tratamiento y para comprender la epidemiología y fisiopatogenia de estos protozoarios. El objetivo de este trabajo fue evaluar la aplicación de diferentes métodos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para la detección e identificación de *Entamoeba histolytica* y de la ameba no patógena *Entamoeba dispar*, en muestras de heces humanas. Se utilizaron tres pares de primers descritos en bibliografía (Entam1-Entam2; EhF-EhdR y EdF-EhdR basados en la amplificación de un fragmento del ADN que codifica la subunidad pequeña del ARN ribosomal (SSU rRNA). El par de primers Entam1-Entam2 identifican a nivel de género *Entamoeba* (*E. coli*, *E. histolytica*, *E. dispar*, *E. moshkovskii*, *E. polecki*, *E. hartmanni*, *E. chattoni*), mientras que los primers EhF-EhdR, EdF-EhdR permiten amplificar fragmentos específicos de *E. histolytica* y *E. dispar*, respectivamente. Además, se realizó un análisis bioinformático de todos los pares de primers contra los genes diana de cada especie, utilizando la base de datos de NCBI y el software Vector NTI (Invitrogen) para identificar las longitudes de los amplicones resultantes y posibles entrecruzamientos. Como control positivo de *E. dispar* se utilizó una muestra de materia fecal previamente diagnosticada mediante biología molecular por la Lic. Andrea Servián del Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores de la Universidad Nacional de La Plata. Para *Entamoeba histolytica* se utilizó ADN purificado de una muestra de cultivo axénico, donado por el Dr. Diego Arias del Instituto de Agrobiotecnología del Litoral, Santa Fe. Se obtuvo la correcta amplificación de los fragmentos específicos en cada método evaluado, los cuales concordaron también con las predicciones estudiadas en los análisis bioinformáticos. Los resultados obtenidos demuestran la optimización de tres técnicas de PCR que permiten la detección del género *Entamoeba* y la identificación de las especies *E. histolytica* y *E. dispar*. Estas PCRs podrían ser validadas para complementar o confirmar el diagnóstico de casos sospechosos de amebiasis intestinales.

Palabras clave: Entamoeba; Biología Molecular; Histolytica.

## PREVALENCIA DE *Escherichia coli* RESISTENTE A CEFALOSPORINAS DE TERCERA GENERACIÓN AISLADAS DE UROCULTIVOS EN EL “HOSPITAL EVA PERÓN” DE LA CIUDAD DE VILLA MERCEDES

LOPEZ, Sebastian (1) AMAYA, Ligia (1), BESSONE, María Antonieta (1), ORTIZ, Malena (1), PARDIÑO, Laura (1), ZOLOA, Cecilia (1)

1. Hospital de Referencia “Eva Perón” [sebarlopez@gmail.com](mailto:sebarlopez@gmail.com)

Las infecciones del tracto urinario (ITU) constituyen una de las principales causas de consulta en atención primaria de la salud (APS). *Escherichia coli* (EC) es el principal agente causal aislado. El aumento de la resistencia a cefalosporinas de tercera generación (C3G) de los aislamientos de EC constituye un importante problema de salud pública debido a que se asocia con tratamientos que requieren internación y por tanto a mayores costos para el sistema sanitario. El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de EC resistente a C3G aisladas en urocultivos de pacientes ambulatorios que concurren a nuestro centro de APS. También se pretendió evidenciar el aumento observado de este tipo de resistencia y analizar de manera somera la resistencia a otros antimicrobianos usados habitualmente en la consulta médica. De 1010 urocultivos positivos, en 825 de ellos se aisló EC (81,68%). 63 cepas (7,64%) presentaron resistencia a C3G, siendo la producción exclusiva de betalactamasa de espectro extendido (BLEE) el mecanismo prevalente (57/63=90,48%). La resistencia a C3G según los años fue la siguiente: en el año 2016 se reportaron 2 de 99 aislamientos de EC que fueron resistentes a C3G (2/99=2,02%), 5 en el 2017 (5/100=5%), 14 en el 2018 (14/160=8,75%), 14 en el 2019 (14/180=7,78%), 16 en el 2020 (16/186=8,60%) y 12 en el primer semestre de 2021 (12/100= 12%). El análisis estadístico no mostro diferencias significativas al comparar años consecutivos, pero si al comparar el año 2016 con el 2021 ( $p=0,0059$ ). Los aislamientos resistentes a C3G resultaron presentar mayor resistencia a nitrofurantoína (NIT) ( $p=0,0011$ ), trimetoprima-sulfametoxazol (TMS) y ciprofloxacina (CIP) ( $p<0,0001$ ). Ambos grupos de aislamientos resultaron ser sensibles a FOS. Discusión: La prevalencia de EC como principal agente causal de ITU se corresponde con la encontrada en otros estudios, no solo a nivel regional, sino mundial. El significativo aumento de la prevalencia de EC resistente a C3G encontrada al comparar el año 2016 con el primer semestre de 2021 se condice con lo reportado por otros autores que han alarmado de esta creciente resistencia. Los aislamientos resistentes a C3G fueron comparativamente más resistentes a TMS, CIP y en menor medida a NIT que los aislamientos sensibles a C3G, lo cual también ha sido reportado por otros autores. Esto sería consecuencia de la presencia de factores de resistencia asociados, así como de la presión selectiva que provoca el uso de antibióticos. La sensibilidad a FOS encontrada concuerda con la baja resistencia reportada por otros autores. El aumento de la prevalencia de aislamientos resistentes a C3G causales de ITU hace necesario poner énfasis en el uso responsable de los antibióticos, no solo en el ámbito de la salud, sino en la sociedad en general. La sensibilidad encontrada para NIT demuestra que puede ser considerado para el tratamiento de ITU baja no complicada. La nula resistencia encontrada en este estudio refuerza el hecho de que FOS sea una importante opción para el tratamiento de ITU, en especial aquellas causadas por EC resistentes a C3G.

Palabras clave: *Escherichia coli*, infección urinaria, resistencia, BLEE, antibióticos



# **MICROBIOLOGÍA GENERAL**



**SOLDAVINI-PELICHOTTI, P. C. (1, 2), TREJO, F. M. (1), PÉREZ, P. F. (1, 2).**

1 CIDCA (CCT- La Plata, CONICET. 2 Cátedra de Microbiología. Facultad de Ciencias Exactas. UNLP. 47 y 116 (s/n) La Plata (CP B1900AJI), Argentina. [ceciliasoldavini@gmail.com](mailto:ceciliasoldavini@gmail.com)

*Clostridioides difficile* (CD) es el principal causante de diarreas asociadas al uso de antibióticos y cuya forma de diseminación e infección son los esporos. Su virulencia está asociada a las toxinas: TcdA, TcdB y CDT. Como alternativa a terapias con antibióticos, se han propuesto estrategias basadas en probióticos como *Bifidobacterium*, para prevenir y/o tratar infecciones por CD. El objetivo de este trabajo fue estudiar el efecto de bifidobacterias sobre el crecimiento, la esporulación y la producción de toxinas de *C. difficile*. Se estudiaron 3 aislamientos clínicos de CD (ALCD3, GCD4 y GCD2) y la cepa de referencia VPI10463, y 3 cepas de bifidobacterias *B. pseudolongum* (531), *B. bifidum* (5310) y *B. adolescentis* (5317). Se realizaron cultivos puros de CD (Cp) o co-cultivos con bifidobacterias (Cb) en caldo BHI. Se determinaron formas totales de CD (FT) mediante recuento en DCM-agar suplementado con taurocolato de sodio. Las formas termo-resistentes (FTR) se evaluaron mediante tratamiento a 65°C por 20 minutos y posterior recuento. Se calculó la relación de termo-resistencia (T-R) como: FTR / FT. Mediante microscopía, se establecieron proporciones de esporos libres (PL<sub>Cp</sub> o PL<sub>Cb</sub>). La producción de toxinas se evaluó sobre células Vero en cultivo, las cuales se trataron con sobrenadantes libres de células (SLC) de Cp o Cb. Se definió el daño citopático 50 (DC50) como la concentración (%v/v) de SLC que produce redondeo del 50% de las células. No se encontraron diferencias significativas entre los recuentos de FT<sub>Cp</sub> y FT<sub>Cb</sub> para las diferentes cepas de CD evaluadas a 24hs. Los rangos de valores fueron los siguientes: 2x10<sup>7</sup> - 6x10<sup>7</sup> UFC/ml (ALCD3), 3.8 x10<sup>6</sup> - 1.1x10<sup>7</sup> UFC/ml (GCD4) y 2.5 x10<sup>7</sup> - 3.8x10<sup>7</sup> UFC/ml (VPI 10463) y 5.5 x10<sup>7</sup> - 9.2 x10<sup>7</sup> UFC/ml (GCD2). Con relación a la termoresistencia, para la cepa ALCD3 se obtuvieron los siguientes valores T-R<sub>Cp</sub>: 0.25±0.01, y T-R<sub>Cb</sub>: 0.13±0.04, 0.11±0.04 y de 0.005±0.001 para las cepas 5310, 531 y 5317 respectivamente. Para GCD4 T-R<sub>Cp</sub>:0.020±0.002, T-R<sub>Cb5310</sub>: 0.0017±0.0004, T-R<sub>Cb531</sub>:0.0003±0.0001 y T-R<sub>Cb5317</sub>:0.002±0.001. Para GCD2 T-R<sub>Cp</sub>:0.04±0.02 T-R<sub>Cb5310</sub>:0.10±0.07, T-R<sub>Cb531</sub>:0.01±0.007 y T-R<sub>Cb5317</sub>:0.002±0.001. Para VPI10463, T-R<sub>Cp</sub>:0.020±0.004 T-R<sub>Cb5310</sub>:0.06±0.01, T-R<sub>Cb531</sub>:0.31±0.004 y T-R<sub>Cb5317</sub>:0.018±0.001. En las dos últimas cepas, no se encontraron diferencias significativas entre los valores de T-R<sub>Cp</sub> y T-R<sub>Cb</sub>. Sólo en los cultivos de la cepa ALCD3 se encontraron esporos libres por microscopía. Los valores fueron los siguientes: PL<sub>Cp</sub>: 0.17, PL<sub>Cb5310</sub>: 0.05, PL<sub>Cb531</sub>: 0.05, y PL<sub>Cb5317</sub>: 0.001, encontrándose diferencias significativas entre PL<sub>Cp</sub> y las PL<sub>Cb</sub>. Respecto a la actividad biológica, ALCD3, DC50<sub>Cp</sub> fue de 0.05% y en los co-cultivos, DC50<sub>Cb</sub>:0.20%. Para GCD4 EC50<sub>Cp</sub>:0.15%, EC50<sub>Cb5310</sub>:0.78%, EC50<sub>Cb531</sub>:12.50% y EC50<sub>Cb5317</sub>:0.98%. Los valores de EC50 para VPI10463 y GCD2 fueron cercanos a 6x10<sup>-4</sup> y 0.036 respectivamente. Durante el crecimiento en co-cultivo las bifidobacterias no inhibieron el crecimiento de *C. difficile*. Sin embargo, indujeron un retraso en la esporulación y disminución en la actividad biológica asociada a las toxinas, en al menos dos aislamientos clínicos evaluados. Estos resultados muestran una interacción entre ambas especies que resulta de interés para el potencial uso de las bifidobacterias en el control de *C. difficile*.

Palabras clave: *Clostridioides difficile* – probióticos - interacción

**ARROYO GUERRA, Alejandro (1), ALBARRACIN, Leonardo (2), AUDISIO, Marcela Carina (1), VILLENA, Julio (2)**

1 Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI), CONICET, Salta, Argentina. 2 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA), CONICET, Tucumán, Argentina. [arroyoguerraagustin@gmail.com](mailto:arroyoguerraagustin@gmail.com)

La abeja *Apis mellifera* L. es de gran importancia en el ecosistema, no solo por su producción de miel, sino también por ser polinizadora de diferentes cultivos, vegetales y flores. Existen diversas enfermedades que pueden afectar negativamente la productividad y la supervivencia de las abejas melíferas, entre las cuales destacan las afecciones producidas por ácaros (*Varroa* spp.) y microsporidios (*Nosema* spp.) parásitos. Se demostró previamente que la administración de *Ligilactobacillus salivarius* A3iob (LsA3), originalmente aislada del intestino de una abeja obrera y que posee propiedades antimicrobianas, puede inducir la generación de un mayor número de abejas en la colmena, y reducir la susceptibilidad a *Varroa* spp. y *Nosema* spp. Con la finalidad de profundizar la caracterización de esta potencial cepa probiótica para abejas, este trabajo tuvo como objetivo secuenciar el genoma completo de LsA3 y realizar un estudio de genómica comparativa y funcional empleando los genomas completos de bacterias de la misma especie con y sin propiedades probióticas. Para ello, se secuenció el genoma completo de LsA3 empleando la plataforma Illumina MiSeq (GenBank QFAS00000000). Para la anotación de genes se emplearon RAST y PROKKA. El genoma de LsA3 (2.054.490 pb, 34.6% G+C) presentó un total de 1.911 secuencias codificantes. Tanto el análisis filogenético empleando el ARN16s como el MLST (*parB*, *rpsB*, *pheS*, *nrdB*, *groEL* y *ftsQ*) reveló que LsA3 se separa de las cepas de *L. salivarius* aisladas de intestino y leche humanas así como de las provenientes de intestino de pollo y cerdo. LsA3 presentó un mayor número de genes para el metabolismo de carbohidratos en comparación con las otras cepas de *L. salivarius*, lo cual podría estar relacionado a la adaptación de LsA3 para colonizar el intestino de abejas. El estudio de bacteriocinas utilizando BAGEL4 reveló la presencia de genes para salivaricina y enterocina A en el genoma de LsA3. Empleando las secuencias de genes para exopolisacáridos (EPS) de las cepas probióticas *L. salivarius* UCC118 (EPS1, 20 genes) y JCM1046 (EPS2, 28 genes) se pudo detectar que LsA3 posee el cluster completo de EPS1 y solo 15 genes del EPS2. El análisis de genes asociados a adhesión y colonización de la mucosa intestinal mostró que LsA3 posee un gen de una proteína de unión a mucus (*muc1*) común a todas las cepas de *L. salivarius* secuenciadas. LsA3 posee además los genes *muc2* y *muc3* los cuales se han descrito en las cepas probióticas UCC118 y REN, respectivamente. También se encontró el cluster completo del sistema SecA/SecY incluyendo un gen para una proteína srr con capacidad de mediar la adhesión a intestino. Se ha demostrado que solo 5 de los 190 genomas de *L. salivarius* disponibles poseen un operon para la síntesis de pili. El análisis bioinformático reveló que LsA3 posee dicho operon incluyendo dos genes para sortasa A, uno para sortasa C y genes para las subunidades de pilina. El estudio genómico reveló la gran capacidad de LsA3 para colonizar al intestino de abejas, así como las moléculas que podrían estar relacionadas a sus propiedades antimicrobianas.

Palabras clave: *Ligilactobacillus salivarius* A3iob, genómica, genes probióticos, abejas melíferas.

## CARACTERIZACION FENOTIPICA Y GENOTIPICA DE LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *SALMONELLA* SER. GALLINARUM BIOVAR GALLINARUM DE BROTES DE TIFOSIS AVIAR EN ARGENTINA

**SORIA, Mario Alberto (1), BUENO, Dante Javier (1)**

1 INTA-Estación Experimental Agropecuaria Concepción del Uruguay- Entre Ríos- CP 3260. [msoria\\_1@yahoo.com.ar](mailto:msoria_1@yahoo.com.ar)

*Salmonella* ser. Gallinarum biovar Gallinarum (SG) produce la Tifosis aviar (TA), una enfermedad septicémica específica de aves adultas. Por otro lado, los antibióticos (ATB) son ampliamente utilizados para controlar la TA en granjas de aves de postura. Por ello, el objetivo de nuestro trabajo fue estudiar la resistencia a ATB, tanto fenotípica como genotípicamente, en cepas de SG aisladas de brotes de TA en Argentina. Un total de 204 aislamientos de SG aislados desde 2013 a 2016 a partir de establecimientos avícolas de producción de huevo ubicados en Buenos Aires (1), Entre Ríos (157), Jujuy (2), Mendoza (6), Santa Fe (32) y Tucumán (6). Se determinó la sensibilidad *in vitro* a 29 ATB según el método de difusión en discos de Kirby-Bauer. Se realizó el screening de beta lactamasas de espectro extendido (BLEE) mediante doble difusión con cefotaxima y ceftazidima en proximidad al ácido clavulánico. La resistencia múltiple a ATB (RMA) fue calculada. La presencia de genes asociados a la resistencia de quinolonas (*gyrA* y *qnrB*) y beta lactamasas (*bla<sub>CTX-M2</sub>*) se realizó mediante la reacción en cadena de la polimerasa. El 18,1 % (37/204) de las cepas de SG fueron resistentes al menos a 1 ATB de 3 categorías diferentes (MDR). En contraste con estos resultados, diferentes autores (Oh y col., 2000; Lee y col., 2003) reportaron que los porcentajes de cepas de SG MDR fue variable (8,5 % - 84,4 %). Por otro lado, las cepas de SG mostraron una sensibilidad entre el 60 % y 100 % para  $\beta$ -lactámicos, tetraciclinas, fenicoles, aminoglucósidos (excepto estreptomina), inhibidores de la vía del folato, polimixinas, fosfomicina y macrólidos (excepto eritromicina). Datos similares fueron publicados por Lee y col. (2013) y Seo y col. (2019) para el mismo grupo de ATB. La sensibilidad intermedia a estreptomina fue del 71 %, y el 100 % de las cepas fueron resistentes a eritromicina. Para el ácido nalidixico se observó un 100 % de cepas resistentes, datos similares fueron reportados por Kang y col. (2010) y Sannat y col. (2017). Con respecto a las fluorquinolonas, el 46 % (94/204), 9 % (18/204) y el 6 % (13/204) fueron resistentes a ciprofloxacina, norfloxacina y enrofloxacin, respectivamente. En contraste con estos últimos resultados, diversos autores (Soria, 2012; Taddele y col. 2012; Lee y col., 2013) observaron una sensibilidad entre el 80 al 100 %. El índice de RMA estuvo entre 0,07 y 0,45. Aunque 23 cepas de SG mostraron el patrón de selección para la prueba de BLEE, todas fueron negativas. Con respecto a los genes asociados con la resistencia a quinolonas, todas las cepas fueron positivas al gen *gyrA*, pero negativas al gen *qnrB*. Datos similares fueron reportados por Lee y col. (2004). Si bien las cepas de SG aisladas en Argentina presentan una elevada sensibilidad a la mayoría de los ATB evaluados, la presencia del gen *gyrA*, cepas resistentes a algunas de las fluorquinolonas y la presencia de cepas MDR pueden dificultar el control de esta bacteria en las granjas de aves de postura.

Palabras clave: *Salmonella* ser. Gallinarum biovar Gallianarum, multidroga resistencia, quinolonas, betalactamasas de espectro extendido.

**AGUSTIN, María del Rosario (1), TARIFA, María Clara (2,3), BRUGNONI, Lorena I. (1,4)**

1 Instituto de Ciencias Biológicas y Biomédicas del Sur, INBIOSUR (UNS-CONICET), Bahía Blanca, Argentina. 2 Universidad Nacional de Río Negro. CIT Río Negro. Río Negro, Argentina. 3 Centro de Investigaciones y Transferencia de Río Negro, CIT Río Negro (UNRN- CONICET), Villa Regina, Argentina. 4 Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. [mariadelrosarioagustin@gmail.com](mailto:mariadelrosarioagustin@gmail.com)

Uno de los mayores riesgos para la industria alimentaria es la inclusión de bacterias patógenas, especialmente aquellas responsables de Enfermedades Transmitidas por Alimentos en biofilms formados por la microbiota residente de las plantas elaboradoras de alimentos. En particular, en industrias jugueras, la asociación que se establece naturalmente entre bacterias y levaduras es de especial interés ya que estas interacciones favorecerían la persistencia de patógenos sobre las superficies de los equipos pudiendo comprometer la calidad e inocuidad final de los productos. Con el fin de evaluar estas relaciones se estudió la interacción de un biofilm preformado de cuatro levaduras (*Candida tropicalis*, *C. krusei*, *C. kefir* y *Rhodotorula mucilaginosa*) aisladas de equipos de ultrafiltración (UF) y *Listeria monocytogenes* ATCC 7644, *Salmonella enterica* y *Escherichia coli* O157:H7. Los ensayos se realizaron sobre membranas de UF de fluoruro de polivinilideno y jugo de manzana clarificado como matriz alimentaria en condiciones estáticas a 25 °C. Para la formación de los biofilms multiespecie, suspensiones ajustadas de las levaduras ( $10^6$  UFC ml<sup>-1</sup>) se mezclaron en partes iguales y se pusieron en contacto con las membranas durante 24 h. Luego, se añadieron las suspensiones bacterianas ( $10^8$  UFC ml<sup>-1</sup>), cultivándose por 24-48 h más. Las muestras se analizaron mediante microscopía electrónica de barrido (SEM) y recuento en placa en agar Oxford modificado para *L. monocytogenes*, Sulfito Bismuto para *S. enterica*, EMB para *E. coli*, CHROMagar *Candida* para las levaduras. Los resultados se expresaron como Log<sub>10</sub> UFC cm<sup>-2</sup>. En el biofilm multiespecie el recuento celular se mantuvo en un rango de 8,17–8,56 Log<sub>10</sub> UFC cm<sup>-2</sup> para la mezcla de levaduras y en  $7,90 \pm 0,39$  Log<sub>10</sub> UFC cm<sup>-2</sup> para *E. coli*. Por otro lado, *L. monocytogenes* alcanzó un recuento de  $3,09 \pm 0,40$  Log<sub>10</sub> UFC cm<sup>-2</sup> y *S. enterica* de  $7,14 \pm 0,43$  Log<sub>10</sub> UFC cm<sup>-2</sup> después de 48 h de contacto con el biofilm preformado de levaduras. En las imágenes de SEM se observó que *S. enterica* y *E. coli* se distribuyeron sobre la superficie de las levaduras y de la membrana, y en menor medida se encontraron agrupadas; mientras que *L. monocytogenes* formó grandes acúmulos celulares (microcolonias) adheridos principalmente a las superficies de las levaduras y en menor grado a la membrana de UF. Además, para *L. monocytogenes* y *S. enterica* se observó la presencia de apéndices filamentosos interactuando en la adhesión. Las levaduras formaron una red tridimensional de pseudohifas, blastoporas y células encadenadas, las cuales colonizaron la superficie de la membrana de UF, siendo estas estructuras soportes para el anclaje y adhesión de las bacterias patógenas. Se concluye que la microbiota residente interacciona con las tres bacterias patógenas estudiadas, las cuales encontraron sitios de adhesión en las estructuras levaduriformes y en la membrana de UF. Estas interacciones podrían desempeñar un rol fundamental en la supervivencia de los patógenos en ambientes industriales.

Palabras clave: Biofilms multiespecie, *Candida spp.*, Bacterias patógenas, Membranas de ultrafiltración.

**HOFFMANN, Teresa (1), SORIA, Mario (2), BUENO, Dante (2,3)**

1 CONICET-INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. 2 INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. 3 Facultad de Ciencia y Tecnología, sede Basavilbaso, UADER, Basavilbaso, Entre Ríos, Argentina. [maqalihoffmann@gmail.com](mailto:maqalihoffmann@gmail.com)

Algunos serovares de *Salmonella* spp. generan un gran impacto en la salud pública, ya que causan intoxicación por alimentos en humanos. Es por eso que muchos países establecieron normas para el control de *Salmonella* en el sector avícola, las cuales exigen utilizar técnicas de aislamiento. Existen numerosos medios de cultivo selectivos-diferenciales para aislar *Salmonella* spp., sin embargo, pueden encontrarse otras bacterias que aparecen como presuntas colonias de *Salmonella* spp., complicando su aislamiento. En Argentina, el SENASA propone el agar xilosa lisina desoxicolato (XLD) como medio para el aislamiento de *Salmonella* spp. y deja a elección un segundo medio. Por ello, el objetivo de este trabajo fue evaluar el desempeño del XLD y agar EF-18 (EF18) como medios de cultivo selectivos- diferenciales para aislar *Salmonella* spp. en muestras de guano de galpones avícolas. Se procesaron 257 muestras que fueron tomadas desde agosto 2019 a agosto 2021. El aislamiento se realizó siguiendo la marcha bacteriológica propuesta por SENASA (Resol. N°86/2016), usando MSRv como medio de enriquecimiento selectivo, y los ágaros XLD y EF18 como medios de cultivo selectivos-diferenciales. De cada placa de estos medios se tomaron 2 colonias presuntivas de *Salmonella* spp. y se realizaron pruebas bioquímicas confirmatorias y serología para su tipificación. Para la evaluación se consideró: 1) la capacidad de aislamiento de ambos medios; 2) la propiedad diferencial de ambos medios, según el color de la colonia bacteriana en las muestras. Se consideraron positivas las colonias transparentes con centro negro para XLD y las verdes a verdeazuladas para EF18. Se construyeron tablas de contingencia con resultados verdaderos y falsos positivos y negativos. Se calculó la prevalencia aparente, sensibilidad (SEr), especificidad (Espr), valores predictivos positivos (VPPr) y negativos (VPNr), exactitud (EXAr), e índice de Youden (Yr) relativos del XLD y EF18 y la concordancia entre ambos (índice kappa y test de Mc Nemar). La prevalencia aparente para ambos medios fue de 21%. Se tipificaron 83 cepas de *Salmonella* spp. que correspondieron a 21 serovares diferentes. Sin considerar el color de la colonia, no hubo diferencias entre XLD y EF18 en ninguno de los parámetros evaluados, y la concordancia entre los medios fue excelente, sin diferencia estadística. En cuanto a la presunción de positivos observando el color de colonias típicas, se observó que el agar XLD tuvo un desempeño estadísticamente mejor en cuanto a Espr, VPPr, EXAr y Yr, que el agar EF18. Diversos trabajos muestran resultados variables en cuanto al rendimiento de estos medios, dependiendo de la matriz analizada. Aunque el desempeño del agar XLD y el agar EF18 es igual en cuanto al aislamiento de *Salmonella* spp. en muestras de guano, los valores de los parámetros obtenidos en base a la propiedad diferencial de los medios (color de colonia bacteriana) le otorgan una ventaja al agar XLD para el aislamiento de esta bacteria en las muestras evaluadas.

Palabras clave: *Salmonella*, Aislamiento, Medios de cultivo

Cepas de *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* y *Streptococcus thermophilus* son los componentes de cultivos iniciadores para la fermentación del yogur, por lo cual se someten a controles de calidad rigurosos; los microorganismos congelados, preparados para la siembra directa deben mantener la viabilidad, entre otras propiedades. La siembra por extensión en placa en medios sólidos usando diluciones sucesivas es uno de los métodos más empleados para la determinación de viabilidad, a pesar de la cantidad de material y el tiempo necesario. El objetivo de este trabajo fue utilizar dos microtécnicas como métodos alternativos al método de extensión en placa (EP). Se trabajó con cultivos concentrados congelados (-20°C) de *L. delbrueckii* ssp. *bulgaricus* CRL 447, 451, 453, 466 y 494 y de *St. thermophilus* CRL 412, 417, 638, 807 y 808 de la Colección de Cultivos CRL, CERELA. Se prepararon diluciones sucesivas ( $10^{-1}$  hasta  $10^{-6}$ ) de cada cultivo en solución fisiológica (NaCl 0,85%). En la técnica de Trazas de la Dilución (TD) se sembraron 10 µL próximos al borde, inclinando la placa un ángulo de 45° - 90° para que la suspensión celular se deslice por la superficie del agar hasta el lado opuesto de la placa. Para la técnica de Microgota (MG) se dividió en tres partes la placa y se sembró una gota de 20 µL por duplicado en cada área, usando también 3 diluciones por placa. Como control se usó el método de Extensión en Placa (EP), sembrando 100 µL de cada dilución por placa, diseminando con espátula de Drigalsky. En todos los casos, se emplearon los medios agarizados, MRS y LAPT glucosa-lactosa para los lactobacilos y estreptococos, respectivamente. Después de cada siembra, las placas se dejaron secar 10 minutos y se incubaron a 37°C, 48 horas. Las pruebas se realizaron por duplicado. Los resultados se expresaron como Log de UFC/ml. La prueba t de *student* se utilizó para la comparación estadística de los datos. Los resultados obtenidos no mostraron diferencias significativas ( $P > 0,05$ ) cuando se compararon los recuentos obtenidos en las técnicas TD y MG con EP. La técnica de MG permite realizar duplicados en una misma placa y el recuento se facilita sólo cuando la dilución y el tamaño de las colonias son adecuadas. El tiempo operativo para las microtécnicas fue de 5 y 7 min para TD y MG, respectivamente, a diferencia de los 15 min empleados en EP. Ambas microtécnicas permitieron obtener resultados homogéneos y confiables de viabilidad celular disminuyendo costos y reduciendo el tiempo empleado. Las microtécnicas ensayadas constituyen una buena alternativa para reemplazar el método tradicional.

Palabras clave: yogur, cultivos iniciadores, microtécnicas.

**LAYUS, Bárbara (1), GEREZ, Luciana (1), RODRIGUEZ, Ana V. (1)**

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET). [blayus@cerela.org.ar](mailto:blayus@cerela.org.ar)

La uveítis describe un grupo de afecciones caracterizadas por inflamación intraocular, es la tercera causa principal de ceguera en el mundo y puede afectar a personas de cualquier edad. La administración local de corticosteroides es la estrategia terapéutica estándar; sin embargo, su uso a largo plazo está asociado a la formación de cataratas y al desarrollo de glaucoma. Esto motiva la búsqueda de terapias alternativas o fármacos coadyuvantes que permitan disminuir las dosis utilizadas habitualmente. En los últimos años el empleo de microorganismos no-viables, sus metabolitos y/o sus componentes celulares, a los que se denominan postbióticos, ha adquirido una gran relevancia, ya que administrados en cantidades adecuadas ejercen efectos benéficos para la salud. Previamente demostramos que el sobrenadante generado a partir de un cultivo de *Lactiplantibacillus plantarum* CRL 759 en medio DMEM posee propiedades anti-inflamatorias en un modelo *in vivo* de uveítis inducida por endotoxina en ratones C57BL/6. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto anti-inflamatorio *in vitro* del sobrenadante generado por el cultivo de *L. plantarum* en un buffer fosfato modificado según Sorensen suplementado con 2 g/L de glucosa, al que se denominó Postbiotic-drops 21 (PBD-21). *L. plantarum* CRL 759 se cultivó en buffer Sorensen a 37°C y 5% CO<sub>2</sub> durante 2, 4, 6, 8 y 12 horas; los respectivos sobrenadantes se obtuvieron mediante filtración con membranas de 0,22 µm una vez cumplido el tiempo de incubación. Se determinaron el pH, la concentración de glucosa y el crecimiento bacteriano en todas las condiciones, sin encontrarse diferencias importantes durante los períodos de tiempo ensayados. El efecto anti-inflamatorio de PBD-21 se investigó empleando células RAW 264-7. La citotoxicidad se determinó mediante el ensayo de MTT, y se midió la capacidad de disminuir la producción de óxido nítrico (NO) por las células RAW 264-7 desafiadas con LPS como estímulo pro-inflamatorio. Se demostró que una dilución 1:2 del sobrenadante obtenido tras 4 horas de incubación no ejerció efectos tóxicos y redujo de manera significativa la producción de NO, obteniendo de esta manera las condiciones óptimas para generar el PBD-21. La estimulación con LPS aumentó la producción de IL-6, TNF-α y NO por las células RAW 264-7, mientras que el pre-tratamiento con PBD-21 disminuyó significativamente los niveles de estos parámetros inflamatorios. Por otro lado, se investigó la estabilidad de PBD-21 a distintas temperaturas y tiempos. Se conservó a temperatura ambiente, 4°C y -20°C durante 7, 15 y 30 días, y se determinó la variación de pH, esterilidad y su efecto sobre la producción de IL-6 y NO. El lote conservado a -20°C disminuyó en mayor medida los niveles de los parámetros medidos, manteniendo las condiciones de esterilidad y pH. El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA-Tukey (GraphPad Prism 8). Los resultados demuestran que: *L. plantarum* CRL 759 crecido en buffer Sorensen suplementado con glucosa, produce componentes anti-inflamatorios en el sobrenadante. Este medio mantiene un pH y una isotonicidad apropiados para una formulación oftálmica. Se sientan las bases para el desarrollo de un postbiótico con potencial aplicación como terapia adyuvante para trastornos inflamatorios oculares.

Palabras clave: Postbióticos, Inflamación ocular, *Lactiplantibacillus plantarum*.

**BLAJMAN, Jesica (1), SIGNORINI, Marcelo (1), VINDEROLA, Gabriel (3), LINGUA, Mariana (1), ROMERO, Luis (1), PÁEZ, Roxana (1), CASAS, Cecilia (2), BERGAMINI, Carina (3), GIMÉNEZ, Paula (3), GAGGIOTTI, Mónica (1)**

1 Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (INTA - CONICET), Ruta 34 Km. 227, CP 2300 Rafaela, Santa Fe, Argentina. 2 Neogen Corporation, Thames 181, CP 1414 Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. 3 Instituto de Lactología Industrial (INLAIN), Universidad Nacional del Litoral - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UNL - CONICET), Santiago del Estero 2829, CP 3000 Santa Fe, Argentina. [jblajman@yahoo.com.ar](mailto:jblajman@yahoo.com.ar)

Para que un inoculante sea eficaz, el forraje y los microorganismos seleccionados deben ser compatibles. Sin embargo, las respuestas también pueden verse influenciadas por factores de manejo, especialmente cuando no se logra la densidad o concentración de humedad adecuadas. El objetivo del presente trabajo fue determinar la funcionalidad de tres cepas de bacterias lácticas (BAL) autóctonas (*Lactobacillus plantarum* Hv75, *Pediococcus acidilactici* 3903 y *Lactobacillus buchneri* B463), para conducir la fermentación láctica de silos de maíz con distintas densidades de compactación. El cultivo multicapa obtenido por secado spray fue suspendido en agua destilada e inoculado por aspersión en el forraje fresco a una concentración inicial de  $2 \times 10^6$  UFC/g. En el grupo control también se aplicó la misma cantidad de agua destilada. El material vegetal picado e inoculado se colocó en baldes de plástico de 10 L de capacidad. El diseño experimental fue un diseño factorial, siendo los factores: inoculación (control e inoculado) y densidad de compactación (baja: BD - 148,5 kg de materia seca/m<sup>3</sup> o moderada: MD - 181,5 kg de materia seca/m<sup>3</sup>). A tiempo cero y luego de 1, 30 y 60 días de conservación, se tomaron muestras para determinar los parámetros que caracterizan la calidad de los silos de maíz: pH, materia seca (MS), nitrógeno amoniacal (N-NH<sub>3</sub>), nitrógeno amoniacal/nitrógeno total (N-NH<sub>3</sub>/NT), proteína bruta, fibra detergente ácida, fibra detergente neutro, lignina detergente ácido y extracto etéreo. Estos análisis se complementaron con la determinación de ácido láctico y ácidos grasos volátiles (acético, propiónico y butírico) por métodos de cromatografía líquida, determinación de BAL totales, hongos y levaduras (UFC/g) por la técnica de recuento en placa con medios selectivos. Asimismo, se estudió la concentración de aflatoxinas totales, zearalenona y deoxinivalenol (DON) mediante ELISA. Finalmente, se midió la estabilidad aeróbica de los silos-baldes abiertos a partir del monitoreo de la temperatura interna de los mismos. El análisis estadístico de los datos fue realizado con el software InfoStat (Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina). Tanto el inoculante como la densidad afectaron el valor de MS. La concentración más alta de MS se observó cuando se agregaron BAL y con la compactación a BD ( $p = 0,045$  y  $p = 0,025$ , respectivamente). La interacción tratamiento x densidad fue significativa ( $p = 0,05$ ), y mostró que la inoculación aumentó el contenido de MS en los silos compactados a BD. La suplementación con BAL redujo la concentración de N-NH<sub>3</sub> ( $p = 0,030$ ), mientras que la variante BD también resultó en menor contenido de N-NH<sub>3</sub> y N-NH<sub>3</sub>/NT ( $p < 0,05$ ). Además, la inoculación redujo la concentración de ácido acético ( $p = 0,038$ ). Por otra parte, la administración de BAL produjo concentraciones más bajas de DON ( $p = 0,01$ ). Para las restantes variables evaluadas, no hubo diferencias significativas ( $p > 0,05$ ). Las diferencias halladas fueron pequeñas desde el punto de vista práctico, por lo que resulta necesario evaluar la capacidad del inoculante nativo para dominar el proceso fermentativo en otros forrajes conservados.

Palabras clave: Silo de maíz, bacterias ácido lácticas, secado spray, inoculante.

**LEVIT, Romina (1), SAVOY DE GIORI, Graciela (1), DE MORENO DE LEBLANC, Alejandra (1), LEBLANC, Jean Guy (1).**

1 CERELA-CONICET. Chacabuco 145. 4000. Tucumán, Argentina. [romina\\_levit@hotmail.com](mailto:romina_levit@hotmail.com)

Las enfermedades inflamatorias intestinales (EII) son trastornos crónicos del tracto gastrointestinal. Durante el curso clínico de estas enfermedades los pacientes alternan períodos de relapso y remisión que afectan negativamente su salud y calidad de vida. Las opciones terapéuticas disponibles actualmente están centradas en alcanzar y mantener la remisión, e incluyen fármacos anti-inflamatorios e inmunosupresores. Sin embargo, estas terapias se asocian frecuentemente con cierta toxicidad y baja efectividad, especialmente cuando se requieren usos a largo plazo. Nuestro grupo demostró previamente que bacterias lácticas (BL) productoras de vitaminas, *Streptococcus (S.) thermophilus* CRL 808, productora de folatos y *Lactobacillus (L.) plantarum* CRL 2130, productora de riboflavina o *S. thermophilus* CRL 807, una cepa inmunomoduladora, fueron capaces de reducir la inflamación intestinal aguda en modelos animales con ratones. Considerando que los pacientes con EII crónica necesitan continuar un tratamiento primario para mantener la remisión y evitar o disminuir los episodios de recurrencia, el objetivo de este trabajo fue evaluar la administración conjunta de una mezcla de BL (productoras de vitaminas e inmunomoduladora) y de una droga anti-inflamatoria durante el periodo de remisión en un modelo de colitis crónica en ratones. Ratones BALB/c fueron instilados intrarrectalmente con ácido trinitrobencensulfónico (TNBS) (2 mg/ratón). Luego de 10 días, aquellos que sobrevivieron fueron considerados que ingresaron al periodo de remisión y divididos en grupos que recibieron solución fisiológica (SF), la mezcla de BL (CRL 808, CRL 2130 Y CRL 807,  $8 \pm 2 \times 10^8$  UFC/mL de cada cepa en proporciones iguales), mesalazina (20 mg/kg peso corporal) o la combinación de ambas (mesalazina + BL), todos de forma oral durante 21 días. Esto fue seguido por una segunda instilación con TNBS para reactivar la colitis (recurrencia). También se evaluaron ratones controles instilados con etanol (vehículo del TNBS) y que recibieron los diferentes tratamientos orales para estudiar el efecto de la terapia anti-inflamatoria crónica. El peso corporal se controló diariamente. Al final del experimento los animales se sacrificaron, se disecaron los intestinos gruesos y se examinaron macroscópicamente; se recuperaron los fluidos intestinales para determinar los niveles de citoquinas y los tejidos se procesaron para el análisis histológico. Los resultados mostraron que la combinación de mesalazina y la mezcla de BL fue la más efectiva para disminuir el daño intestinal a nivel macroscópico e histológico y para reducir los niveles de citoquinas pro-inflamatorias (IL-6 y TNF- $\alpha$ ) en los fluidos intestinales. En los animales instilados con etanol, la mesalazina produjo pérdida de peso corporal y daños intestinales con un aumento de IL-6, mostrando la toxicidad de la terapia prolongada. Estos efectos secundarios se evitaron mediante la co-administración de mesalazina con la mezcla de BL. En conclusión, la administración de la mezcla de BL a ratones instilados con TNBS y bajo tratamiento con mesalazina durante el período de remisión de la EII no afectó el tratamiento primario con la droga anti-inflamatoria y mejoró su efecto. Además, el estado inflamatorio asociado al tratamiento crónico con la mesalazina se pudo prevenir mediante la administración conjunta con la mezcla de BL.

Palabras clave: folato, riboflavina, modulación inmune, terapia anti-inflamatoria, colitis crónica

## EVALUACIÓN DE ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA Y TOLERANCIA A CONDICIONES DEL TRACTO GASTROINTESTINAL DE CEPAS DE LACTOBACILOS AISLADAS DE RESIDUOS DE CERVECERÍA

**ASURMENDI, Paula (1,2), RUÍZ, Francesca (1,2), GARCÍA, María José (1,2), RICOTTI, Anabella (1), PASCUAL, Liliana (1,2), BARBERIS Lucila (1,2)**

1 Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). 2 Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS).  
[pasurmendi@exa.unrc.edu.ar](mailto:pasurmendi@exa.unrc.edu.ar)

A partir de residuos de cervecería, alimento alternativo empleado por porcicultores regionales, fueron aisladas numerosas cepas de *Lactobacillus* spp. Con la finalidad de seleccionar cepas de lactobacilos potencialmente probióticas para ser empleadas durante la cría de cerdos, se evaluaron dos características funcionales importantes: actividad antagonista sobre microorganismos patógenos y sobrevivencia al pasaje por el tracto gastrointestinal. El objetivo del presente trabajo fue determinar la actividad antimicrobiana *in vitro* de *Lactobacillus brevis* L52 (actualmente *Levilactobacillus brevis*) y *Lactobacillus plantarum* L54 (actualmente *Lactiplantibacillus plantarum*) sobre bacterias patógenas y evaluar su tolerancia a diferentes concentraciones de sales biliares (SB) y condiciones de acidez halladas en el tracto gastrointestinal. Para determinar la acción antimicrobiana de las cepas L52 y L54 sobre el desarrollo *in vitro* de bacterias patógenas (*E. coli* n=4, *Salmonella* spp n=2 y *Shigella* spp. n=2) se realizaron técnicas de screening (estrias cruzadas) y además técnicas de difusión en pozo. En esta última, se evaluó diferencialmente la acción del sobrenadante libres de células (SLC) conteniendo el conjunto de metabolitos liberados al medio y el SLC neutralizado con NaOH 1N (SLCN). Para valorar la resistencia de estas cepas al traspaso por el tracto gastrointestinal, se sometió un inóculo bacteriano a distintas condiciones de acidez (pH 2 y 3) y concentraciones de SB (0,5%, 1% y 2% de bilis de buey) durante 1, 2 y 5 h de incubación a 37°C. El 100% de las cepas patógenas estudiadas resultaron inhibidas por los 2 lactobacilos. Los halos de inhibición promedio oscilaron entre 23 y 33 mm, 20 y 27 mm, para L52 y L54, respectivamente. Siendo, *L. brevis* L52 quién presentó en promedio la mayor actividad inhibitoria sobre las distintas cepas patógenas ( $p \leq 0,05$ ). Los halos de inhibición del crecimiento producidos por el SLC de L52 estuvieron comprendidos entre 29,5 mm y 37 mm. Para el SLC de L54, los diámetros de los halos de inhibición oscilaron entre 23 mm y 38 mm. Mientras que los SLCN obtuvieron tamaños de halos promedio de 21,5 mm y 24 mm, para L52 y L54, respectivamente. Por otra parte, luego de 2 h de incubación de L52 y L54 bajo distintas condiciones de acidéz o concentraciones de SB se hallaron los porcentajes de sobrevida bacteriana más bajos, los mismos estuvieron comprendidos entre 8 y 45%, 53 y 75%, respectivamente. Siendo el tratamiento con 2 % de SB el que mayor impacto en la disminución de recuento bacteriano se observó. En general, la cepa *L. plantarum* L54, demostró la mayor tolerancia a las distintas condiciones de pH y concentraciones de SB ensayadas. En conclusion, las cepas *L. brevis* L52 y *L. plantarum* L54 demuestran acción antimicrobiana sobre diferentes enteropatógenos además de sobrevivencia a condiciones de acidez y presencia de SB. Mayores estudios referidos a la funcionalidad, seguridad y aspectos tecnológicos serán requeridos para considerar ambas cepas como potenciales microorganismos probióticos.

Palabras clave: *Lactobacillus* spp, residuos de cervecería, probióticos

**BAMBICHA, Ruth Rosana, JACOME, Oscar Javier, REYNOSO, Daniela Alejandra, BARELLO, M. del Rosario, FIORE, Angel, RONDINI, Alina.**

Laboratorio de Alimentos, Dirección de Calidad Alimentaria, Secretaría de Salud de la Municipalidad de Córdoba, Argentina. [ruthbambicha@gmail.com](mailto:ruthbambicha@gmail.com)

*Escherichia coli* se encuentra naturalmente en el intestino de humanos y animales de sangre caliente, por lo que su detección en alimentos constituye la evidencia más segura de que han sido expuestos recientemente a una contaminación accidental de materia fecal y por ende, al riesgo de que otras cepas patógenas de *Escherichia coli* u otros microorganismos de hábitat intestinal estén presentes. Para la determinación de *Escherichia coli* en alimentos, se han utilizado métodos de recuentos por Número Más Probable (NMP). Se emplearon dos metodologías; la norma ISO 16649 - 3: 2005, que especifica un método horizontal para la detección y enumeración de *E. coli* por una técnica de cultivo en medio líquido, confirmándose en medio sólido. Mientras que la norma BAM – FDA: 2002 se basa en la fermentación de lactosa y en la producción de gas. Utiliza iguales condiciones de trabajo que la norma ISO, diferenciándose en los pasos implicados en la etapa de confirmación de *E. coli* y tiempo de desarrollo de la técnica. Y los tiempos finales para la confirmación de esta bacteria es de 48 h para la norma ISO y de 240 h para BAM– FDA. El objetivo del presente estudio fue evaluar el recuento de *E. coli* por NMP utilizando dos metodologías oficiales. Para efectuar la comparación de las metodologías descriptas, se usó la cepa de referencia *E. coli* (ATCC 29218) estableciendo una concentración estandarizada de 0,5 de la escala de Mc Farland a partir de la cual se prepararon diluciones seriadas en agua estéril ( $10^{-1}$  a  $10^{-17}$ ), a las que se les ensayó ambas metodologías. Con respecto a la metodología BAM- FDA, para el rango de diluciones  $10^{-1}$  a  $10^{-3}$ , se obtuvieron los valores de NMP >100 bacterias/ ml; de  $10^{-4}$  a  $10^{-5}$  fue de 4,6 bacterias/ ml y para el rango de  $10^{-6}$  a  $10^{-17}$ , las cifras obtenidas para NMP, fueron de 2,4 bacterias/ ml. Los resultados de la norma ISO obtenidos para el rango comprendido entre  $10^{-1}$  a  $10^{-5}$ , fueron de NMP > 110 bacterias/ ml; para  $10^{-6}$  a  $10^{-8}$ , fueron de NMP =110 bacterias/ ml; para  $10^{-9}$  a  $10^{-10}$ , NMP = 46 bacterias/ ml; para  $10^{-11}$  se obtuvo NMP = 21 bacterias; para  $10^{-12}$ , NMP= 7,5 bacterias/ml;  $10^{-13}$ , NMP= 6,4 bacterias/ml;  $10^{-14}$ , NMP= 4,3 bacterias/ml;  $10^{-15}$ , NMP= 1,6 bacterias/ ml; en la dilución  $10^{-16}$ , NMP = 1,5 bacterias/ml y para la última dilución ensayada,  $10^{-17}$ , se obtuvo un valor de NMP =1,1 bacterias/ml. Podemos inferir que los valores de NMP ensayados mediante la norma ISO 16649 - 3: 2005 permiten evidenciar una disminución de los mismos, mientras que los valores obtenidos por la metodología BAM-FDA se mantuvieron constantes en el rango de diluciones ensayadas. A partir de estos resultados podríamos deducir que ambas metodologías ensayadas no son comparables estadísticamente. Considerando que las mismas emplean medios de cultivos con componentes distintos, se necesitaría realizar un nuevo estudio comparativo ampliando el número de diluciones y/o planteando una concentración de *E. coli* distinta a la utilizada en el presente trabajo.

Palabras clave: comparación de métodos; *E. coli*; análisis; número más probable (NMP)

**AMABLE, Valeria Inés (1), VALDÉZ AMARILLA, María José (1), SALAS, Paula Lucía (2), MENDOZA, Jorge Arnaldo (1,2), LIZARDO FALCÓN, Sofía (1,2), BOEHRINGER, Silvia Irene (1), SÁNCHEZ, Sebastián (2), GUIDOLI, Marcos Gabriel (1,2)**

1 Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste. 2 Instituto de Ictiología del Nordeste (INICNE), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste.  
[vale\\_amable@yahoo.com.ar](mailto:vale_amable@yahoo.com.ar)

*Piaractus mesopotamicus* es la especie más producida en la piscicultura del NEA. El incremento en la aparición de microorganismos resistentes ha puesto en duda el uso de antibióticos como factores de crecimiento en acuicultura. El presente trabajo tiene como objetivo evaluar el efecto de la administración de dosis subterapéuticas de oxitetraciclina y enrofloxacin en juveniles de pacú sobre la presión de selección ejercida en la microbiota intestinal. A tal fin, 108 ejemplares de 3 meses y  $29 \pm 6$  g fueron distribuidos en 18 peceras de 70 L con recambio de agua constante y aireación forzada. Las unidades experimentales se dividieron aleatoriamente en 3 grupos de acuerdo al alimento administrado: adicionado con 75 mg/kg de pez de oxitetraciclina (O), 10 mg/kg de pez de enrofloxacin (E) y sin adición (C). El alimento se administró 2 veces por día al 5% de la biomasa total. A los 0, 30, 60, 90 y 120 días un animal de cada réplica fue anestesiado y sacrificado para extraer de forma aséptica el tracto digestivo. El contenido intestinal se obtuvo por lavado con solución fisiológica estéril y posterior centrifugación. Las muestras fueron inoculadas en placas de Agar Nutritivo y Mac Conkey con y sin los antibióticos evaluados e incubadas a 10, 25 y 37 °C. Los ensayos se realizaron por triplicado y fueron analizados mediante ANOVA. Las placas incubadas a 10 °C no mostraron desarrollo de microorganismos, mientras que no se observaron diferencias significativas entre los resultados obtenidos en las placas a 25 y 37 °C. Los recuentos de microorganismos aerobios resistentes a oxitetraciclina a los 120 días se diferencian significativamente ( $p < 0,05$ ), siendo nulos en el control y de 6,15 unidades logarítmicas en el tratamiento O. También se diferenciaron significativamente ( $p < 0,05$ ) los recuentos de enterobacterias resistentes a oxitetraciclina luego de 120 días de ensayo, siendo iguales a 1,18 y 6,46 unidades logarítmicas en el grupo control y el tratamiento O respectivamente. En cuanto a los microorganismos aerobios resistentes a enrofloxacin, luego de 120 días de ensayo el tratamiento E presenta recuentos de 5,63 unidades logarítmicas que se diferencian significativamente ( $p < 0,05$ ) del grupo control que presenta recuentos nulos. Por su parte, el número de enterobacterias resistentes a enrofloxacin a los 120 días presenta un valor promedio de 5,6 unidades logarítmicas en el tratamiento E, valor que se diferencia significativamente ( $p < 0,05$ ) de los recuentos en el grupo control que alcanzan las 1,27 unidades logarítmicas. Al analizar los resultados de la proporción de microorganismos (resistentes en función de totales) los resultados son acordes a los obtenidos en función del número de bacterias, observándose diferencias significativas en este valor en los dos grupos tratados con antimicrobianos respecto al grupo control en el día 120. Los resultados del presente trabajo demuestran que la administración prolongada de dosis subterapéuticas de oxitetraciclina y enrofloxacin ejerce una presión de selección de microorganismos resistentes en la microbiota del tracto gastrointestinal de juveniles de *Piaractus mesopotamicus*.

Palabras clave: oxitetraciclina, enrofloxacin, resistencia antimicrobiana, piscicultura.

**PIAGGIO, Mercedes Carolina (1), AVILÉS, María Victoria (1,2), NAEF, Elisa Fernanda (1,2), LOUND, Liliana (1,2)**

1 Facultad de Bromatología, Universidad Nacional de Entre Ríos. 2 Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos de Entre Ríos. [mercedes.piaaggio@uner.edu.ar](mailto:mercedes.piaaggio@uner.edu.ar)

Los alimentos fermentados y los probióticos se presentan como estrategias nutricionales de gran relevancia en la promoción de la salud y prevención de enfermedades muy diversas, lo cual exige que la enseñanza de estos contenidos disciplinares en las carreras de Nutrición cuente con propuestas pedagógicas innovadoras que contribuyan a una experiencia de aprendizaje significativo. En 2020 y 2021 estas demandas educativas se incrementaron debido a la enseñanza en la virtualidad. Por tal motivo, desde la cátedra Microbiología y Parasitología, perteneciente al segundo año de la Licenciatura en Nutrición (Facultad de Bromatología, Universidad Nacional de Entre Ríos), llevamos a cabo una experiencia educacional denominada “Desafío fermentados”, con el objetivo de reforzar, integrar e involucrar a los estudiantes en la temática. Se utilizó la lógica metodológica del Aprendizaje Basado en Proyectos (ABPt) por sus cualidades de promover el aprendizaje conceptual específico, el desarrollo de habilidades cognitivas de nivel superior y de competencias genéricas o transversales, de gran valoración en la formación integral. Previo al desarrollo de la propuesta, se trabajaron los contenidos conceptuales por técnicas de enseñanza tradicionales (videoconferencias, cuestionarios, lectura e interpretación de artículos científicos, etc). Luego, se propuso a los estudiantes que eligieran un alimento fermentado e investigaran sobre su procedimiento de elaboración e ingredientes; microorganismos implicados; bases metabólicas de los microorganismos en el proceso de fermentación particular; condiciones de incubación; y beneficios nutricionales y en la salud. Posteriormente a su corrección por parte de las docentes, los estudiantes tuvieron que elaborar los alimentos seleccionados, registrando los procesos durante el tiempo de incubación, tanto de manera escrita (informe de cátedra) como a través de medios audiovisuales. Se establecieron criterios para el registro de la información de manera de guiar la observación. El material audiovisual se compartió en la plataforma colaborativa *Padlet*. La totalidad de los estudiantes regulares (n= 13) participaron de la experiencia. Se presentaron 27 publicaciones en la plataforma, 19 comentarios sobre las experiencias, utilizado 90 MB en dicha plataforma. Los alimentos mayormente elaborados fueron yogur, yogur griego, kéfir de agua y kéfir de leche, y, en menor medida, pan de masa madre, chucrut, kvass de remolacha y zanahorias fermentadas. También se hicieron preparaciones de alimentos en donde se incluyeron los fermentados. Una vez concluido el estudio, se generaron ámbitos de discusión y de análisis de los resultados obtenidos y se realizaron los informes correspondientes. Durante todo el proceso se enfatizó sobre la necesidad de diferenciar los alimentos fermentados de los probióticos y demás bióticos. Los trabajos se evaluaron cualitativa y cuantitativamente, fijándose como criterios de evaluación: compromiso e involucramiento de los estudiantes, responsabilidad, aprendizajes conceptuales y habilidades comunicacionales desarrolladas. La totalidad de los estudiantes mostraron motivación hacia las actividades acordadas, destinaron más tiempo que el establecido en la planificación de la Cátedra, participaron en las producciones audiovisuales y compartieron su experiencia en la plataforma. Se concluye que es necesario repensar la educación en la Universidad orientando las estrategias pedagógicas hacia vivencias de aprendizaje innovadoras y significativas, sobre todo en temáticas ligadas a la competencia profesional de los estudiantes.

Palabras clave: enseñanza, alimentos fermentados, probióticos, educación superior.

**LENZ, Romina Micaela (1,2), AUDISIO, Marcela Carina (1,3,4), IBARGUREN, Carolina (1,2)**

1 Instituto de Investigaciones para la Industria Química-CONICET. 2 Facultad de Ciencias de la Salud. 3 Facultad de Ingeniería. 4 Facultad de Ciencias Exactas-Universidad Nacional de Salta. [rominalenz22@gmail.com](mailto:rominalenz22@gmail.com)

El ensilaje es una técnica de preservación de forrajes frescos (principalmente maíz, sorgo, soja, trigo, cebada, centeno, alfalfa y pasturas) en la cual las bacterias lácticas epifitas fermentan los carbohidratos hidrosolubles, en condiciones anaeróbicas, creando un ambiente ácido que inhibe la proliferación de microorganismos indeseables en el ensilado. Sin embargo, si el ensilado no está bien confeccionado el pH suele elevarse ( $\text{pH} > 5$ ), generando condiciones ideales para la multiplicación bacteriana. Los aditivos biológicos, principalmente los compuestos por bacterias lácticas, constituyen una de las mejores opciones para controlar el proceso de ensilaje. El objetivo del presente trabajo fue aislar y seleccionar cepas de bacterias lácticas acidificantes en muestras de ensilados de maíz, con el fin de disponer de un bioinoculante autóctono para aplicación a nivel local. Se tomaron 6 muestras de distintas fincas de la localidad de Amblayo (departamento San Carlos, Salta), que fueron transportadas en bolsas herméticas tipo ziploc y bajo refrigeración hasta el laboratorio. Se prepararon homogenatos (25 g de ensilaje en 225 ml de agua peptona (0,1% p/v)) para cada muestra tomada, se hicieron diluciones decimales y se sembraron en agar Man, Rogosa y Sharpe (MRS)  $\text{pH}=5,5$ ; agar selectivo para *Streptococcus* (MSS)  $\text{pH}=6,5$ , agar infusión cerebro corazón (BHI) y agar Mueller-Hinton (MH). Las placas se incubaron a  $37^\circ\text{C}$  durante 7 días, en el caso de las placas con MRS la incubación se llevó a cabo en condiciones de microaerofilia. Se recuperaron 9 colonias de las placas de agar MRS en caldo MRS, mientras que 12 colonias de las placas con agar MSS, BHI y MH fueron recuperadas en caldo BHI. Todas las cepas seleccionadas se conservaron por repiques sucesivos a  $8^\circ\text{C}$  y  $-20^\circ\text{C}$  en MRS o BHI con el agregado de glicerol al 10% v/v. Posteriormente, se procedió a la caracterización fenotípica de los aislamientos seleccionados mediante determinación de pH en el medio de cultivo de crecimiento, coloración de Gram, producción de catalasa, reducción de nitrato, movilidad, fermentación de esculina, hidrólisis de arginina, prueba Voges Proskauer y desarrollo en leche-azul de metileno (0,1 y 0,3 mL). Los resultados obtenidos en las pruebas realizadas, permitieron seleccionar 13 cepas (8 aislamientos de agar MRS y 5 aislamientos de agar MSS, BHI y MH) que presentaban las características fenotípicas características para bacterias ácido lácticas (movilidad (-), catalasa (-), nitrato (-) y coloración de Gram (+)). Las cepas que fueron aisladas en agar MRS tuvieron mayor capacidad acidificante, con  $\text{pH}= 4-5$  en el medio de crecimiento luego de 24 h de incubación; mientras que las cepas recuperadas de agar BHI alcanzaron un pH final entre 5-7. Este primer aislamiento permitió obtener 13 cepas (aislamientos) con potenciales aplicaciones como fermentadoras y biocontroladoras de las principales bacterias patógenas que afectan los silos, mejorando su calidad nutricional y aportando valor agregado a los mismos, lo que permitirá proveer una solución rentable, efectiva y sustentable para los pequeños criadores de ganado local.

Palabras clave: ensilado, bacterias lácticas, bioinoculantes.

**HOFFMANN, Teresa (1), OSINALDE, José (2), GÓMEZ, Silvana (3), DI NUCCI, Dante (4), BUENO, Dante (5,6)**  
1 CONICET-INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. 2 Ministerio de Producción Turismo y Desarrollo Económico, Dirección de Recursos Naturales, Paraná, Entre Ríos, Argentina. 3 Awasi Foundation Chile- Argentina. 4 Fundación de Historia Natural Félix de Azara. Refugio de Animales Silvestres Güirá Oga. Puerto Iguazú, Misiones, Argentina. 5 INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. 6 Facultad de Ciencia y Tecnología, sede Basavilbaso, UADER, Entre Ríos, Argentina. [maqalihoffmann@gmail.com](mailto:maqalihoffmann@gmail.com)

Diversas especies de aves pertenecientes al orden psittaciformes son criadas y comercializadas con fines ornamentales o como animales de compañía no convencionales. Algunas de estas especies también son mantenidas en instituciones con fines de conservación y/o educación. Más allá del registro de tenencia, comercialización y transporte no se exigen suficientes controles sanitarios durante el desarrollo de estas actividades. Aunque el Plan Nacional de Sanidad Avícola incluye a la bacteria *Salmonella* en sus monitoreos, los psittaciformes no están incluidos en este Plan. Por ello, se estudió la presencia de *Salmonella* spp. en este orden de aves mantenidas en cautiverio dentro establecimientos de las provincias de Entre Ríos, Misiones y Tucumán, Argentina. El muestreo se realizó desde agosto de 2019 a julio de 2021. Se obtuvieron 206 muestras de hisopados cloacales (HC), un hisopado por cada ave. Las aves muestreadas correspondieron a 28 diferentes especies de las familias Psittacidae (56,3%), Psittaculidae (37,9%) y Cakatuidae (5,8%). A los HC se les adicionó 5 ml de caldo tetratoato (con el agregado de iodo, verde brillante y novobiocina) y se incubaron 18-24 h a  $37 \pm 1$  °C. Posteriormente, las muestras se sembraron en agar entérico Hektoen y agar verde brillante, y se incubaron 18-24 h a  $35 \pm 2$  °C. Se tomaron al menos dos colonias sospechosas de *Salmonella* spp. por cada medio agarizado. Cuando no crecieron bacterias compatibles, se tomaron igualmente dos colonias atípicas de cada medio de cultivo. Se utilizaron pruebas bioquímicas para la confirmación del género bacteriano. Ninguna de las muestras de HC resultó positiva a *Salmonella* sp. Sin embargo, se recomienda continuar este tipo de monitoreo para generar un alerta temprano, dado que: a) existe escaso control sanitario; b) estas especies pueden comportarse como portadores posibilitando la transmisión vertical durante la cría en cautiverio; c) al compartir ambientes con otras aves puede ocurrir transmisión horizontal; d) pueden existir contagios a personas debido al contacto frecuente (zoonosis).

Palabras clave: Psittaciformes, *Salmonella*, Zoonosis

**RUIZ, Susana Eugenia (1,2), SERRAL, Federico (3), PANZETTA, María Emilia (4), BARCUDI, Danilo (4), BUJEDO, María José (1), IRRAZABAL, Gabriela (5), LIPARI, Flavio Gabriel (6), AMIEVA, Cristian (1), BOGGIO, Elisa (1), GIRAUDO, Federico Javier (2), VALDES, María Eugenia (4), AMÉ, Valeria (4), ROLLAN, María del Rosario (2,5), FERNANDEZ D'OPORTO, Darío (3), SOLA, Claudia del Valle (4), SAKA, Héctor Alex (4).**

1 LACE Laboratorios, Córdoba, Argentina. 2 Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Católica de Córdoba, Córdoba, Argentina. 3 Instituto de Cálculo-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, CABA, Argentina. 4 Departamento de Bioquímica Clínica, CIBICI-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. 5 Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Católica de Córdoba, Córdoba, Argentina. 6 Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. [jennyruiz5@hotmail.com](mailto:jennyruiz5@hotmail.com)

Las bacterias resistentes a los antibióticos (BRA) son un problema para la salud pública global, ya que reducen las opciones terapéuticas, incrementan los costos sanitarios, y aumentan las tasas de morbi-mortalidad. Acorde al concepto “UNA SALUD” propuesto por la OMS, la complejidad de esta problemática requiere un enfoque integral que contemple no solamente el ámbito clínico, sino también el ambiente y los animales. La polución ambiental del entorno urbano/periurbano es un potencial y poco estudiado eslabón en la circulación de BRA en nuestro medio. Se investigó la presencia de BRA en aguas residuales vertidas en la ciudad de Córdoba (AR-Cba) y en el Río Suquia (RS). En 2016-2021 se analizaron 32 muestras de AR-Cba y 15 del RS antes y después de su paso por la ciudad. Considerando el probable origen cloacal de las aguas residuales, el estudio se centró en la búsqueda de: a) *Enterobacteriales* portadores de beta-lactamasas de espectro extendido (E-BLEE) y/o carbapenemasas, y b) *Enterococcus faecium* resistentes a vancomicina (Ef-VRE), considerados patógenos de prioridad crítica y elevada por la OMS, respectivamente. La sensibilidad se determinó mediante difusión en agar. Los determinantes genéticos de resistencia se confirmaron por PCR/secuenciamiento de ADN. Además, se investigó la presencia de antibióticos de uso clínico en el RS. Se observaron E-BLEE en una elevada proporción de las muestras (AR-Cba 71,9%/ RS 66,7%). Los tipos de BLEE fueron (AR-Cba/RS): CTX-M-(76,2%/29,4%), PER-(4,8%/5,9%), SHV-(4,8%/0%), otras (14,3%/64,7%). Se detectaron 2 aislamientos productores de carbapenemasa en AR-Cba (*Citrobacter freundii*-M10 y *Enterobacter bugandensis*-M31) y 2 en el RS (*E. bugandensis*-RS1.4 y *Aeromonas caviae*-RS4.5). La secuenciación del genoma completo de estos 4 aislamientos reveló en todos ellos el determinante genético de carbapenemasa *blaKPC-2*, ampliamente diseminado en cepas clínicas. De interés, en *E. bugandensis*-M31 y *A. caviae*-RS4.5, el contexto genético de KPC fue *ISKpn8-blaKPC-2-ISKpn6-like* e *ISKpn27-blaKPC-2-ISKpn6-like*, respectivamente, ambos reportados frecuentemente en cepas clínicas de *Klebsiella pneumoniae*. Además, se identificaron BLEE GES-1 en *E. bugandensis*-M31, VEB-1 en *E. bugandensis*-RS1.4 y OXA-2 en *A. caviae*-RS4.5. La principal resistencia acompañante (AR-Cba/RS) fue ciprofloxacina (64,7%/61,8%), uno de los antibióticos detectados en niveles subinhibitorios en el RS, en los mismos puntos en los que se hallaron bacterias con dicha resistencia. En dos muestras del RS se aislaron Ef-VRE *vanA*, que por electroforesis de campo pulsado resultaron estrechamente relacionados a cepas previamente observadas en pacientes de Córdoba. Cabe destacar, las BRA y los antibióticos en el RS solo fueron detectables luego de su paso por la ciudad. Una elevada proporción de las AR-Cba vertidas en la vía pública provienen de desbordes cloacales y transportan BRA, principalmente de tipo coliformes, que a través de la red pluvial se descargan en el RS. Al atravesar la ciudad, el RS adquiere antibióticos en concentraciones subinhibitorias y abundantes cantidades de bacterias coliformes multirresistentes. El hallazgo en el RS del determinante *ISKpn27-blaKPC-2-ISKpn6-like* en *A. caviae*, sugiere fuertemente la adquisición horizontal de genes de carbapenemasas de origen clínico en bacterias naturales del río, las que podrían actuar como reservorio y potenciar la diseminación y evolución de la resistencia a los antibióticos.

Palabras clave: resistencia a los antibióticos, aguas residuales, Enterobacteriales, carbapenemasas, *Enterococcus*

**ONETTO, Andrea Liliana (1,2), CORTESE, Iliana Julieta (1,2), GORTARI, Fermín (1,2,3), ZAPATA, Pedro Darío (1,2), CASTRILLO, María Lorena (1,2), LACZESKI, Margarita Ester (2,4)**

1 Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (InBioMis). Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina. 2 CONICET. Buenos Aires, Argentina. 3 Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Forestales. Misiones, Argentina. 4 Universidad Nacional de Misiones (UNaM). Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN). Departamento de Microbiología. Cátedra de Bacteriología. Misiones, Argentina. [onettoandrea@gmail.com](mailto:onettoandrea@gmail.com)

La yerba mate (*I. paraguariensis* St. Hil.) es uno de los principales cultivos de la provincia de Misiones. Es ampliamente consumida en toda la Argentina y en países de la región, siendo exportada a países como Siria y Líbano. Su uso principal es en infusiones tanto calientes ("mate") como frías ("tereré") y se la emplea además para saborizar panificados, helados y bebidas. Uno de los problemas que presenta su cultivo son los bajos porcentajes de brotación de la semilla que presenta un embrión inicial inmaduro y, una vez lograda la germinación, la mortalidad de los plantines durante su desarrollo en vivero y en su posterior pasaje a campo. Como objetivo se buscó evaluar el efecto de la inoculación con bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) del género *Bacillus* sobre la sobrevivencia de plantines de *I. paraguariensis* en vivero. Se trabajó con 50 plantines orgánicos de *I. paraguariensis* de 1 año por tratamiento, cedidos y mantenidos en el vivero de la Fundación Alberto Roth (Santo Pipó, Misiones). Se evaluaron 6 tratamientos: *B. altitudinis* 19RS3, *B. altitudinis* T5S-T4, la combinación de ambas cepas, fertilizante químico (Minicote® 13-6-16 +1,4 MgO + 10 S), *Azospirillum brasiliense* sp. 245 (control positivo biológico), y un control negativo sin inocular. El fertilizante químico se incorporó al inicio del ensayo a razón de 1 g por plantín y la inoculación con las bacterias se realizó empleando 5 mL de una dilución ajustada a 0,5 de la escala de McFarland por plantín. Se realizaron 3 inoculaciones en 2018 y 3 inoculaciones en 2019. Al finalizar el ensayo se registró el número de plantas vivas en cada bandeja y se realizó un Análisis de la Varianza empleando el software InfoStat. La mayor sobrevivencia se observó en los tratamientos con las cepas promotoras del crecimiento: *A. brasiliense* sp. 245 (96%), *B. altitudinis* 19RS3 (92%), y T5S-T4 (92%). El control negativo obtuvo un porcentaje de sobrevivencia del 90%. La combinación de las cepas mostró un valor menor al control (86%), mientras que el tratamiento con fertilizante químico mostró el valor más bajo entre todos los tratamientos (80%). El ANOVA mostró diferencias significativas entre tratamientos ( $p$ -valor=0,0427). La prueba de Mínimas Diferencias Significativas (LSD) mostró que el único tratamiento que presentó diferencias significativas con el control fue el tratamiento con fertilizante químico, que mostró el valor de sobrevivencia más bajo, diferenciándose asimismo de los tratamientos inoculados con bacterias. La inoculación con cepas PGPB permitió obtener resultados promisorios, al igual que el control positivo biológico (*A. brasiliense*), mostrando una sobrevivencia superior al tratamiento químico que se utiliza ampliamente en la producción de plantines de yerba mate, convirtiéndolos en una alternativa al uso de este. Sin embargo, las bacterias promotoras del crecimiento vegetal presentan la ventaja de permitir un manejo orgánico de los plantines, más acorde con las tendencias actuales de manejo sustentable y con los nuevos requerimientos del mercado alimentario.

Palabras clave: *Bacillus*, PGPR, *Ilex paraguariensis*, yerba mate, sobrevivencia

**MAZA, Débora D. (1), CASTELLANOS, Lucia I. (2), AYBAR, Manuel J. (1,3), VIÑARTA, Silvana C. (1)**

1 Instituto Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO, CONICET-Universidad Nacional de Tucumán), Tucumán, Argentina. 2 Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI-CONICET), Tucumán, Argentina. 3 Instituto de Biología "Dr. Francisco D. Barbieri", Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia de la Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina. [scvinarta@hotmail.com](mailto:scvinarta@hotmail.com)

Los aceites microbianos pueden emplearse como una fuente de triglicéridos (TAG) alternativa a los aceites vegetales para la obtención de biodiesel. Las levaduras oleaginosas como las *Rhodotorula* spp. acumulan eficientemente elevados porcentajes de lípidos neutros de almacenamiento (~50-70%, p/p), principalmente en forma de TAG, bajo determinadas condiciones de crecimiento. Los TAG producidos por estas levaduras pueden transformarse eficientemente en biodiesel por transesterificación. La vinaza es el principal residuo de la industria sucro-alcoholera de Tucumán, se genera en grandes volúmenes y es de gran impacto ambiental en la región. Su disposición final es dificultosa por ser un efluente complejo, de composición variable y con elevada carga orgánica, lo cual representa un riesgo de contaminación en las zonas de descarga. El objetivo del presente trabajo fue emplear vinaza de la industria sucro-alcoholera de la provincia de Tucumán como sustrato para el cultivo de levaduras oleaginosas con el fin de obtener lípidos aplicables para la producción de biodiesel y un aprovechamiento de este residuo. Para ello, se estudió el crecimiento y la acumulación de lípidos de *R. glutinis* R4 y *R. glutinis* R48, dos levaduras oleaginosas aisladas de la Antártida, en medios de cultivo con vinaza de caña de azúcar como única fuente de nitrógeno suplementadas con 30 g/L de glucosa como fuente de carbono. Las levaduras se cultivaron en vinaza al 90, 50, 25 y 10% (v/v) con glucosa (30 g/L) durante 120 h (250 rpm, 25°C) a escala Erlenmeyer. Al final de la fermentación se determinó pH, biomasa y producción de lípidos totales por gravimetría. Asimismo, se observó la presencia de cuerpos lipídicos por microscopía de fluorescencia. Los resultados demostraron que *R. glutinis* R4 y R48 crecieron y acumularon lípidos utilizando vinaza como sustrato. Los mejores resultados de acumulación lipídica se obtuvieron para la cepa R4 en medios de cultivo con vinaza al 10 % (v/v) donde el valor de acumulación de lípidos fue ~77% (p/p), mientras que R48 bajo las mismas condiciones solo acumuló un 40% (p/p) de lípidos, luego de 120 h de cultivo. Estos resultados demuestran que *R. glutinis* R4 y R48 poseen una considerable capacidad para la producción de lípidos a partir de vinaza como sustrato, siendo R4 más eficiente. Ampliando las posibilidades de diseñar bioprocesos más económicos empleando la vinaza como sustrato para la producción de aceites con fines biotecnológicos. Los lípidos de estas levaduras constituyen una fuente alternativa de triglicéridos para la generación de biodiesel.

Palabras clave: Vinaza, Residuos agroindustriales, Aceites microbianos, Levaduras oleaginosas,

**CORREA DEZA, María Alejandra (1), LOBO, Constanza Belén (1), FERRERO, Marcela Alejandra (2), JUÁREZ TOMÁS, María Silvina (1)**

1 Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI-CONICET), Av. Belgrano y Pje. Caseros, San Miguel de Tucumán (T4001MVB), Tucumán, Argentina. 2 YPF Tecnología (Y-TEC), Av. del Petróleo Argentino (RP10) S/N entre 129 y 143 (1923), Berisso, Buenos Aires, Argentina. [alecodeza@hotmail.com](mailto:alecodeza@hotmail.com)

Los polifosfatos inorgánicos (*polyP*) son polímeros lineales constituidos por decenas o centenas de residuos de ortofosfato (Pi) unidos por enlaces fosfoanhídridos de alta energía. Diversos géneros microbianos han demostrado la capacidad de acumular intracelularmente *polyP* bajo diferentes condiciones de crecimiento, para los cuales representan moléculas biológicamente versátiles que podrían estar involucradas en la fisiología microbiana y adaptación a ambientes extremos mediante la modulación de las respuestas a estrés. En este sentido, la adaptación de los microorganismos a ambientes contaminados con heterociclos aromáticos policíclicos de azufre (HAPS) es de gran interés biotecnológico para fines de biorremediación, en donde los *polyP* podrían participar activamente, como sucede en el caso de la remoción biológica de fósforo o de metales pesados. El objetivo de este trabajo fue evaluar la acumulación de *polyP* en bacterias degradadoras de hidrocarburos (BDH) cultivadas en diferentes medios de cultivo y en presencia de dibenzotiofeno (DBT; compuesto modelo de HAPS). Para ello, se utilizaron células en fase estacionaria temprana de BDH (*Pseudomonas* sp. P26, *Gordonia* sp. H19, *Rhodococcus* sp. P18, F27, 20 y 016), cultivadas (30°C, 180 rpm) en LBm (medio de cultivo estándar para el crecimiento bacteriano) y JPP (medio de cultivo formulado para el crecimiento de bacterias marinas). Los cultivos en JPP se emplearon para inocular caldos JPP contaminados con DBT (0,2 mM), los cuales se incubaron durante siete días (30°C, 180 rpm). La cuantificación de *polyP* se realizó en los extractos intracelulares (EICs) bacterianos obtenidos por sonicación a partir de los cultivos evaluados. Se determinó el contenido intracelular de *polyP* mediante una técnica espectrofotométrica que cuantifica Pi a partir de la hidrólisis ácida (HCl 1 M, 100°C, 30 min) de los *polyP* presentes en los EICs. Los resultados evidenciaron que, en la mayoría de las BDH, no hubo diferencias significativas en la acumulación de *polyP* entre LBm y JPP, excepto en *Rhodococcus* sp. 016 (3,77 µg/mL de Pi en JPP; 1,77 µg/mL de Pi en LBm). Esto podría deberse a que el medio JPP es nutricionalmente más pobre y con mayor contenido salino que LBm, lo que podría causar una mayor acumulación de *polyP* durante el crecimiento bajo estas condiciones de estrés. En base a estos resultados, se seleccionó el medio JPP para la preparación de inóculos para los siguientes ensayos. Después de la exposición a DBT, se observó una disminución en el contenido de *polyP* respecto al medio JPP sin contaminante en todas las BDH (excepto *Gordonia* sp. H19 y *Rhodococcus* sp. 20). *Rhodococcus* sp. 20 se destacó por ser la cepa con mayor contenido de *polyP* en JPP (4,33 µg/mL de Pi) y JPP-DBT (5,96 µg/mL de Pi), lo cual sugiere que este microorganismo no es capaz de utilizar el biopolímero bajo las condiciones experimentales evaluadas. Estos resultados ponen en evidencia una relación cepa dependiente entre la disminución de *polyP* y la presencia de ciertas situaciones de estrés, como ser escasez de nutrientes, presencia de altas concentraciones salinas y compuestos tóxicos (DBT) o fase estacionaria prolongada.

Palabras clave: polifosfato inorgánico, bacterias degradadoras de hidrocarburos, biorremediación.

ORPHEE, Cecilia (1), VERNI, Cecilia (1,2), MERCADO, María Inés (3), PONESSA, Graciela (3), GONZALEZ, Silvia (1,2), CARTAGENA, Elena (1,2)

1 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia- Universidad Nacional de Tucumán. 2 INBIOFAL-CONICET. 3 Instituto de Morfología Vegetal, Área Botánica, Fundación Miguel Lillo. [cecilia.orphee@fbqf.unt.edu.ar](mailto:cecilia.orphee@fbqf.unt.edu.ar)

Las civilizaciones precolombinas, consideraban a los tubérculos como “Tesoro de los Andes”; se los consume sin separar el tejido peridérmico (piel o cascara) y, entre los usos etnomédicos de las cáscaras, se relatan la capacidad cicatrizante de heridas y quemaduras. Una vasta bibliografía informa el contenido y aportes nutricionales de tubérculos andinos, siendo escasos los artículos que describen la relación entre la composición química y la actividad biológica del tejido peridérmico frente a bacterias no patógenas posibles candidatos de probióticos. El objetivo fue investigar productos naturales obtenidos a partir de tubérculos andinos, que promuevan propiedades especiales en lactobacilos aislados de ganado menor, como la producción de biofilm. Se realizó un estudio fitoquímico y localización histoquímica de familias de compuestos con diversidad estructural mediante técnicas histoquímicas, realizando cortes histológicos y aplicando técnicas de tinción con reactivos químicos específicos (Reactivo de Benedict, Dragendorff, Lugol,  $AlCl_3$ , KOH y otros) para caracterizar grupos funcionales, en tubérculos seleccionados de la Puna: *Oxalis tuberosum* Molina (oca) variedad rosada y blanca y *Ullucus tuberosus* Caldas (ulluco). Mediante microscopía, se localizaron los constituyentes coloreados. Posteriormente, se obtuvieron extractos acuosos completos (AFC), etanólicos (C) y los sub-extractos acetato (A) y alcohólico (B), con diferencias de polaridad a partir del tejido peridérmico. Se emplearon estrategias de extracción sólida-líquida, líquida-líquida y otros métodos extractivos. En los extractos obtenidos se realizaron análisis de metabolitos secundarios de rutina. Finalmente, se muestreó ganado ovino por hisopado rectal y se estudió la variación cuali-cuantitativa de la flora microbiana intestinal desde el nacimiento hasta los dos meses. Los medios usados: agar Rogosa, (Lactobacilos), HHD modificado (Bifidobacterias), KF (Enterococos); BHI (Anaerobios estrictos) y Mac Conkey (Enterobacterias). Se observó un aumento de lactobacilos, bifidobacterias, enterococos y anaerobios de 1,63; 6,33; 4,06 y 2,24%, respectivamente y las enterobacterias disminuyeron 12,74%. Los *Lactobacillus* indígenas fueron genotipificados y nombrados como *Lactobacillus paracasei* CO 01. Los extractos y sub-extractos se enfrentaron con las bacterias indígenas ovinas y se evaluaron los parámetros de crecimiento y desarrollo de biofilm. El estudio histoquímico del tejido peridérmico determinó la presencia de lípidos, pectinas, proteínas, almidón, triterpenos, fenoles, flavonoides y flavonas, ácido cafeico y/o clorogénico, ácido ferúlico y *p*-cumárico. En el bioensayo, los extractos AFC (25  $\mu$ g/mL) y A (50  $\mu$ g/mL) de oca rosada presentaron un marcado incremento de la formación de biofilm (60% y 44%, respectivamente); mientras que solo AFC influyó en el crecimiento, con un aumento del 10%. Los extractos AFC y A (50  $\mu$ g/mL) de *Ullucus tuberosus* promovieron el desarrollo del biofilm (36% y 19%, respectivamente) y solo AFC incremento un 9% el crecimiento. En lo relacionado a oca blanca, el comportamiento de los lactobacilos ensayados frente a los extractos fue muy diferente, en comparación con los anteriores, ya que se comprobó una disminución en la formación de la biopelícula del 57%, 30% y 27% para A (50  $\mu$ g/mL), AFC y B (25  $\mu$ g/mL), respectivamente. Se concluye que los extractos de oca blanca podrían considerarse como estrategias contra patógenos; mientras que los extractos de oca rosada y ulluco podrían estudiarse para elevar el porcentaje de bacterias intestinales protectoras, como los lactobacilos.

Palabras clave: *Lactobacillus paracasei* CO 01, tubérculos andinos, efectos promotores, oca, ulluco

PAZ, Cynthia, QUINTEROS, María de los Ángeles, ROMERO María Ester

Estación Experimental Agropecuaria INTA, Famaillá. [educaadcemyc@gmail.com](mailto:educaadcemyc@gmail.com)

*Solanum lycopersicum*, conocido comúnmente como tomate, es una especie herbácea del género *Solanum* de la familia Solanaceae. La planta es cultivada en el mundo entero para su consumo. La problemática agroecológica contemporánea es la consecuencia lógica de un proceso histórico de maximización de rendimientos por uso intensivo de la tierra, lo que produjo graves y diversas complicaciones a mediano y largo plazo, dado que, millones de toneladas de nitrógeno químico son aplicadas. *Azospirillum* es una bacteria fijadora de nitrógeno, que desarrolla poblaciones en la rizósfera de numerosas gramíneas. Existen varias especies capaces de colonizar el suelo rizosférico y las raíces, especialmente como endófito produciendo incremento en las ramificaciones y longitud de raíces y pelos radicales, que finalmente, le confieren mayor producción a los cultivos e incluso disparan señales comprometidas con los sistemas de defensa de las plantas. El objetivo fue evaluar el rendimiento de cultivo de tomate inoculado con *Azospirillum* vs control sin inocular. Se realizó la cosecha de tomate por parcela para verificar el rendimiento, tomándose datos de peso de frutos en g, de cada planta. Así como también se realizaron determinaciones de altura de plantas en cm, a lo largo de todo el ensayo. Se determinó si la inoculación con *Azospirillum* tuvo incidencia en la producción verificando el establecimiento de la bacteria en las raíces de plantas con y sin inóculo. Se extrajeron plantas inoculadas y sin inocular, se dispusieron en bolsas plásticas individuales, y se determinó la presencia o no de *Azospirillum*, utilizando el método de diluciones sucesivas y sembrando la dilución  $10^{-8}$  en medio de cultivo NFB sólido, suplementado con  $\text{NH}_4\text{Cl}$  y Rojo Congo. Los resultados fueron analizados mediante el software MINITAB 17. Se realizó el método de Tukey, con un 95 % de confianza para la estimación de la media poblacional de los lotes inoculados y sin inocular. Se observó un rendimiento del 28,5% mayor en líneas inoculadas con *Azospirillum*. El incremento de la altura en las plantas inoculadas en tres casos fue superior al 23%, en dos casos entre el 4 y 8 % y sólo en un caso no hubo diferencia en la altura entre las inoculadas y sin inocular. Se pudo verificar el establecimiento de *Azospirillum* en la zona radicular de plantas inoculadas. La incorporación de *Azospirillum* a las semillas permitió obtener plantines de buena calidad para trasplante. Se obtuvo el 100% en perfecto estado y un sistema radicular de mayor volumen en plantas inoculadas. Al obtener mayor rendimiento de líneas inoculadas vs control, y al coincidir con época de tomate, en la que el precio del mercado es mayor, los productores obtuvieron mayores ganancias, además evitaron la contaminación con agroquímicos.

Palabras clave: *Azospirillum*, rendimiento, cultivo.

**JURE, María Angela (1), PONCE ALONSO Manuel (2), CERRUDO LÓPEZ, Víctor (2), DEL CAMPO MORENO, Rosa (2), MILIWEBSKY Elizabeth (3), CHINEN, Isabel (3)**

1 Laboratorio de Bacteriología Certificado, Cátedra de Bacteriología, Instituto de Microbiología Luis Verna, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán. Argentina. 2 Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (Hospital Universitario Ramón y Cajal), Madrid. España. 3 Laboratorio Nacional de Referencia para SUH e infecciones por STEC. Servicio Fisiopatogenia /INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", Buenos Aires. Argentina. [majejure@gmail.com](mailto:majejure@gmail.com)

*Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es un patógeno transmitido por alimentos, capaz de producir diarrea y complicaciones extraintestinales como Síndrome Urémico Hemolítico (SUH). Además, del potencial de virulencia de este patógeno, existen diferentes determinantes del organismo huésped: edad, dieta, predisposición genética los que en conjunto con la microbiota intestinal (MI) humana podrían interferir en la habilidad de STEC de colonizar eficientemente el tracto gastrointestinal y favorecerían o no la progresión a enfermedad severa. La secuenciación masiva ha permitido profundizar acerca de la composición y funcionalidad de las comunidades que constituyen el microbioma intestinal humano, se ha demostrado que la disminución de ciertas especies que lo componen pertenecientes al género *Bifidobacterium* y otras productoras de butirato, pertenecientes al orden Clostridiales, presentan efectos beneficiosos para la salud y su disminución se asocia con ciertos desórdenes clínicos, como la colonización y proliferación de microorganismos patógenos. Nuestro objetivo fue comparar la MI de niños argentinos infectados por STEC que habían desarrollado Síndrome Urémico Hemolítico (SUH) con los que solo tenían diarrea. Se recogieron 69 muestras de heces diarreicas de pacientes infectados por STEC, de los cuales 49 desarrollaron SUH, y 20 solo presentaron diarrea con sangre. También se analizaron 2 sujetos control colonizados y sin sintomatología. Se extrajo el ADN total de las heces y se determinó la composición bacteriana mediante amplificación y secuenciación masiva de las regiones V3-V4 (16S ADNr) utilizando la plataforma MiSeq (Illumina). El análisis bioinformático se realizó con QIIME2, y la abundancia diferencial se evaluó mediante el análisis discriminante lineal del tamaño del efecto (LEfSe). Tras realizar el filtrado de calidad y la asignación taxonómica mediante SILVA, las 71 muestras rindieron un total de 5,289,912 lecturas pertenecientes a 2575 amplicon sequence variants (ASVs). Los índices de alpha-diversidad Shannon y Faith-PD fueron comparables en los 3 grupos (diarrea, SUH y control colonizado), por lo que no es necesario una destrucción del ecosistema intestinal para que ocurra la infección. El análisis estadístico de la beta-diversidad demostró que los controles sanos tenían menor abundancia de *E. coli/Shigella*, mientras que lo que diferenció el grupo de diarrea respecto de SUH fue la mayor proporción de *Bifidobacterium*, *Erysipelotrichaceae*, *Rombustia*, *Dorea*, *Lactococcus*, *Dysgonomonas*, y *Fusicanibacter*. Podemos concluir que la infección por *E. coli* productora de toxina Shiga no requiere una desestructuración previa de la MI, pero existe una variación en la composición bacteriana a nivel intestinal, en personas que desarrollan SUH respecto de las que solo tienen diarrea, siendo *Bifidobacterium* el género con mayor significancia estadística por su menor abundancia en SUH. Mediante estas aproximaciones experimentales podremos avanzar por primera vez en el conocimiento en esta cohorte de pacientes, acerca de la correlación de la infección por STEC con la MI en niños argentinos.

Palabras clave: microbiota intestinal humana; STEC, SUH, secuenciación masiva

## IDENTIFICACION RÁPIDA Y SENCILLA DE *Escherichia coli* O157:H7 POR ESPECTROMETRIA DE MASAS (MALDI-TOF MS) MEDIANTE LA DETECCIÓN DE BIOMARCADORES ESPECÍFICOS

**MANFREDI, Eduardo (1), ROCCA, Florencia (2), ZINTGRAFF, Jonathan Cristian (3), MILIWEBSKY, Elizabeth (1), CHINEN, Isabel (1).**

1 Servicio Fisiopatogenia. 2 Servicio Bacteriología Especial. 3 Servicio Bacteriología clínica, Departamento de Bacteriología, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". [emanfredi@anlis.gob.ar](mailto:emanfredi@anlis.gob.ar)

*Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) está asociado a casos esporádicos de brotes de diarrea, colitis hemorrágica (CH) y síndrome urémico hemolítico (SUH). Si bien hay más de 150 serotipos que comparten el mismo potencial patogénico, el principal serotipo corresponde al O157:H7. Dentro de las categorías de *E. coli* diarreigénico (DEC) además de STEC existen otras como enteropatógeno (EPEC), enterotoxigénico (ETEC), enteroagregativo y (EIEC) enteroinvasivo (EIEC). En los últimos años, la tecnología de espectrometría de masas basada en la desorción/ionización láser asistida por una matriz, acoplada a un analizador de tiempo de vuelo (MALDI-TOF MS) se emplea para la identificación de patógenos en muchos laboratorios de microbiología clínica. Nuestro objetivo fue discriminar STEC O157 de otras categorías, de manera rápida y confiable aplicando MALDI-TOF mediante la búsqueda de picos biomarcadores utilizando distintos softwares como MaldiBiotyper Real Time Classification para corroborar la identificación al nivel de especie de todos los microorganismos, y Flex Analysis para asegurar la reproducibilidad en los espectros y para la búsqueda de picos biomarcadores. Los archivos de espectros así obtenidos se importaron en el software ClinProTools (Bruker Daltonik GmbH, Bremen, Alemania) para el análisis de picos, evaluación de la variabilidad del set de muestras en su conjunto y para formar dos grupos o clases bien separadas, cuya información sea homogénea. Para el análisis se emplearon espectros de 60 cepas perfectamente caracterizadas por métodos de referencia, de cuatro diferentes tipos de DEC: 15 cepas EPEC, 15 ETEC, 20 STEC no-O157 y 10 STEC O157:H7. A continuación, se desafiaron 142 nuevas muestras completamente caracterizadas: 65 correspondían a STEC O157:H7, 13 O157 no toxigénico, 17 STEC no O157, 11 ETEC, 12 EPEC, 15 EAEC, 7 EIEC, y 2 *E. coli* sin factores de virulencia. Se encontró una gran similitud proteómica dentro de STEC O157 con respecto al resto de las cepas de *E. coli*. Se hallaron 10 picos diferenciales, de los cuales 9 corresponden al patotipo STEC O157:H7 (3017Da, 3083Da, 3595Da, 3770Da, 4012Da, 4939Da, 5238Da, 6037Da, 6169Da y uno que está ausente en este grupo-9060Da). En base al análisis de los resultados obtenidos sobre un gran número de muestras, se puede observar que la ausencia del pico a 9060Da, sumada a la detección de al menos uno de los otros nueve picos descritos en este trabajo, confirmarían la identificación de un aislamiento de STEC O157:H7. Para poder realizar una identificación confiable, no basta la búsqueda de un único pico, sino el análisis conjunto de los mismos. Se identificaron correctamente el 98,5% de las cepas ensayadas (una de ellas no fue definida). Por lo tanto, dada la simplicidad del método, el nivel de detección alcanzado y la disponibilidad del software Flex Analysis en los equipos incorporados a la red de diagnóstico asistencial de Argentina, la rápida detección de estos picos biomarcadores se podría aplicar como un método de diagnóstico de cepas sospechosas de STEC O157:H7.

Palabras clave: STEC O157, MALDI-TOF, picos biomarcadores

**CASTRO, Cristina (1), CATAcata, Analía (1), HUARACHI Sergio (1).**

*1 Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Jujuy, Alberdi N° 47, Jujuy CP 4600. [criis3103@gmail.com](mailto:criis3103@gmail.com)*

Los biofertilizantes de origen orgánico, entre los cuales se encuentra el supermagro; representan una alternativa apropiada a los de síntesis química para los horticultores familiares. El supermagro es un abono líquido rico en energía y compuestos minerales que se prepara usando diversos ingredientes naturales, el cual se usa a nivel foliar para prevenir enfermedades y la presencia de plagas. La lechuga es la hortaliza con mayor volumen de siembra en las zonas hortícolas de la Provincia de Jujuy, su producción entre otros requerimientos demanda el uso de fertilizantes, en su mayoría químicos, los cuales generan una mayor demanda tecnológica para su aplicación. El objetivo de este trabajo fue evaluar la calidad microbiológica del supermagro y su efecto en las hojas de lechugas (*Lactuca sativa L.*); el ensayo se llevó a cabo en el Campo Experimental Dr. Emilio Navea - Laboratorio de Innovación, Validación de Tecnología Agroecológica (LIVTA) de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Jujuy. Para la preparación se usó guano fresco de vaca, azúcar, leche y agua; este preparado, fue aireado y mezclado una vez por semana, al resguardo de la luz solar y la lluvia. Las aplicaciones fueron a partir de los siete días en plantines experimentales con 15 días de crecimiento en macetas individuales. Se trabajó con un diseño completamente aleatorizado con dos tratamientos; un testigo con agua potable ( $T_0$ ) y otro con supermagro al 0,1% v/v ( $T_1$ ), con 20 repeticiones cada uno; pulverizando el follaje una vez por semana. Durante todo el ensayo se midió el pH del biofertilizante y se evaluó el daño a nivel foliar. Los análisis microbiológicos que se realizaron fueron el recuento en placa de bacterias aerobias mesófilas a 37°C durante 48 h., se determinó la presencia de bacterias coliformes totales a 37°C y fecales a 45°C por la técnica del NMP durante 48 horas. Los resultados para el supermagro fueron: a los siete días para recuento de aerobios mesofilos  $1,7 \cdot 10^7$  UFC/mL, para coliformes totales y fecales fue mayor a 110 NMP/mL y presencia de *E.coli*. A los veintiocho días los resultados fueron para recuento de aerobios mesofilos  $8,8 \cdot 10^6$  UFC/mL, para coliformes totales fue 75 NMP/mL, coliformes fecales de 9 NMP/mL y ausencia de *E.coli*. En las hojas de lechuga tratadas con el biofertilizante, se observó una mejor pigmentación y ausencia de enfermedades en comparación con el testigo. Estos resultados difieren, con los obtenidos por otros trabajos de investigación donde evaluaron la calidad microbiológica de diversos biofertilizantes, se puede ver que nuestro supermagro presenta bajos valores de bacterias coliformes totales y fecales a los valores citados por otros autores. En base a lo expuesto se puede decir que la calidad e inocuidad del biofertilizante va a depender del control en el proceso de elaboración, de la microbiota presente y de la manipulación posterior del mismo. Esta propuesta representa una alternativa económica, de fácil elaboración con recursos locales y efectos positivos para el cultivo.

Palabras clave: supermagro, bacterias coliformes, lechuga.

**LEGARIA, María Cristina (1), BARBERIS, Claudia (2), HEGER, Facundo (1), GARCIA, Susana (2); FAMIGLIETTI, Ángela (2), VAY, Carlos (2).**

1 Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Hospital de Clínicas José de San Martín, Departamento de Bioquímica Clínica, Cátedra de Microbiología Clínica, Laboratorio de Bacteriología, Buenos Aires, Argentina. 2 Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Hospital de Clínicas José de San Martín, Departamento de Bioquímica Clínica, Cátedra de Microbiología Clínica, Laboratorio de Bacteriología, INFIBIOC. Buenos Aires, Argentina. [crislegaria@gmail.com](mailto:crislegaria@gmail.com)

La bacteriemia anaerobia representa hasta el 10% de los hemocultivos (HC) positivos (+) y una mortalidad promedio estimada de 14-30%. La identificación del patógeno resulta esencial para instaurar un tratamiento apropiado. La rapidez y exactitud para identificar patógenos directamente de HC mediante MALDI-TOF MS se ha demostrado ampliamente. La detección de bacterias anaerobias (BA), mas aún en sangre, es un desafío bien conocido. El objetivo fue evaluar la identificación directa de BA mediante MALDI-TOF MS a partir de BD-BACTEC™Lytic Anaerobic/F(Becton Dickinson)(FABL) inoculados artificialmente con una selección de aislamientos clínicos de diferentes orígenes. Se incluyeron (n=92) aislados clínicos. Se prepararon inóculos de cada cepa (~0,5 Mc Farland) en caldo BHI a partir de agar sangre Brucella suplementado con vitamina K y hemina (ASB) incubado 48-72 h. en anaerobiosis. Con el propósito de reproducir las condiciones reales (10 ml de sangre humana) utilizamos FABL descartados como negativos. Cada suspensión se inoculó (0,1 ml) en un FABL y se incubó en el sistema BACTEC™-FX(BD Diagnostic Systems) durante 10 días. Simultáneamente, el inóculo se cultivó en un agar chocolate (CO<sub>2</sub>-control de contaminación) y en ASB (anaerobiosis-control de viabilidad e identificación por MALDI-TOF MS, Biotyper 3.1) (Bruker Daltonics). El protocolo combinó la centrifugación-densidad y lisis-extracción para la identificación directa de BA en FABL(+) mediante MALDI-TOF MS. Todas las cepas (n=92) se identificaron con un score  $\geq 1.700$  a partir de las colonias, valor sugerido en la literatura para la identificación de BA a nivel de especie. El 83,69% (77/92) de los FABL fueron+ y 16% (15/92) fueron negativos. La efectividad del método de identificación directa fue evaluada por comparación con el método convencional (colonias) bajo diferente umbral (score) de puntuación (Tabla 1). Sin considerar el valor de corte, la tasa de coincidencia total de la identificación directa fue del 70,12% (54/77). Al utilizar umbrales  $\geq 1.400/\geq 1.700$ , la tasa de coincidencia fue de 59,74% (46/77) y 29,87% (23/77), respectivamente. La tasa de detección (score  $\geq 1.700/\geq 1.400$ ) de gram-negativos fue 43,33% (13/30) y 73,3%(22/30) y la de gram-positivos 25,53% (12/47) y 44,68% (21/47), respectivamente. El número de aislados fue pequeño como para emitir conclusiones. Sin embargo es interesante observar tendencias concordantes en la literatura con las algunas especies (*E. lenta*, *P. anaerobius*, *P. hareii*, *A. tetradius*, *F. magna*, *P. somerae*). De hecho, se han reportado algunos anaerobios como *E. lenta* o *F. magna* que no desarrollaron en los FABL. También es cierto que el SPS es un conocido inhibidor del desarrollo de ciertos microorganismos como *P. anaerobius* y que *P. somerae* tiene dificultad para desarrollar en caldo. Si bien algunas limitaciones del presente estudio (protocolo, bases de datos MALDI-TOF MS, BA infrecuentes en bacteriemia, etc.) conducirán a una investigación posterior, algunas sugerencias se podrían realizar. A diferencia del subcultivo/identificación convencional de BA a partir de HC, este protocolo podría permitir: 1-conocer/sospechar el microorganismo anaerobio causante de la bacteriemia en forma simple y en pocas horas. 2- el subcultivo anaeróbico inicial de HC+: para identificación/pruebas de sensibilidad a los antimicrobianos. 3-implementar un tratamiento temprano y apropiado en favor de una menor mortalidad. 4-acelerar el diagnóstico de ciertas enfermedades asociadas (Ej. *Clostridium septicum*-cáncer de colon).

Palabras clave: MALDI-TOF MS, hemocultivos, bacterias anaerobias, identificación.

## EVALUACIÓN ANTIMICROBIANA SOBRE DIFERENTES SEROTIPOS DE *Escherichia coli* PRODUCTORES DE TOXINA SHIGA: VALORIZACIÓN DE LACTOBACILOS PROBIÓTICOS Y SUS METABOLITOS ACTIVOS

**RUÍZ, Francesca S. (1,2), ASURMENDI, Paula (1,2), GARCÍA, María J (1,2), PASCUAL, Liliana (1,2).**

1 Orientación Bacteriología, Departamento de Microbiología e Inmunología, FCEFQyNat, UNRC. 2 Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS), Conicet-UNRC. [fruiz@exa.unrc.edu.ar](mailto:fruiz@exa.unrc.edu.ar)

En Argentina la frecuencia de aislamientos de *E. coli* productoras de toxina Shiga (STEC) es elevada en comparación a otros países. En Salud Pública, minimizar el riesgo de infecciones por STEC adquiere relevancia ya que la principal población susceptible son niños de la primera infancia. La infección de mayor gravedad asociada al serotipo O<sub>157</sub>:H<sub>7</sub> (>70%) es el síndrome urémico hemolítico (SUH) que conduce a insuficiencias renales y/o trasplante renal y no posee tratamiento antibiótico. Asimismo, otros serotipos variados de STEC no-O<sub>157</sub>:H<sub>7</sub> (>25%) también están siendo asociados con SUH. En la búsqueda estrategias antimicrobianas, la aplicación de microorganismos benéficos y/o sus metabolitos merecen especial atención. Los objetivos propuestos fueron evaluar la actividad antimicrobiana de metabolitos bioactivos de *Lactobacillus fermentum* L23 (GenBank, GQ 455406) y *L. rhamnosus* L60 (GenBank, EF 495247) y la concentración mínima necesaria de ambas cepas para inhibir el desarrollo de STEC O<sub>157</sub>:H<sub>7</sub> y No-O<sub>157</sub>:H<sub>7</sub>. Se ensayaron dos cepas de lactobacilos de origen humano, sobre un total de 51 cepas toxigénicas de STEC (n=16 O<sub>157</sub>:H<sub>7</sub> y n=35 No-O<sub>157</sub>:H<sub>7</sub>). Inicialmente se evaluó la actividad antimicrobiana de cada lactobacilo sobre el desarrollo de las cepas indicadoras mediante técnica de estrías cruzadas. Se demostró que ambos lactobacilos inhibieron el desarrollo del 100% de las cepas de STEC. La actividad antimicrobiana de L23 y L60 presentó valores de halos de inhibición superiores a 30 mm en más del 74% de las cepas sensibles. Luego se evaluó la actividad inhibitoria de los diferentes metabolitos de cada lactobacilo mediante difusión en pozos. Se obtuvieron los sobrenadantes libres de células (SLCs) de L23 (ác. org. y bacteriocina) y de L60 (ác. org., H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> y bacteriocina) y los SLC neutralizados (SLCN) conteniendo las bacteriocinas L23 y L60. La actividad inhibitoria del conjunto de metabolitos de los SLC L23 y L60 sobre el desarrollo de STEC presentó un tamaño promedio de halos de inhibición de 32,5 mm y 33,6 mm, respectivamente. Al evaluar los SLCN L23 y L60, se obtuvieron halos promedios de 27,7 mm y 29 mm, respectivamente. Al comparar la inhibición de los SLC y SLCN no se hallaron diferencias estadísticamente significativas ( $p > 0,05$ ). Sin embargo, al estimar en qué proporción los metabolitos contribuyeron con dicha actividad, se demostró que más del 85% se debió a la acción de las bacteriocinas L23 y L60. Por último, se investigó la concentración mínima necesaria de lactobacilos ( $10^8$  UFC/ml,  $10^7$  UFC/ml,  $10^6$  UFC/ml,  $10^5$  UFC/ml) para inhibir una concentración de  $1,5 \times 10^8$  UFC/ml de *E. coli* O<sub>157</sub>:H<sub>7</sub> y no O<sub>157</sub>:H<sub>7</sub>, mediante técnica de placa vertida. La CMI de L23 comprendió un rango entre  $10^6$  -  $10^7$  UFC/ml, mientras que para L60 se halló una CMI de  $10^6$  UFC/ml para inhibir las distintas cepas de STEC. Así se demostró que concentraciones sub-óptimas de L23 y L60 de dos órdenes ( $10^6$  UFC/ml) respecto a la concentración inicial de *E. coli* fueron capaces de inhibir efectivamente el desarrollo microbiano. Finalmente, la notable capacidad antimicrobiana de estos lactobacilos sobre una variedad de serotipos de STEC representa una valiosa opción con potencial tecnológico para el biocontrol específico de estos microorganismos.

Palabras clave: antibiosis, lactobacilos humanos, metabolitos activos, STEC

## ANÁLISIS GENÓMICO DE DOS CEPAS DE *K. pneumoniae* ST11 RESISTENTES A COLISTINA PORTADORAS DE $bla_{NDM-5}$ EN UNA PLATAFORMA GENÉTICA ASOCIADA A LOS INTEGRONES COMPLEJOS DE CLASE 1, CON FENOTIPO DE EXTREMA RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS.

MASSÓ, Mariana G (1), ALLENDE, Natalia García (2), ÁLVAREZ, Verónica E (3), CAMPOS, Josefina (4), FOX, Bárbara (5), PÁEZ, Laura Carrera (6), FERNÁNDEZ-CANIGIA, Liliana (7), QUIROGA, María Paula (8), CENTRÓN, Daniela (9)

1. Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPaM, UBA-CONICET), Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. 2 Hospital Alemán, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. 3 Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPaM, UBA-CONICET), Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. 4 Plataforma de genómica y bioinformática, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", Buenos Aires. 5 Hospital Alemán, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. 6 Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPaM, UBA-CONICET), Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. 7 Hospital Alemán, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. 8 Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPaM, UBA-CONICET), Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. 9 Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPaM, UBA-CONICET), Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

La metalo- $\beta$ -lactamasa de Nueva Delhi (NDM) otorga resistencia a la mayoría de los antibióticos  $\beta$ -lactámicos, y generalmente se encuentra en aislamientos que poseen otros genes de resistencia (GRA) a otras familias de antibióticos. Estos aislamientos multidroga resistentes o con extrema resistencia, causan una variedad de infecciones asociadas con altas tasas de mortalidad en el ambiente hospitalario. Aunque el alelo NDM-1 es el más prevalente, otras variantes están aumentando su frecuencia en todo el mundo. En nuestro país se reportó recientemente el primer aislamiento clínico de *Escherichia coli*, Ec265, productora de NDM-5 y RmtB en América Latina. En nuestro estudio, se identificaron ambos genes  $bla_{NDM-5}$ , y *rmtB* en dos cepas de *Klebsiella pneumoniae* aisladas de una mujer de 83 años en el año 2018. El primer aislamiento correspondió aun hisopado rectal que se tomó el primer día de ingreso al hospital dentro del programa de vigilancia. Se aisló la cepa H30pKpn productora de metalo- $\beta$ -lactamasa y, en consecuencia, se instalaron las precauciones de contacto. Al cuarto día de hospitalización inició con fiebre, tos productiva y disnea. En este episodio se aisló de una muestra respiratoria la cepa HA31Kpn, también productora de metalo- $\beta$ -lactamasa. HA30pKpn y HA31Kpn fueron resistentes a  $\beta$ -lactámicos (incluidos carbapenémicos y cefalosporinas de tercera y cuarta generación), gentamicina, ampicilina, sulfametoxazol, trimetoprima, cloranfenicol, colistina (mutación R256G en gen *pmrB*) y ciprofloxacina. La paciente fue tratada con altas dosis de tigeciclina y fosfomicina. Evolucionó con descompensación aguda y coma hiperglucémico hiperosmolar y fallece a los 10 días de internación. Ambas cepas fueron secuenciadas por la tecnología MySeq Illumina. El ensamblado y posterior análisis por Bioinformática reveló que ambas cepas pertenecían al secuenciotipo (ST) 11. Además, al analizar los genomas por ResFinder y CARD, encontramos que ambas cepas compartían 17 genes de resistencia a antibióticos *aac(6')-Ib-cr*, *aadA2*, *aph(3')-Ia*,  $bla_{CTX-M-15}$ ,  $bla_{NDM-5}$ ,  $bla_{OXA-1}$ ,  $bla_{SHV-182}$ , *catB3*, *dfrA12*, *mph(A)*, *oqxA*, *oqxB*, *qacE*, *qnrS1*, *rmtB*, *sul1*, con 100% de identidad a GRA ya descritos, y el gen *fosA* que correspondería a un nuevo alelo. La cepa HA30pKpn poseía además el GRA *aph(3')-III*. Considerando los resultados genotípicos y fenotípicos, ambas cepas solo serían sensibles genéticamente a tigeciclina, ya que el gen *fosA*, aunque presente en ambas cepas, no evidenció resistencia a nivel fenotípico. Ambas cepas poseían al replicón Col440I, y al igual que Ec265, compartían los replicones IncFIB y IncFII. También se realizaron ensayos de conjugación. La epidemiología mundial de *K. pneumoniae* productora de carbapenemasas muestra que diferentes linajes circulan en diferentes regiones geográficas, siendo el ST258 predominante en Europa y EE. UU., y el ST11 más frecuente en Asia oriental, y recientemente fue descrito también en Brasil y en nuestro país. Aunque en general estos ST están asociados a la diseminación de la carbapenemasa  $bla_{KPC-2}$ , nuestros resultados indican la emergencia del ST11 diseminando  $bla_{NDM-5}$ ,  $bla_{CTX-M-15}$ , y *rmtB* en una misma cepa, con capacidad de colonizar y luego infectar a pacientes en nuestro país.

Palabras clave: integron, resistencia a antibióticos, ndm, *Klebsiella pneumoniae*, carbapenemasas.

The image is a composite of two photographs. The top photograph shows a laboratory setting with a test tube on the left and a petri dish on the right, both containing a clear liquid. The background is blurred, showing other lab equipment. The bottom photograph shows a petri dish in the foreground containing a pinkish-red liquid, with several test tubes containing the same liquid in the background. The text "MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS" is centered in a blue banner across the middle of the image.

# **MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS**

El estudio enológico de levaduras vínicas autóctonas es de importancia para la selección de posibles starters de vinificación. Es necesario la identificación de características enológicas útiles a nivel industrial en la bodega, tales como el poder fermentativo, velocidad de fermentación, actividad killer, desarrollo a diferentes temperaturas, crecimiento en cantidades crecientes de alcohol y anhídrido sulfuroso. Las levaduras seleccionadas fueron aisladas de uvas variedades *Malbec* y *Cabernet Sauvignon* de Cafayate, Salta; identificadas según técnicas taxonómicas de Yarrow (1998) como *Sacharomyces cerevisiae* y confirmadas por taxonomía molecular. Se evaluó el fenotipo killer por el método de Sommers y Bevan (1969) de las cepas aisladas midiendo los halos de inhibición y muerte de la cepa sensible NCYC 1006. El poder fermentativo de las cepas killer se determinó según técnica de Delfini-Ciolfi (1979) mediante la producción de anhídrido carbónico por pesado diario, valorando el % de alcohol en volumen y la velocidad fermentativa, seleccionando las levaduras que poseen alto rendimiento en etanol y mejor velocidad de fermentación. Los criterios enológicos para la selección de posibles starters de vinificación fueron la presencia del factor killer con los mayores halos inhibitorios y muerte de la cepa sensible NCYC 1006, los máximos valores del poder fermentativo y velocidades de fermentación. Los resultados indican que las cepas aisladas de uvas *Malbec* y *Cabernet Sauvignon* con mejores características killer, determinadas por los halos de inhibición y muerte de la cepa sensible de 4,8 y 3,22 mm, respectivamente; registraron los mayores valores de 86,8 y 84,4 g/L de anhídrido carbónico producido, con velocidades de crecimiento 1,5 veces la velocidad total, adecuadas para un proceso de vinificación.

Palabras clave: starter, vinificación, levaduras.

**PARADA, Romina B. (1,2), VALLEJO, Marisol (1), ANDORO, Débora L. (1), MARGUET, Emilio R. (1)**

1 Laboratorio de Biotecnología Bacteriana, Facultad de Ciencias Naturales y Cs. de la Salud (Sede Trelew), Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. 2 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). [parada.ro91@gmail.com](mailto:parada.ro91@gmail.com)

Durante los últimos años ha tomado una especial dinámica el estudio de los procesos fermentativos sobre matrices vegetales dentro de las cuales, las brasicáceas (repollo blanco, repollo rojo, col china, etc.) se han transformado en el modelo a investigar. Las fermentaciones de vegetales son llevadas a cabo principalmente por bacterias lácticas (BL) que tienen la propiedad de producir altas concentraciones de ácidos orgánicos a partir de azúcares y crear un ambiente favorable para la conservación de los alimentos. Las fermentaciones espontáneas han mostrado su valor durante siglos sin embargo, las herramientas biotecnológicas actuales permiten realizar el aislamiento y selección de determinadas cepas de BL de acuerdo a sus propiedades para conformar cultivos iniciadores. El objetivo del presente trabajo fue aislar BL a partir de fermentaciones espontáneas de brasicáceas y seleccionar cepas según sus propiedades funcionales y tecnológicas. Se tomaron muestras de fermentaciones espontáneas de repollo blanco, colorado, pak choi y akusai en forma periódica durante 30 días y los aislamientos se llevaron a cabo utilizando medios comerciales. Todos los microorganismos compatibles con BL se conservaron en viales a -30 °C para su posterior estudio e identificación molecular. Se aislaron un total de 409 cepas y se seleccionaron aleatoriamente 119 durante diferentes etapas de fermentación. Posteriormente se seleccionaron 84 cepas según su resistencia a la salinidad (3%) y tolerancia a pH 3,5 con el propósito de evaluar su tolerancia al fenol, ácido gálico y tánico, actividad pectinasa y producción de exopolisacáridos. Del total de microorganismos, se preseleccionaron según los resultados de sus propiedades tecnológicas, 15 cepas para su identificación molecular mediante análisis filogenéticos en base a la secuencia del gen ARNr 16S. Las cepas RBTw102, RCTw111, AKTw112, RBTw249, PCTw261 y PCTw270 se clasificaron como *Lactoplantibacillus plantarum* ssp. *argentoratensis*, las cepas RCTw106, AKTw180, RBTw256 y AKTw335 como *L. plantarum*, las cepas AKTw35 y RCTw1 como *Leuconostoc mesenteroides* ssp. *jonggajibkimchii*, las cepas RCTw13 y RBTw100 como *Ln. mesenteroides* ssp. *dextranicum*, mientras que la cepa AKTw332 como *L. pentosus*. En el presente trabajo se aislaron, caracterizaron preliminarmente y seleccionaron 15 cepas de BL con propiedades tecnológicas prometedoras para su potencial uso como cultivos iniciadores autóctonos en la fermentación controlada de brasicáceas.

Palabras clave: vegetales fermentados, propiedades tecnológicas, bacterias lácticas

**REYNOSO, Daniela Alejandra, BARELLO, M. del Rosario, BAMBICHA, Ruth Rosana, JACOME, Oscar Javier, FIORE, Angel, RONDINI, Alina.**

Laboratorio de Alimentos, Dirección de Calidad Alimentaria, Secretaría de Salud de la Municipalidad de Córdoba, Argentina. [danireynoso22@hotmail.com](mailto:danireynoso22@hotmail.com)

*Escherichia coli* es un bacilo gram negativo, no esporulado, que pertenece a la familia de las *Enterobacteriaceae*. La mayoría de estos microorganismos no son perjudiciales para la salud en personas sanas, aunque en pacientes inmunodeprimidos se comportan como patógenos oportunistas. *E. coli* es una bacteria mesófila, que se encuentra principalmente en las heces humanas y animales, no encontrándose en otros nichos. Puede estar presente en alimentos cuando existe una implementación deficiente de las buenas prácticas de manufactura, por ello es considerado un indicador de contaminación fecal. La mayoría de los métodos utilizados para detectar *E. coli*, coliformes totales y fecales son métodos de enumeración que se basan en la fermentación de lactosa. El método del número más probable (NMP) es un ensayo estadístico de varios pasos que consta de fases presuntivas y confirmatorias. Las 2 primeras fases se realizan para el análisis de coliformes totales y fecales, mientras que en la fase 3 se detecta *E. coli*. La serie de 3 tubos se utiliza para analizar la mayoría de los alimentos. En la etapa de detección de *E. coli*, se evaluó mediante el crecimiento en agar Levine, de las colonias características se realizaron pruebas de IMViC para diferenciar fenotípicamente en biotipo I ó II (explicitado según en norma BAM-FDA). El objetivo del presente estudio fue describir la prevalencia de ambos biotipos recuperados a partir de muestras de alimentos. Las muestras ingresadas al Laboratorio de Alimentos de la Municipalidad de Córdoba fueron analizadas con el empleo de la Metodología Bacteriology Analytic Manual: 2020 (BAM-FDA). El recuento de *Escherichia coli* se realizó por Número Más Probable (NMP), empleando tres triadas de tubos, para obtener de acuerdo a la cantidad de tubos positivos el respectivo NMP. Para el presente trabajo, se analizaron muestras de alimentos de distinto origen: productos cárnicos, vegetales de hojas verdes y comidas listas para el consumo. El biotipado se realizó mediante las siguientes pruebas bioquímicas: producción de indol, reacción de Rojo de Metilo, Voges – Proskauer y la utilización de citrato. Definiendo a biotipo I (+,+,-,-) y al biotipo II (-,+,-,-). Clasificación plasmada en Norma BAM-FDA 2020. Se analizaron 25 muestras de las cuales, el 52% (n=13) corresponde a productos cárnicos, un 32 % (n= 8) a comidas preparadas y 20 % (n= 5) verduras de hojas. Hallándose en el total de alimentos cárnicos el biotipo I en 69,2%, biotipo II 7,7 % y ambos biotipos el 23,1%. En comidas preparadas se obtuvo el biotipo I 12,5 %, biotipo II 75% y ambos biotipos 12,5%. Con respecto a verduras de hojas se encontró un 80 % del biotipo I y un 20 % del biotipo II. Podemos concluir con el empleo de esta metodología la existencia de más de un biotipo de *Escherichia coli* en muestras de alimentos, lo cual sería de interés su estudio a futuro para conocer la implicancia en etiologías infecciosas humanas.

Palabras clave: *E. coli*; biotipos; número más probable (NMP)

**ANCASI, Edgardo. (1), FUMAGALLI, Emiliano. (2), MARAZ, Fabiana. (1), PARUSSINI, Fabiola. (2,3).**

1 Laboratorio de Microbiología General y de los Alimentos, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu. 2 Instituto de Estudios Celulares, Genéticos y Moleculares, UNJu. 3 Instituto de Ecorregiones Andinas, UNJu-CONICET. [gustyancasi@fca.unju.edu.ar](mailto:gustyancasi@fca.unju.edu.ar)

El género *Enterococcus* spp. incluye a un conjunto de bacterias ácido-lácticas, capaces de adaptarse, y resistir a diversos ambientes. Aunque su mayor reservorio se encuentra en el tracto gastrointestinal de humanos y animales, están presentes en diferentes matrices alimentarias y están involucrados en los procesos de fermentación de muchos alimentos, contribuyendo positivamente a sus características organolépticas. La incidencia del Género *Enterococcus* en infecciones nosocomiales, y su elevada resistencia intrínseca y adquirida a antibióticos supone un problema terapéutico que afecta a nivel mundial, lo que hace imprescindible la identificación genética y la determinación de la patogenicidad. El objetivo de este trabajo fue determinar datos relativos a la diversidad de propiedades tecnológicas y de patogenicidad de especies de *Enterococcus* spp. aisladas de leche y productos lácteos artesanales de origen caprino, fabricados en la localidad de Tumbaya, Quebrada de Humahuaca, Jujuy, Argentina. Los productos lácteos examinados fueron cultivados a partir de leche cruda de cabra, de forma tradicional y sin añadir cultivos iniciadores comerciales. Se tomaron muestras de leche y quesos de cabra, de las cuales se realizaron diluciones decimales y se sembraron en agar Esculina Ázida Sódica. Se subcultivaron de dos a cinco colonias de cada muestra y se analizaron las siguientes características: morfología celular tras la tinción de Gram, presencia de catalasa, crecimiento en agar bilis esculina-azida, crecimiento en agar BHI al 6,5% de NaCl, tipo de hemólisis en agar soja tróptico al que se añadió un 5% de sangre de carnero. Un total de 20 cepas de Enterococos y se caracterizaron según sus propiedades tecnológicas: acidificación y coagulación de la leche, producción de acetoina, asimilación del citrato, actividad proteolítica y lipolítica-esterolítica; y propiedades de patogenicidad: Test de coagulación, Hemólisis, actividad gelatinasa y resistencia a antibióticos (Gentamicina, Cloranfenicol, Tetraciclina, Clindamicina y Ampicilina). Del total de cepas aisladas se seleccionaron 8 en base a morfología de colonia (negras con halos oscuros, cocos Gram +, catalasa -) y las que presentaron dos o más propiedades tecnológicas deseadas, las mismas fueron identificadas genéticamente por secuenciación de una región del gen ARNr 16S, utilizando los cebadores universales 27F (AGAGTTTGATCMTGGCTCAG) y 1492R (CGGTTACCTTGTTACGACTT). Las secuencias fueron analizadas utilizando el programa BLAST para confirmar su clasificación como *Enterococcus* spp. Todas las cepas analizadas no presentaron características de patogenicidad, pero se observó la resistencia a algunos de los antibióticos ensayados. Los datos presentados subrayan la importancia de los productos artesanales como fuente valiosa de bacterias lácticas con características tecnológicas, importantes tanto como base para la investigación científica como para el diseño de nuevos cultivos iniciadores para alimentos lácteos. Este estudio sugiere que especies del género *Enterococcus*, que se detectan en altas concentraciones al final de la maduración, contribuyen en el otorgamiento de algunas propiedades tecnológicas deseadas para la maduración de quesos artesanales. Además, una gran proporción de las cepas aisladas son resistentes a antibióticos y esto plantea la pregunta si las mismas pueden ser utilizadas como cultivos iniciadores o adjuntos para la elaboración de quesos de origen caprino.

Palabras clave: bacterias lácticas, fermentación, propiedades tecnológicas, patogenicidad.

**MARAZ, Fabiana (1), ANCASI, Edgardo (1), PARUSSINI, Fabiola (2,3), FUMAGALLI, Emiliano (2).**

1 Laboratorio de Microbiología General y de los Alimentos, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu. 2 Instituto de Estudios Celulares, Genéticos y Moleculares, UNJu. 3 Instituto de Ecorregiones Andinas, UNJu-CONICET. [fabby\\_m1687@hotmail.com](mailto:fabby_m1687@hotmail.com)

Las levaduras son una parte esencial de la microbiota de los quesos artesanales ya que pueden tolerar bajos valores de actividad acuosa y pH, altas concentraciones de sal y bajas temperaturas de almacenamiento. Durante el proceso de maduración de los quesos, las levaduras efectúan cambios bioquímicos deseables que contribuyen a cambios en la textura, las biosíntesis de ácidos volátiles y compuestos carbonílicos. Por otro lado, las actividades proteolíticas y lipolíticas de algunas especies de levaduras juegan un papel importante en la formación de precursores de aromas como aminoácidos libres, ácidos grasos y ésteres. El objetivo del presente estudio fue la identificación de las especies de levaduras con propiedades tecnológicas deseables en quesos de cabra de origen artesanal de la localidad de Tumbaya, Quebrada de Humahuaca, provincia de Jujuy, Argentina. A partir de 36 muestras de quesos frescos de origen artesanal se realizaron diluciones decimales de cada una y luego éstas fueron sembradas en placas con agar Saboureaud glucosado con cloranfenicol al 0,01% e incubadas a 25-28° C por 72 hs. Se obtuvo un recuento entre 5,86 a 7,10 log<sub>10</sub> UFC/gr. Luego, en base a sus características morfológicas, macroscópicas y microscópicas, se seleccionaron un total de 113 cepas de levaduras que luego fueron caracterizadas por diferentes pruebas bioquímicas de interés tecnológico, tales como, proteólisis en Agar leche descremada, lipólisis en Agar manteca, producción de acetoina en leche descremada reconstituida, actividad esterasa en extractos libres de células y asimilación del citrato en Agar citrato de Simmons. Las especies de levaduras de las 113 cepas aisladas fueron identificadas por pruebas fenotípicas según la metodología propuesta por Kurtzman (2000). Se seleccionaron 9 cepas con mayor interés tecnológico y se las identificó mediante la amplificación por PCR de los espaciadores transcritos internos entre los genes ribosomales 18S y 26S, utilizando los cebadores universales ITS1 (5'TCCGTAGGTGAACCTGCGG 3') e ITS4 (5'TCCTCCGCTTATTGATATGC3'). Una vez amplificado el fragmento, el mismo fue purificado y secuenciado. Posteriormente, las secuencias fueron analizadas utilizando el programa BLAST y la base de secuencias del GENBANK. Las especies identificadas fueron *Debaryomyces hansenii*, *Kluyveromyces lactis*, *Candida zeylanoides*, *Yarrowia lipolitica*, *Candida parapsilosis*, *Dekkera bruxellensis*, *Candida versatilis*, *Candida albicans* y *Rodotorula spp.* Algunas cepas de *Kluyveromyces lactis* y *Candida zeylanoides* presentaron actividad proteolítica, lipolítica-esterolítica y producción de acetoina. Mientras que una cepa de *Yarrowia lipolitica* evidenció actividad proteolítica, lipolítica-esterolítica y asimilación del citrato. El resto de las especies aisladas manifestaron diferentes e interesantes resultados en base a las pruebas realizadas. Este estudio preliminar nos permitió demostrar que las levaduras se encuentran en altos recuentos en quesos artesanales y que juegan un papel importante en la proteólisis, lipólisis, producción de acetoina y asimilación del citrato, contribuyendo al desarrollo de aroma, sabor y textura del queso. Las cepas autóctonas seleccionadas en este trabajo podrían ser utilizadas como estárter secundario en la elaboración de quesos y con ellas lograr asegurar la calidad y tipicidad de estos, permitiendo revalorizar la importancia de la microbiota de la región.

Palabras clave: propiedades tecnológicas, estárter secundario, aroma, textura.

**RODRIGUEZ, Rodrigo Maximiliano (1), TORRES, María Julia (1, 2), OLIVARES, Ana Paula (2), AUDISIO, Marcela Carina (1, 2)**

1 Departamento de Química, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de Salta; 2 Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Universidad Nacional de Salta. Av. Bolivia 5150. 4400 Salta, Argentina. [rodriguez.rodriqo@exa.unsa.edu.ar](mailto:rodriguez.rodriqo@exa.unsa.edu.ar)

La miel que se produce en Argentina es considerada una de las de mejor calidad, actualmente nuestro país es el segundo exportador a nivel mundial. La suplementación en colmenas de la abeja *Apis mellifera* con la bacteria apipromotora *Ligilactobacillus salivarius* A3iob tiene comprobado efecto sobre el incremento del rendimiento de miel con respecto a colmenas controles, sumado a una mejora del estado sanitario de las abejas. Sin embargo, hasta el momento no se realizaron estudios de calidad y caracterización de las mieles cosechadas. Por ello, el presente trabajo tiene por objetivo analizar las características fisicoquímicas de muestras de miel cosechadas en febrero de 2019 y febrero de 2020 con el fin de analizar el impacto de la suplementación de *Lig. salivarius* A3iob en apiarios de Cachi (Salta) y dar además un valor agregado al producto envasado. Los análisis fisicoquímicos fueron realizados de acuerdo a lo exigido por el Código Alimentario Argentino (CAA) y clasificados como parámetros de madurez, limpieza, deterioro y frescura. Además, se estudiaron las características sensoriales, ecología microbiana y contenido de compuestos fenólicos junto a su acción antioxidante en extractos acuosos de las muestras. Los polifenoles se cuantificaron por el Método de Folin Ciocalteu, el contenido de flavonoides se evaluó con el método colorimétrico con  $AlCl_3$  y la actividad antioxidante se cuantificó de acuerdo al método del Cation radical ABTS. Se realizó un análisis de varianza de los datos y comparación de medias de Tukey ( $\alpha=0.05$ ). Analizando en conjunto los resultados de azúcares reductores, humedad y actividad de agua se determinó que las mieles estudiadas mantienen una correcta maduración. A través de los valores de pH y acidez libre a la par de los ensayos microbiológicos, se confirmó la ausencia de deterioro microbiano y los bajos contenidos de hidroximetilfurfural demostraron frescura del producto conservado en un ambiente fresco y seco. Se determinaron valores de compuestos fenólicos dentro del rango de 45-71 mg de ácido gálico/100g con una leve tendencia al aumento en la concentración de estos compuestos en las mieles provenientes de colmenas suplementadas con la cepa A3iob, mientras que no se observaron diferencias significativas entre estas últimas mieles y las de colmenas controles al cuantificar el contenido de flavonoides y actividad antioxidante, obteniendo un rango de 3,5-7,0 mg de catequina/100g para flavonoides y 63-85% para actividad antioxidante. Este estudio mostró una correcta calidad fisicoquímica de las mieles cosechadas de apiarios de Cachi-Salta en dos años consecutivos; además, la suplementación con la bacteria probiótica mantuvo los parámetros normales según el CAA. Si bien no existen procedimientos estandarizados para la determinación de compuestos fenólicos y actividad antioxidante en este tipo de muestras, los datos recogidos en este estudio sientan la base para posteriores estudios de la misma naturaleza y sugieren que los beneficios de estos compuestos en la salud de los consumidores se mantendrían en la matriz de la miel aún pasados dos años de su cosecha.

Palabras clave: probióticos, *Ligilactobacillus salivarius*, *Apis mellifera*, miel

**NACCHIO, Bárbara L. (1), AVILA HAEL, Graciela N. (1), MEDINA, Roxana B. (1, 2), GARRO, Marisa S. (1)**

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA)-CONICET-CCT NOA Sur. Chacabuco 145 (T4000ILC). Tucumán. 2 Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán, Avda. Pte. N. Kirchner 1900, (T4000INH). Tucumán. [bnacchio@cerela.org.ar](mailto:bnacchio@cerela.org.ar)

La soja (*Glycine max*) es una leguminosa que otorga numerosos aportes nutricionales y beneficios en la salud. Sin embargo, su consumo se ve afectado por la producción de aromas y sabores desagradables; en este marco el uso de bacterias lácticas para la elaboración de un alimento fermentado a base de soja resulta prometedor. Por otro lado, la vida útil de un alimento es un indicador de calidad nutricional y alimentaria ya que permite estimar el tiempo que un alimento va a permanecer en óptimas condiciones, sin que sus propiedades nutricionales, funcionales y organolépticas se vean alteradas. En estudios previos, nuestro grupo de trabajo analizó las características tecnológicas y organolépticas producidas por tres cepas de lactobacilos en matriz soja durante la fermentación. Los objetivos de este trabajo fueron: a) analizar la adición de diferentes saborizantes comerciales grado alimentario a una pasta de soja fermentada con *Lacticaseibacillus*; b) estudiar la vida de estante de la pasta de soja fermentada, a diferentes temperaturas de almacenamiento. Se usaron 4 saborizantes (almendra, avellana, frutilla y naranja) los cuales se agregaron en forma separada a cada pasta de soja en tres tiempos diferentes (-antes de esterilizar; -después de esterilizar y antes de inocular; -después de esterilizar y de inocular), se empleó una muestra sin saborizante como control. Se determinó pH y viabilidad, se evaluó presencia de diacetilo-acetoina (por método de King), y se realizó análisis de sabor y aromas para caracterizar los diferentes aditivos. El estudio de vida de estante se realizó en pasta de soja fermentada con y sin agregado del aditivo seleccionado, colocando las muestras a diferentes temperaturas (-20, 4, 12 y 18°C), durante 28 días. Se analizó humedad y actividad de agua en 0, 7, 14, 21 y 28 días de almacenamiento. Todas las muestras se evaluaron por triplicado. Los saborizantes adicionados en diferentes tiempos a la pasta de soja no modificaron el crecimiento de la cepa inoculada, los valores de pH y UFC/g fueron similares a los obtenidos en la pasta control sin agregado de aditivos. Tampoco afectó a la formación de compuestos de aroma, ya que se observó formación de un halo fucsia en todas las muestras, indicando presencia del par diacetilo-acetoina. En cuanto al análisis de sabor y aroma las muestras fueron caracterizadas con sabores y aromas ácidos, agradables, dulces y frutales. La pasta fermentada adicionada de saborizante frutilla tuvo la mayor aceptación. Por otro lado, en el estudio de vida de estante se observó pérdida de humedad gradual con el aumento de la temperatura y el tiempo de almacenamiento, mientras que la actividad de agua se mantuvo en valores estables durante toda la experiencia en todas las muestras. En base a los resultados obtenidos, se concluye que el saborizante de frutilla fue el más aceptable para el prototipo alimenticio, y que a menor temperatura de almacenamiento incrementa el tiempo de vida de la pasta en óptimas condiciones.

Palabras clave: soja, lactobacilos, alimentos fermentados, aditivos, vida de estante

**NÚÑEZ, Ivana Micaela (1), VIOLA, Carolina M. (1), ARGAÑARAZ, Eloy (2), BABOT, Jaime D. (3), TERÁN, Victoria (1), ALBERTO, María R. (1,2), ARENA, Mario E. (1,2)**

1 INBIOFAL - CONICET-UNT (Instituto de Biotecnología Farmacéutica y Alimentaria). 2 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia. Universidad Nacional de Tucumán (UNT).3 CERELA- CONICET (Centro de Referencia para Lactobacilos). [ivanamicaela28@gmail.com](mailto:ivanamicaela28@gmail.com)

*Capsicum annuum L. var Grossum sendt*, es un pimiento originario de América del Sur y es Argentina el principal productor de la región. Este fruto con reconocidas propiedades beneficiosas para la salud humana es perecedero y sensible a las heladas. Esto hace interesante las investigaciones enfocadas a prolongar su vida en estante. Los métodos de preparación y conservación de alimentos a través del empleo de fermentaciones naturales utilizando microorganismos es una práctica en auge, ya que garantizan la conservación higiénica y la estabilidad comercial, como así también, mejoran la digestibilidad y el valor nutricional de los alimentos. En este sentido, las bacterias lácticas desempeñan un papel importante en la industria alimentaria debido a su capacidad de generar ácido láctico que evita el crecimiento de microorganismos patógenos, conservando los alimentos sin el agregado de conservantes sintéticos. Además, contribuyen a la mejora de las características organolépticas, son consideradas seguras (GRAS) por su bajo potencial patogénico, y pueden ejercer acciones beneficiosas para la salud permitiendo el diseño de alimentos funcionales del tipo prebióticos o probióticos. El primer paso para el diseño de estos alimentos es la selección de los cultivos iniciadores. Diseñar cultivos iniciadores con bacterias lácticas propias de la matriz a fermentar podría reducir costos y efectos no deseados al tratarse de microorganismos potencialmente ya adaptados al microclima del fruto. Por ello, este trabajo tuvo como objetivo aislar e identificar fenotípica y genotípicamente bacterias lácticas de frutos de *Capsicum annuum L. var Grossum sendt*. Para ello en primera instancia se llevó a cabo el aislamiento de las cepas lácticas recolectando pimientos en condiciones de asepsia. Posteriormente se tomaron muestras de la superficie y del interior de los pimientos como así también del tallo y las hojas de la planta utilizando un hisopo estéril embebido en medio MRS. Luego las muestras se sembraron en medio MRS sólido y se cultivaron en condiciones de microaerofilia durante 48 h a 37°C. Para caracterizar fenotípicamente se analizó la morfología de las colonias, se realizó tinción de Gram y evaluación de la enzima catalasa. La identificación genotípica de estas cepas preseleccionadas se realizó mediante la secuenciación del ARN ribosómico 16S. Para diferenciar cepas entre los aislamientos se realizó tipificación molecular mediante rep-PCR. Finalmente, se realizó un dendograma y se calculó el porcentaje de similitud entre los aislados. Como resultado, se seleccionaron 15 aislados Gram positivos, catalasa negativo y con características macroscópicas diferentes. Se observaron diferencias en cuanto a la morfología, agrupación, y tamaños. El análisis comparativo de las secuencias obtenidas en las distintas bases de datos (BLAST, NCBI y RDP) permitió identificar 5 géneros y 9 especies diferentes: *Lactobacillus curvatus*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus brevis*, *Lactobacillus sakei*, *Pediococcus acidilactici*, *Pediococcus pentasaceus*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Weisella cibaria* y *Enterococcus casseliflavus*. Finalmente se realizó un dendograma y se calculó el porcentaje de similitud de los aislados obteniéndose 11 grupos clonales. El aislamiento e identificación de estas cepas lácticas potencialmente probióticas permitirán la fermentación de pimientos por microbiota autóctona para producir un alimento funcional con elevada vida de estante.

Palabras claves: Pimientos, Bacterias lácticas, Fermentación

**GONZALEZ, Juliana (1,2), SANZO, Mariel (1), TABERA, Anahí (2), BUSTAMANTE, Ana (1)**

1 Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), CONICET, FCV-UNCPBA. 2 Laboratorio de Microbiología de los Alimentos, FCV-UNCPBA. [julianag@vet.unicen.edu.ar](mailto:julianag@vet.unicen.edu.ar)

La intoxicación por consumo de alimentos contaminados con enterotoxinas preformadas de *Staphylococcus aureus* es una de las enfermedades transmitidas por alimentos (ETA) más comunes. Este patógeno oportunista puede sobrevivir en superficies y alimentos, colonizar y causar graves infecciones en el hombre. Por otra parte, *S. aureus* resistente a meticilina (MRSA) constituye un importante motivo de preocupación en el ámbito de la salud pública y aún no se encuentra definido el rol que cumple la cadena alimentaria en la transmisión de este patógeno y en la resistencia antimicrobiana. Las ETA afectan principalmente a niños, y en nuestro país, más de 4,5 millones de niños se alimentan en la escuela. El objetivo del presente trabajo fue aislar cepas de *Staphylococcus*, particularmente de *S. aureus*, a partir de muestras colectadas en comedores escolares del partido de Tandil y, analizar características genéticas relacionadas con resistencia a antimicrobianos y con virulencia. Para ello, se analizaron 85 muestras obtenidas en 2018 y 2019, tomadas de manos de manipuladores, de superficies inertes y de alimentos en 10 establecimientos. Las muestras fueron cultivadas en agar Baird Parker suplementado con telurito de potasio y yema de huevo. La identificación de *Staphylococcus* spp. y *S. aureus*, se realizó mediante la amplificación de los genes ARNr 16S y *nucA* por PCR. Además, se investigó la presencia de genes que codifican enterotoxinas (*sea*, *seb*, *sec*, *sed* y *see*), adhesinas (*icaA*, *icaD*) y de otros que confieren resistencia a antibióticos de importancia crítica para este grupo de microorganismos, como meticilina y vancomicina (*mecA*, *vanA*). Del total de muestras analizadas se obtuvieron 21 aislamientos de *Staphylococcus*, de los cuales 3 resultaron ser *S. aureus*. Los mismos provinieron de manos de manipuladores, excepto uno que se obtuvo de un alimento. En cuanto a los genes que codifican adhesinas, 2 *S. aureus* presentaron *icaA* e *icaD* y uno, sólo *icaD*. Ningún aislamiento presentó los genes codificantes de enterotoxinas analizados ni el gen *vanA*, mientras que, en manos de manipuladores de 3 establecimientos, se detectaron 5 aislamientos de *Staphylococcus* resistentes a meticilina, 2 de ellos MRSA. La alimentación escolar juega un rol clave en la nutrición de los menores de sectores vulnerables y el consumo de alimentos contaminados con MRSA puede ser una grave amenaza para la salud. Los resultados obtenidos señalan que se debe extremar la vigilancia de este patógeno en las cocinas. Particularmente, se detectó que los manipuladores fueron la fuente de MRSA. Para evitar esto, es importante que las personas que están en contacto con los alimentos conozcan y cumplan las normas de higiene durante su manipulación.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, MRSA, genes de virulencia, manipuladores de alimentos, comedores escolares.

## ÁCIDOS ORGÁNICOS PARA LA INACTIVACIÓN DE *Escherichia coli* O157 EN HAMBURGUESAS DE CARNE VACUNA. DETECCIÓN POR RECuento TRADICIONAL Y PMA-QPCR

**REY, María de los Ángeles (1,2), VAUDAGNA, Sergio Ramón (1,2), CAP, Mariana (1,2), MOZGOVOJ, Marina Valeria (1,2)**

1 Instituto Tecnología de Alimentos, CIA, INTA Castelar, Argentina. 2 Instituto de Ciencia y Tecnología de los Sistemas Alimentarios Sustentables (ICyTESAS) UEDD- INTA CONICET. [rev.angeles@inta.gob.ar](mailto:rev.angeles@inta.gob.ar)

*Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es el agente causal de diarreas con o sin sangre y, en los casos más severos, Síndrome Urémico Hemolítico. La hamburguesa de carne vacuna ha sido descrita como uno de los principales vehículos de esa bacteria. Para mitigar su presencia se ha propuesto el uso de ácidos orgánicos en la formulación de los alimentos. La efectividad de dichos ácidos se verifica mediante recuento tradicional en placa, aunque se han propuesto otras alternativas como PMA-qPCR, dos metodologías acopladas que permiten cuantificar ADN proveniente sólo de bacterias viables con sus membranas intactas. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la efectividad de los ácidos orgánicos (ácido láctico -AL-, ácido fumárico -AF- y ácido caprílico -AC) solos y en combinación sobre la letalidad de *E. coli* O157 patógena y no patógena inoculada en hamburguesas de carne vacuna, usando recuento tradicional en placa y PMA-qPCR. Las muestras consistieron en hamburguesas de carne vacuna con 4.75% de grasa, 2% de NaCl y 0.25% de Tripolifosfato de sodio, en bolsas individuales de 10 g cada una. Unas se inocularon con un pool de cepas de *E. coli* O157 no patógena y otras con *E. coli* O157 patógena (EDL 933). A continuación, se les agregaron AL, AF y AC. Las intervenciones evaluadas fueron: AL 1%, AF 1%, AC 0.04%, AL 1%+AC 0.04%, AL 1%+AF1% y AF1%+AC 0.04%. Luego de 24 hs en refrigeración, se prepararon homogenatos en Agua Peptona 0.1% y se sembraron las diluciones pertinentes en placas de agar Triptona Soya y agar Mac Conkey. Se realizaron 3 ensayos independientes, con 3 réplicas por cada una de las condiciones de tratamiento. En paralelo, se separaron dos alícuotas de homogenato de cada condición de tratamiento, una para tratar con PMA y otra como control de qPCR, sin PMA. Para las réplicas inoculadas con *E. coli* O157 no patógena se utilizó el gen *UidA* como *target*, mientras que para las inoculadas con STEC EDL 933 se utilizaron los genes *stx1* y *stx2*. Los resultados obtenidos por recuento en placa y por PMA-qPCR resultaron comparables entre sí. Se evidenció la eficacia del PMA para cuantificar sólo ADN de bacterias viables en las muestras de hamburguesa, lo cual no pudo hacerse con qPCR en ausencia del colorante. Con la adición de AF se obtuvo una reducción de 0.41 log UFC/g para el pool de cepas de *E. coli* O157 y 0.38 log UFC/g para STEC, siendo el ácido más eficiente para el objetivo buscado. La combinación de AF+AL logró incrementar esta letalidad obteniéndose una reducción de 0.61 log UFC/g para el pool de cepas y 0.69 log UFC/g para STEC. El ácido que menor letalidad obtuvo, tanto para *E. coli* O157 no patógena como para STEC fue el AC (0.08 log UFC/g). Las diferencias obtenidas entre recuentos en placa y valores interpolados por PMA-qPCR de la curva standard validada para los tres genes con los que se trabajó podrían ser atribuidas a la presencia de bacterias viables no cultivables presentes en las muestras post agregado de los ácidos. Se concluye que en las condiciones ensayadas, la adición de AF+AL resultó ser la más eficaz para la inactivación de los microorganismos de interés. Asimismo, la metodología PMA-qPCR podría reemplazar a la técnica convencional de recuento en placa ya que presenta la ventaja de ser más rápida y generar menos residuos patógenos.

Palabras clave: PMA-qPCR, ácidos orgánicos, *Escherichia coli* O157, STEC

**NAEF, Elisa Fernanda (1, 2), AVILES, María Victoria (1, 2), OLIVERA, Daniela (3), LOUND, Liliana (1,2)**

1 Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos de Entre Ríos. 2 Facultad de Bromatología, UNER. 3 Centro de Investigación y Desarrollo en Criotecología de Alimentos. [elisa.naef@uner.edu.ar](mailto:elisa.naef@uner.edu.ar)

Entre Ríos presenta potencial para la piscicultura ya que cuenta con disponibilidad de agua, insumos y recursos humanos. Entre las especies de la región, se destaca la boga (*Leporinus obtusidens*) por presentar un excelente perfil lipídico. Si bien resulta una alternativa saludable para incorporar en la alimentación, es conocido que la carne de pescado es altamente perecedera. Para reducir la actividad de los microorganismos responsables de su descomposición y aumentar la vida útil en refrigeración, se propuso el uso de metabolitos producidos por *Lactiplantibacillus plantarum*. El objetivo fue evaluar el efecto de la impregnación a vacío con sobrenadantes libres de células de *Lactiplantibacillus plantarum* en las características microbiológicas y fisicoquímicas de carne de boga. Se utilizaron los sobrenadantes libres de células de 2 cepas de *Lactiplantibacillus plantarum* aislados de material vegetal fermentado de sorgo (LPS10) y maíz (LPM2). Las incorporaciones se realizaron por separado en un equipo Gastrovac®, durante 15 minutos de impregnación y 15 minutos de restauración, en condiciones de vacío a una presión de 0,8 bar. Las muestras se envasaron a vacío y se almacenaron a 3 °C durante 15 días. Cada 3 días (72 h) se contaron microorganismos psicrótrofos y bacterias proteolíticas y se midió la variación de peso, pH, color, índice de blancura (IB) y nitrógeno básico volátil total (NBVT). Los microorganismos psicrótrofos en ambas muestras de carne de boga impregnadas (BI) fueron menores que en la carne de boga fresca (BF), mientras que las bacterias proteolíticas solo disminuyeron en la BI con LPS10. Al sexto día de almacenamiento (144 hs), la BF presentó recuentos de microorganismos psicrótrofos mayores a 7 log UFC/g, mientras que la BI con LPS10 y LPM2 presentaron recuentos de 4,71 y 7,07 log UFC/g al final del almacenamiento (360 hs). A los 15 días, las bacterias proteolíticas de ambas BI alcanzaron recuentos menores que en la BF. La impregnación produjo variación de peso significativa en las muestras, siendo de 2,36% y 3,72% para BI con LPS10 y LPM2 respectivamente. Durante el almacenamiento todas las muestras presentaron pérdida de peso. La BF presentó un pH=7,1, que aumentó levemente al finalizar el almacenamiento. La impregnación redujo este parámetro sin presentar variaciones durante el período de estudio. La BI con LPS10 presentó un valor de NBVT menor que la BF, mientras que la BI con LPM2 no presentó diferencia en este parámetro. A los 15 días, la BF superó los 30 mg/100 g establecidos por el CAA, mientras que ambas BI se mantuvieron por debajo de ese valor. La impregnación con LPS10 disminuyó la luminosidad y el IB, mientras que el resto de los parámetros de color no se modificaron. Ninguna muestra presentó diferencias en estos parámetros entre el primer y último día de almacenamiento. Los resultados obtenidos indican que la impregnación a vacío durante 15 minutos con sobrenadantes de *Lactiplantibacillus plantarum* resultó ser una alternativa viable en términos del control del crecimiento microbiano para aumentar el tiempo de conservación en refrigeración de la carne de pescado de boga.

Palabras clave: Carne de pescado, impregnación a vacío, bacterias lácticas, plantaricinas.

**VILTE MARTINEZ, Mirta Ivone (1); Sandilli, Olga del Valle (1); Vilca, Rosana Paola (1); Zobelza Olga Analía(1).**  
1 SUPERIOR UNIDAD BROMATOLOGICA PROVINCIAL (SUNIBROM). Servicio de Análisis Microbiológico de Alimentos-  
Provincia Jujuy. [microsuni2018@gmail.com](mailto:microsuni2018@gmail.com)

La salmonelosis es una zoonosis de distribución mundial. La contaminación de los alimentos crea un riesgo potencial para la salud pública. Los errores cometidos en la cadena alimentaria y sobre todo en el momento de la preparación o manipulación de las comidas, transforman dicho riesgo en un peligro por la multiplicación bacteriana. Por el impacto que provoca esta Enfermedad Transmitida por los Alimentos (ETAs) en la salud pública y en la economía, es necesario analizar diferentes matrices alimentarias en búsqueda del patógeno *Salmonella* spp. La SUNIBROM consta con el Laboratorio Oficial de Microbiología de los Alimentos de la Provincia se reciben diferentes muestras con la finalidad de establecer la Aptitud microbiológica, vigilancia alimentaria, investigación de casos de brotes y/o incidentes alimentarios que puedan afectar la salud de la población. Además, al formar parte de la Red SIVA (Red de Vigilancia Alimentaria Federal) articula las acciones de vigilancia alimentaria en la provincia de Jujuy, investigando las notificaciones de incidentes alimentarios, coordinando las acciones y la comunicación entre los integrantes de la Red. El objetivo del presente trabajo es realizar un estudio retrospectivo de datos disponibles en registros físicos y digitales de la Red SIVA, sobre la presencia de *Salmonella* spp en distintas matrices de alimentos analizadas desde enero del 2020 a julio 2021 en el Laboratorio oficial. El Laboratorio analizó 306 muestras durante el año 2020 y 318 muestras hasta julio del 2021, de materias primas, productos intermedios y productos terminados para comercialización. Las solicitudes corresponden a análisis de aptitud, incidente alimentario, sospecha de incidente, incidente por evento epidemiológico, y control microbiológico. De las mencionadas muestras, solo 244 del periodo 2020 y 190 determinaciones hasta julio del 2021 fueron analizadas para detectar la presencia de *Salmonella* spp según ISO 6579:2002. Solo en una muestra correspondiente a un Incidente Alimentario de enero del 2020 se detectó la presencia del patógeno. La SUNIBROM solicitó a la población en general que se abstenga de consumir el alimento asociado a dicho incidente hasta que se tomen las medidas necesarias. Asimismo, se indicó a los locales de venta minoristas, mayoristas y distribuidores de la provincia, la prohibición de comercialización de los mismos. Estos resultados deben ser evaluados con cautela y son un puntapié inicial para conocer e intervenir en el fortalecimiento del sistema de vigilancia alimentaria federal. La salmonella sigue estando presente en ciertas condiciones de elaboración de los alimentos, por ello es importante abrir la búsqueda a otros alimentos de consumo cotidiano como alimentos de venta callejera, tortas y extender la búsqueda a derivados cárnicos.

Palabras clave: *Salmonella* spp, ETAs, SUNIBROM, SIVA.

**VILCA, Rosana Paola (1), SANDILLI, Olga del Valle (1), VILTE MARTINEZ, Mirta Ivone (1) ZUBELZA, Olga Analia (1).**

1 Superior Unidad Bromatológica Provincial (SUNIBROM) - Servicio de Análisis Microbiológico de Alimentos – Provincia de Jujuy. [microsuni2018@gmail.com](mailto:microsuni2018@gmail.com)

La salmonelosis es una infección principalmente de origen alimentario, aunque también puede deberse al uso recreativo o consumo de aguas contaminadas con heces de humanos y animales. Es una Enfermedad Transmitida por los Alimentos (ETAs), que se pueden presentar como casos aislados o asociado a brotes epidemiológicos, siendo importante su notificación para evitar la hospitalización del paciente. El riesgo de contaminación del alimento puede ocurrir en cualquier etapa del proceso de elaboración o manipulación desde la producción primaria hasta el consumo “del campo a la mesa”. En la provincia de Jujuy según los registros epidemiológicos desde enero 2020 a la semana epidemiológica 23 del año 2021 se reportaron 825 muestras clínicas donde se estudió *Salmonella* spp y de las cuales en solamente 8 se pudo aislar el microorganismo, con mayor prevalencia en pacientes pediátricos. El Laboratorio de Microbiología de los alimentos perteneciente al Dpto. SUNIBROM (Superior Unidad Bromatológica), es el único laboratorio de alimentos de la provincia certificado en el cual se analizan las muestras alimentarias de diferentes matrices con motivo de establecer la aptitud microbiológica, vigilancia alimentaria, investigación de casos de brotes y/o incidentes alimentarios y asesorías a elaboradores con la perspectiva de la prevención de ETAs y así preservar la salud de la población. El objetivo del trabajo es determinar la existencia de correlación epidemiológica entre los casos clínicos notificados con *salmonella* spp y los alimentos analizados para la búsqueda de este patógeno en el Laboratorio de la SUNIBROM desde enero 2020 a julio 2021. Durante el periodo mencionado se analizaron 434 muestras correspondientes a: alimentos lácteos, listos para consumo, cárnicos, farináceos, azucarados, vegetales, alimentos de régimen y alimentos estimulantes en búsqueda de *salmonella* spp utilizando la metodología ISO 6579:2002, de las cuales en solamente una muestra de Yerba mate se aisló y confirmo serológicamente la presencia del patógeno. En base a los resultados obtenidos se puede concluir que en el periodo estudiado no se evidencio correlación epidemiológica entre los casos clínicos reportados y los resultados de la búsqueda de *Salmonella* spp en las muestras analizadas. Cabe aclarar que no existió notificación previa al laboratorio para la búsqueda del alimento involucrado, posiblemente por tratarse de casos aislados. Por el cuadro clínico a veces inespecífico, generalmente no se realiza la consulta médica correspondiente o se realiza en forma tardía lo que dificulta el hallazgo del alimento involucrado, sin embargo, es importante hallar el patógeno en el alimento antes de que propague la enfermedad. Para prevenir la ocurrencia de Salmonelosis, es importante promover campañas de difusión resaltando la importancia de aplicar las 5 claves de la inocuidad alimentaria y Buenas Prácticas de Manufactura (BPM). También es necesario reforzar los sistemas de vigilancia en todas las etapas de la cadena alimentaria y evaluar la calidad sanitaria de los alimentos comercializados en la vía pública. La búsqueda activa de *Salmonella* spp en muestras de alimentos consumidos en la provincia de Jujuy aporta información al Sistema Nacional de control alimentario y por lo tanto ayudar a mejorar las políticas de salud pública.

Palabras clave: *Salmonella*, ETAs, BPM, 5 Claves de la Inocuidad.

**CISNEROS, Lucia (1), YANTORNO, Osvaldo (2), FADDA, Silvina (1)**

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA) CONICET NOA Sur. 2 Centro de Investigación y desarrollo en fermentaciones industriales (CINDEFI-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas UNLP.

[lcisneros@cerela.org.ar](mailto:lcisneros@cerela.org.ar)

*Escherichia coli* enterohemorrágico (EHEC), es de gran importancia entre los patógenos asociados a la industria de la carne. EHEC es capaz de formar biofilm sobre superficies de materiales como acero inoxidable (AI), plástico y vidrio, comúnmente usados en la industria de los alimentos. Esto hace posible la contaminación cruzada de los alimentos durante el contacto con estas superficies. Por otro lado, se conoce la habilidad de ciertas cepas de bacterias lácticas (BL) para inhibir el crecimiento de microorganismos contaminantes y patógenos. Hoy en día su uso en ambientes de procesamiento de alimentos para el control de patógenos constituye una estrategia biológica de gran interés. En el presente trabajo se evaluó el efecto inhibitorio de tres cepas de BL sobre la formación de biofilm de EHEC a 12°C en superficies de acero inoxidable (AI). Las cepas usadas fueron: *Lactiplantibacillus plantarum* CRL 1075, *Lactiplantibacillus plantarum* CRL 1482 y *Pediococcus pentosaceus* CRL 2145. El efecto inhibitorio de cada BL sobre biopelículas de *E. coli* O157:H7 NCTC12900, fue evaluado mediante tres estrategias diferentes, generándose en consecuencia los siguientes sistemas experimentales: 1. Competencia (cultivos planctónicos de la cepa láctica y EHEC); 2. Exclusión (cultivo planctónico de EHEC agregado sobre el biofilm ya formado de la BL) y 3. Desplazamiento (cultivo planctónico de la BL sobre la biopelícula ya formada de EHEC). Luego del tiempo de incubación correspondiente a cada estrategia a 10°C, se cuantificó el biofilm mediante recuento microbiano en medios selectivos. La biopelícula individual del patógeno, así como la de cada BL se empleó como control. Los resultados se expresaron como log UFC/cm<sup>2</sup>. Durante el ensayo de competencia el biofilm de *E. coli* sufrió una reducción de entre 2.9 y 6.5 unidades logarítmicas. Durante la exclusión, el número de células sésiles de EHEC se redujo significativamente entre 2.9 y 3.5 unidades logarítmicas en presencia del biofilm de las BL. En ambos ensayos, *L. plantarum* CRL 1075 demostró ser la cepa más eficaz. Mientras que en el ensayo de desplazamiento solo *P. pentosaceus* CRL 2145, fue capaz de reducir el patógeno (2.3 unidades logarítmicas). Por otro lado, se observó que el biofilm de las BL evaluadas, en general, no se modificó en presencia de *E. coli* NCTC12900, registrándose solo en *L. plantarum* CRL 1482, una disminución significativa durante el ensayo de desplazamiento. Estos resultados muestran que la estrategia más eficiente de inhibición resultó ser la competencia y que si bien *L. plantarum* CRL 1075 fue la cepa más eficaz para mitigar el patógeno, *P. pentosaceus* CRL 2145 fue la única que demostró actividad inhibitoria en las tres estrategias evaluadas. Aunque se prevén estudios más detallados, la competencia por nutrientes y/o por los sitios de unión, así como la producción de metabolitos antimicrobianos (ácido láctico, peróxido de hidrógeno y/o exopolisacáridos) podrían explicar, en parte, la inhibición observada. En conclusión, las tres estrategias evaluadas, tienen potencial para ser empleadas, con cepas lácticas seleccionadas y en diferentes circunstancias, para el tratamiento de superficies de procesamiento industrial, a fin de controlar la proliferación de biopelículas de EHEC.

Palabras clave: biofilm, biocontrol, bacterias lácticas, *Escherichia coli*, seguridad alimentaria.

PAVICICH, María Agustina (1,3), MALDONADO HARO, María Luisa (1,2), RAMIREZ ALBUQUERQUE, Diana (1,2), FERNANDEZ PINTO, Virginia (2), DE BOEVRE, Marthe (3), DE SAEGER, Sarah (3), PATRIARCA, Andrea (1,2)

1 Laboratorio de Microbiología de Alimentos, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Ciudad Universitaria, Pabellón II, 3º Piso (C1428EGA) Buenos Aires, Argentina. 2 Instituto de Micología y Botánica (INMIBO), CONICET, Argentina. 3 Centre of Excellence in Mycotoxicology and Public Health, Department of Bioanalysis, Ghent University, Ghent, B-9000, Belgium. [agustina.pavicich@go.fcen.uba.ar](mailto:agustina.pavicich@go.fcen.uba.ar)

*Alternaria* es uno de los principales géneros fúngicos contaminantes de manzana y sus especies son capaces de producir más de 70 metabolitos secundarios, algunos de los cuales son considerados micotoxinas. La exposición a estas se asocia a diversos efectos adversos, como desórdenes precancerosos en la mucosa esofágica, actividad mutagénica y genotóxica, y se ha relacionado con un desorden hematológico en humanos. Se ha demostrado que cuando se procesan manzanas contaminadas con *Alternaria* existe un riesgo de que sus micotoxinas se encuentren en los productos finales, siendo el riesgo mayor cuando se trata de productos sin clarificar. Actualmente no hay legislación sobre dichas toxinas en productos de manzana, aunque existe un límite para la presencia de ácido tenuazónico (TeA), una micotoxina producida por *Alternaria*, en alimentos para infantes a base de sorgo y mijo de 500 µg/kg, siendo este el primer registro de legislación para toxinas de *Alternaria* a nivel mundial. El objetivo de este trabajo fue estudiar la presencia de 6 micotoxinas producidas por *Alternaria* en papillas infantiles a base de manzana, siendo estas alternariol (AOH), alternariol monometil éter (AME), TeA, tentoxina (TEN), altenueno (ALT), y altertoxina-I (ATX-I). Se adquirieron 20 muestras de papillas infantiles a base de manzana en comercios de Buenos Aires que fueron extraídas según Walravens et al. (2016). Se pesaron 2 g de cada muestra previamente homogeneizada, que fueron adicionados con estándares internos. Se utilizaron muestras blanco fortificadas con los 6 metabolitos fúngicos para la construcción de curvas de calibración en la matriz. Las muestras y blancos fueron agitados y luego mantenidos en oscuridad por 15 min. Se adicionaron 10 ml de acetonitrilo (ACN), se agitaron las muestras por 30 min y se agregaron 2 g de sulfato de magnesio y 0,50 g de cloruro de sodio. Cada muestra se agitó, centrifugó y 6 ml del sobrenadante se evaporaron bajo corriente de nitrógeno. El residuo se disolvió en 100 µl del solvente de inyección (agua/ACN, 70:30). Los extractos se filtraron y centrifugaron a 10000 g durante 10 min. El filtrado se analizó en un UPLC Waters Aquity acoplado a un espectrómetro de masa Xevo TQ-S, con una columna Aquity UPLC High Strength Silica con trifuncional C18 Alkyl phase (HSS T3, 1.8 µm, 2.1 x 100 mm). El instrumento se operó en modo ESI<sup>-</sup>. Las fases móviles fueron agua:ácido acético (AA) (99:1 v/v) y ACN:AA (99:1 v/v), siguiendo un gradiente. De las 20 papillas, todas resultaron contaminadas con AME en niveles entre 4,4 y 14,7 µg/kg, 19 con TEN (4,1-92.2 µg/kg), 14 con TeA (6,5-225,7 µg/kg) y 7 con AOH (1,7-137 µg/kg); no se detectaron ALT ni ATX-I en ninguna de las muestras. Este trabajo permitió detectar por primera vez la presencia de toxinas de *Alternaria* en papillas infantiles de manzana comercializadas en Argentina. Estos resultados justifican un análisis de riesgo para evaluar la seguridad de los consumidores de estos productos, ya que son destinados a la población infantil.

Palabras clave: micotoxinas, seguridad alimentaria, manzana, papillas infantiles

## ESTUDIO PRELIMINAR: CONTAMINACION FUNGICA AMBIENTAL Y DE SUPERFICIES COMO INDICADOR DE ENMOHECIMIENTO TEMPRANO EN GONDOLA DE PAN INDUSTRIAL.

**CHAMORRO, Antonella (1), MARCHESSI, Nicolás (1), GALIAN, Liliana (1)**

*1 Centro de Investigación Desarrollo e Innovación para los Procesos Agroalimentarios (CIDIIPA) – Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria Ambiente y Salud (IIPAAS) y Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Lomas de Zamora. Kilómetro 2, Camino de Cintura 1836 Llavallol, Buenos Aires – Argentina. [anthoch@yahoo.com.ar](mailto:anthoch@yahoo.com.ar)*

En las panificadoras industriales se dan las condiciones naturales para la multiplicación y distribución de contaminantes fúngicos alterantes, que provocan enmohecimiento en el pan, acortando su tiempo de vida útil en góndola. El objetivo de este trabajo fue estudiar el comportamiento de los conteos fúngicos ambientales y de superficies con el número de devoluciones de pan para implementar acciones correctivas. Se trabajó en las áreas críticas de producción, desmolde, enfriado y envasado de una panificadora industrial de la zona de Esteban Echeverría, provincia de Buenos Aires. El análisis se realizó descriptivamente confrontando datos registrados de los recuentos de UFC fúngicas en superficies y en ambiente y el número de panes de las devoluciones. El periodo analizado fue de 7 meses. Se calculó el promedio de los recuentos mensuales, considerando UFC / placa y se confrontó con el número de panes devueltos por enmohecimiento temprano para cada mes. Los datos obtenidos se expresan en: UFC / placa : devoluciones en el mes, para superficies; 17:112 ; 11:43 ; 25:121 ; 7:8 ; 12: 46 ; 18:291 y 10:94. Y ambientes; 11:121; 17:128; 12:8; 5:12; 5: 46; 9: 109 y 12: 291. Cada combinación de datos muestra un perfil propio, dependiente de los distintos momentos y de los factores productivos asociados al comportamiento de las contaminaciones fúngicas. Se genera un interrogante sobre la posibilidad de que esas diferencias marquen una tendencia de que al aumentar el conteo fúngico aumente el número de devoluciones; lo cual podrá corroborarse cuando se amplíe la base de datos. Este estudio preliminar le permitió a la empresa corregir aquellos factores de control relacionados con el estado higiénico sanitario, logrando minimizar el daño económico que ocasionan las devoluciones.

Palabras clave: enmohecimiento, panes industriales, indicadores.

## ESTUDIO DE LA FRECUENCIA DE GENEROS FUNGICOS EN AREAS CRITICAS DE PRODUCCION DE PANIFICADOS COMO HERRAMIENTA DE PRIORIZACION DE RECURSOS.

**CHAMORRO, Antonella (1), MARCHESI, Nicolás (1), GALIAN, Liliana (1)**

1 Centro de Investigación Desarrollo e Innovación para los Procesos Agroalimentarios (CIDiPA) ) –Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria Ambiente y Salud (IIPAAS) y Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Lomas de Zamora. Kilómetro 2, Camino de Cintura 1836 Llavallol, Buenos Aires – Argentina. [anthoch@yahoo.com.ar](mailto:anthoch@yahoo.com.ar)

Los productos panificados poseen características que favorecen la proliferación de mohos, amenazando su calidad e inocuidad. El control de los contaminantes fúngicos en las áreas críticas de producción, desmolde, enfriado y envasado es decisivo en la vida útil del pan. El objetivo de este trabajo fue: determinar la frecuencia de los géneros fúngicos, y su distribución en las áreas críticas para dirigir eficientemente los recursos de control. La empresa realizó un muestreo durante 4 meses, que incluyó: superficies por hisopado y siembra en placa y en ambiente por sedimentación en placa con 15 minutos de exposición; utilizando placas Compact Dry con medio para hongos y levaduras; en el laboratorio de Microbiología de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Lomas de Zamora, se procedió a identificar los géneros fúngicos, utilizando claves taxonómicas. Se estudiaron un total de 229 colonias, la frecuencia se determinó a partir de las unidades formadoras de colonias del género sobre el número total de colonias en los recuentos. La distribución se determinó con el número de colonias halladas en cada área sobre el número total de colonias; ambas determinaciones se expresaron en porcentaje. Se hallaron los siguientes géneros fúngicos con sus respectivas frecuencias: Levaduras 59%, *Cladosporium* sp. 18,8%, *Alternaria* sp. 7%, *Mucor* sp. 4,8%, *Penicillium* sp. 3,5%, *Aspergillus* sp. 3,5%, *Crhysonilia* sp. 2,6% y *Sporotrichum* sp. 0,9%. La distribución de la contaminación fúngica fue: 4,9% en enfriado, 39,2% en desmolde y 55,9% en envasado. La alta frecuencia de levaduras detectadas no implica enmohecimiento temprano en góndola, pero pone en manifiesto fallas en la aplicación de los lineamientos de buenas prácticas de manufactura. Los datos indican que el área de envasado es la más comprometida; por ello deben dirigirse los recursos destinados al control. La baja incidencia de la contaminación fúngica general y particularmente de *Aspergillus* sp. y *Penicillium* sp. en el área de enfriado es importante ya que allí los panes permanecen expuestos por mayor tiempo. Dirigir las acciones correctivas según los resultados de estudios técnicos sistematizados resulta fundamental en la gestión empresarial y permite obtener altos impactos positivos en calidad e inocuidad con el uso eficiente de los recursos.

Palabras clave: enmohecimiento, panes industriales, priorización.

**GIMÉNEZ, Belén (1), GRAIVER, Natalia (1), GIANUZZI, Leda (1), ZARITZKY, Noemí (1,2),**

1 Centro de Investigación y Desarrollo en Criotecnología de Alimentos (CIDCA), CONICET, Fac. de Cs Exactas, UNLP. 47 y 116, La Plata (1900), ARGENTINA. 2 Depto. de Ing. Química, Fac. de Ingeniería, UNLP. 47 y 1, La Plata (1900). [belengimenez@live.com.ar](mailto:belengimenez@live.com.ar)

En los últimos años, se han introducido diferentes tecnologías para la conservación de alimentos debido a las consecuencias indeseables causadas por los tratamientos térmicos (pasteurización, escaldado y esterilización). Entre las tecnologías no térmicas que se aplican para mantener la seguridad y calidad de los productos alimenticios se encuentra el ozono, el cual es un potente agente desinfectante y un fuerte oxidante. La aplicación de ozono gaseoso (OG) tiene actualmente varias ventajas, el exceso de ozono se descompone rápidamente para producir oxígeno y, por lo tanto, no deja residuos en los alimentos. Se lo considera un agente antimicrobiano de amplio espectro con capacidad de oxidar componentes celulares vitales de una variedad de patógenos transmitidos por los alimentos. En 2001, la Administración de Alimentos y Medicamentos de los Estados Unidos (FDA) aprobó las regulaciones para el uso de ozono como aditivo alimentario, durante el procesamiento o almacenamiento. Sin embargo su acción oxidante puede llegar a alterar la calidad de las carnes aumentando la rancidez y variando el color de las mismas. Entre los microorganismos patógenos *Listeria monocytogenes* es un microorganismo ubicuo que sobrevive mucho tiempo en los alimentos, y siendo una preocupación para la industria agroalimentaria. Tiene una alta capacidad para resistir diferentes condiciones de procesamiento. La temperatura óptima de crecimiento está entre 30 y 37 °C, pero es capaz de crecer a temperaturas de refrigeración (0–8 °C), de desarrollarse a un pH de 4.4–9.6 y sobrevivir a concentraciones entre 16 y 20% de NaCl. Los objetivos de este trabajo fueron: a) analizar el efecto de tratamientos con ozono gaseoso sobre el desarrollo de la biota natural heterótrofa y sobre *Listeria monocytogenes* inoculada en carne bovina y almacenada a 4 y 10°C; b) evaluar los parámetros de calidad tales como color superficial, textura y oxidación lipídica después de la aplicación del tratamiento y durante el almacenamiento refrigerado. El OG fue aplicado a muestras cárnicas vacunas (discos de 6 cm diámetro y 3 mm de espesor) en cámaras diseñadas para tal fin. El tratamiento con OG fue optimizado y el óptimo consistió en pulsos de 5 minutos de O<sub>3</sub> (concentración en la cámara de 276mg O<sub>3</sub>/m<sup>3</sup>) con repetición de estos pulsos cada 30 minutos durante 5 horas. Se evaluaron las propiedades fisicoquímicas de los productos obtenidos (color, textura y oxidación lipídica (TBARS)) y se analizaron posteriormente recuentos microbianos de la microbiota natural heterótrofa (bacterias ácido-lácticas, mesófilas, enterobacterias, hongos y levaduras) y *Listeria monocytogenes* inoculada en una concentración de 10<sup>3</sup> UFC/mL. El tratamiento fue efectivo para controlar la biota microbiana permitiendo la reducción de más de 1 ciclo logarítmico de los recuentos de la microbiota natural en la carne, manteniendo la estabilidad oxidativa y los parámetros fisicoquímicos adecuados. La aplicación de las condiciones óptimas de tratamiento disminuyó los recuentos de *L. monocytogenes*, por debajo de 2 log UFC/g durante 16 días a 4°C, limitando su crecimiento durante el almacenamiento refrigerado. El uso de OG en carne vacuna permite el control del crecimiento microbiano durante el almacenamiento refrigerado manteniendo los parámetros de calidad.

Palabras clave: carne bovina, ozono gaseoso, *Listeria monocytogenes*, oxidación lipídica

**MALDONADO HARO, María Luisa (1,2), CABRERA, Gabriela (3), PAVICICH, Agustina (1,2), RAMIREZ, Diana (1,2), FERNÁNDEZ PINTO, Virginia (2), PATRIARCA, Andrea (1,2)**

1 Laboratorio de Microbiología de Alimentos, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Ciudad Universitaria, Pabellón II, 3º Piso (C1428EGA) Buenos Aires, Argentina.

2 Instituto de Micología y Botánica (INMIBO), CONICET, Argentina. 3 Unidad de Microanálisis y Métodos Físicos Aplicados a Química Orgánica (UMYMFOR). FCEN, UBA. E-mail: [ml.maldonado@qo.fcen.uba.ar](mailto:ml.maldonado@qo.fcen.uba.ar)

Los tomates son uno de los frutos de mayor consumo a nivel mundial por sus propiedades organolépticas y nutricionales. Se lo consume fresco y además se lo procesa para obtener varios productos como extractos, puré, salsas, tomates enteros pelados y ketchup. Por su epidermis blanda, los frutos son susceptibles a la contaminación fúngica, especialmente por especies del género *Alternaria*. Este patógeno puede producir una variedad de metabolitos secundarios, muchos considerados micotoxinas: (i) los derivados de dibenzopirona: alternariol (AOH), alternariol monometil éter (AME) y altenueno (ALT); (ii) los derivados del perileno: altertoxinas: (ATX-I y II); (iii) derivados del ácido tetrámico: ácido tenuazónico (TeA), y otras estructuras como tentoxina (TEN). Estos metabolitos pueden afectar la salud de personas y animales, y tienen capacidad genotóxica, mutagénica, carcinogénica y citotóxica. Los tomates contaminados con *Alternaria* pueden ingresar a la línea de procesamiento en donde el hongo suele ser destruido durante el tratamiento térmico, pero no así las micotoxinas, siendo ingeridas por el consumidor. El objetivo del presente trabajo fue determinar la presencia de 6 micotoxinas producidas por *Alternaria* en productos procesados de tomate: AOH, AME, TeA, TEN, ALT y ATX-I. Un total de 63 productos procesados de tomate fueron recolectados de comercios de Buenos Aires. Cada muestra fue homogeneizada, se pesaron 5 g y se agregaron 10 ml de (acetoniitrilo/acetato de etilo/ácido fórmico 60:39:1). Se agitó por 30 min, se centrifugó (4000 rpm, 15 min), se tomaron 5 ml de sobrenadante y se evaporó bajo corriente de nitrógeno. El residuo se disolvió en 1 ml de metanol y se filtró por filtro de 0.45 µm. Además, se prepararon muestras blanco de tomate triturado que fueron adicionadas con estándares de toxinas de *Alternaria* a niveles de 20, 50, 100 y 200 ng/g. El análisis se realizó por HPLC-MS en un equipo QTOF, de Bruker (MicroTOF-Q II®), con HPLC Agilent serie 1200® con inyector automático y detector de arreglo de diodos. Condiciones de HPLC: solvente A, HCOOH 0,1%; solvente B, MeOH 0,3 ml/min. Temperatura 30 °C, gradiente de 0 a 15 min; A: 80, B:20; de 15 a 25 min; A: 0, B: 100. De los 63 productos procesados de tomate, 19 resultaron contaminados con al menos una toxina. Del total, 11 muestras resultaron contaminados con TEN en un rango de 13,2-13,6 mg/kg, 7 con AOH (12,4-13,3 mg/kg), 3 con AME (12,4-13,1 mg/kg) y TeA (0,45-28,7 mg/kg), 2 con ATX-I (13,4-15,3 mg/kg) y 1 muestra con ALT (18,0 mg/kg). Dos de las muestras presentaron contaminación simultánea con dos de las toxinas (AOH y AME) y tres de ellas con tres de las toxinas analizadas. Este trabajo permitió detectar la contaminación natural de productos procesados de tomate comercializados en Buenos Aires, Argentina con toxinas de *Alternaria*. La presencia de estos metabolitos tóxicos alerta sobre un riesgo potencial para la salud del consumidor.

Palabras clave: tomate, procesados, micotoxinas, *Alternaria*

**BOTTINI, Enriqueta (1), CACCIATO, Claudio (1, 2), MONTEAVARO, Cristina (1)**

1 Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva (SAMP), Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), UNCPBA-CICPBA-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). 2 Personal de apoyo CICPBA. [bottinie@vet.unicen.edu.ar](mailto:bottinie@vet.unicen.edu.ar)

La mastitis es la inflamación de la glándula mamaria que frecuentemente responde a un origen infeccioso. Entre los agentes etiológicos se encuentran microorganismos que presentan un comportamiento contagioso, ambiental o de ambos tipos. Entre los contagiosos se describe a *Mycoplasma spp* que presenta una mayor complejidad para su aislamiento y que por lo tanto no se realiza su búsqueda de rutina. *Mycoplasma* produce una mastitis que puede ocasionar una importante disminución en la producción, difícil de curar ya que no responde a los tratamientos convencionales y que se puede diseminar rápidamente en el rodeo. Además, puede producir artritis, infertilidad e infecciones respiratorias entre otras presentaciones. El control lechero es una práctica que permite determinar la producción y la composición láctea de cada vaca de un rodeo que generalmente se realiza con una frecuencia mensual. Para una mejor conservación de estas muestras se agrega el conservante azidiol (AZ). Esto es indispensable para mantener las muestras desde su recolección hasta su procesamiento en el laboratorio. El objetivo del siguiente trabajo fue evaluar si el conservante azidiol afectaba el recuento de unidades formadoras de colonias de *Mycoplasma spp* a partir de muestras de leche bovina congeladas provenientes de tambos en control lechero. Para lo cual, se tomaron 4 muestras de 60 ml leche de tanque congeladas, negativas a *Mycoplasma spp*. Cada una de las muestras fue inoculada con un volumen determinado de una suspensión de *Mycoplasma bovis* ATCC 25025 de concentración conocida. A partir de cada dilución se fraccionaron dos tubos con 5 ml cada uno. A uno se le agregó AZ y a el otro se lo dejó como control sin AZ. La totalidad de las diluciones fueron sembradas en Agar Hayflicks por triplicado incubándose por 48 hs a 37°C en estufa con 10% de CO<sub>2</sub>. Posteriormente se realizó el recuento de las colonias obtenidas para cada dilución y se realizó un análisis de varianza bajo un modelo factorial con interacción, mediante el software InfoStat. Las concentraciones iniciales de cada dilución (Tratamientos/ T) fueron: T1, 2500 UFC/ml; T2, 5000 UFC/ml; T3, 25000 UFC/ml y T4, 50000 UFC/ml. Los promedios de los recuentos posteriores al agregado o no de AZ fueron los siguientes: T1 c/AZ: 666 UFC/ml, T1 s/AZ: 660 UFC/ml, T2 c/AZ: 4080 UFC/ml, T2 s/AZ: 3780 UFC/ml, T3 c/AZ: 18533 UFC/ml, T3 s/AZ: 31733 UFC/ml, T4 c/AZ: 31466 UFC/ml y T4 s/AZ: 40533 UFC/ml. A partir del análisis estadístico de los resultados no fue detectada interacción entre la concentración de *Mycoplasma spp* y la presencia o no de azidiol (P=0.4232) como tampoco fue observado efecto del azidiol (P=0.2685). Por otro lado, si fue detectado efecto de la concentración de *Mycoplasma spp* (P<0.0001), observando diferencias significativas entre la concentración 2500 y 5000 y entre estas dos últimas con respecto a 25000 (Tukey, P<0.05). Estos resultados plantean una oportunidad de búsqueda de *Mycoplasma spp* en muestras provenientes de controles lecheros para implementar dentro de un programa de monitoreo y control de este patógeno en tambos de una determinada región.

Palabras clave: azidiol, *Mycoplasma bovis*, control lechero.

## EVALUACIÓN DEL ESTADO HIGIÉNICO-SANITARIO E IMPLEMENTACIÓN DE ACCIONES DE MEJORA EN CARNICERÍAS DE LA CIUDAD DE TAFÍ VIEJO. TUCUMAN, ARGENTINA.

**MORENO MOCHI, María Paula (1), SOLORZANO, María Victoria (2), VEGA, Silvia Marine (3), CONDORI, Susana (3), LEOTTA, Gerardo Aníbal (4), JURE, María Angela (1).**

1 Cátedra de Bacteriología. Instituto de Microbiología Luis C. Verna. Fac. de Bioqca, Qca y Fcia. Universidad Nacional de Tucumán, San Miguel de Tucumán. 2 Dirección de Bromatología, Municipalidad de Tafí Viejo Laboratorio de Microbiología. 3 Dirección de Bromatología del Sistema Provincial de Salud (SIPROSA) San Miguel de Tucumán. 4IGEVET- Instituto de Genética Veterinaria Ing. Fernando N. Dulout, Facultad de Ciencias Veterinarias UNLP, La Plata. [paumorenomochi@hotmail.com](mailto:paumorenomochi@hotmail.com).

Las enfermedades transmitidas por alimentos (ETAs), representan una amenaza para la salud pública. Diversos organismos internacionales, enfatizaron la necesidad de basar normativas de seguridad alimentaria y comercial en evaluaciones objetivas de riesgo microbiológico. La carne y productos cárnicos favorecen el crecimiento de microorganismos, incluidos patógenos asociados a brotes de intoxicación alimentaria. La contaminación bacteriana se presenta en cualquier fase del proceso, desde la producción hasta consumo, lo que contribuye a un mayor riesgo de contraer ETAs. En nuestro país, estudios previos en marco del programa "Carnicerías Saludables", avalan la implementación del mismo como una herramienta en gestión integral de riesgos. Nuestros objetivos consistieron en realizar una evaluación integral de carnicerías de la ciudad de Tafí Viejo, implementar acciones de mejora y verificar su impacto. Las planillas de verificación para cuantificar el riesgo incluyeron 5 bloques según importancia e impacto durante el proceso de producción: condiciones edilicias, equipamiento, personal, materias primas/productos y flujo de muestras. El riesgo se cuantificó en una escala de 1 a 100 como riesgo alto (1-40), moderado (41-70) o bajo (71-100). Durante las fases de evaluación (2017-2018) y verificación (2019) del estudio se recogieron en cada etapa, 28 muestras de carne vacuna picada y 112 muestras ambientales: mesadas, cuchillos, picadoras y manos de operarios. Se realizaron recuentos de microorganismos mesófilos, *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus*; y detección y aislamiento de *Salmonella* spp., *E. coli* O157:H7 y *E. coli* productora de toxinas Shiga (STEC). Para análisis estadísticos se utilizó STATA software ( $p < 0,05$ ). La cuantificación del riesgo resultó en 6 carnicerías de alto riesgo (21,4%), 19 de riesgo moderado (67,8%) y 3 de riesgo bajo (10,7%). Se realizaron 8 sesiones de capacitación colectiva y 28 capacitaciones individuales, 53 maestros recibieron folletos informativos de prevención, que se transfirieron a 1800 niños y 40 comedores escolares. La reevaluación por cuantificación de riesgos dio como resultado 3 carnicerías de alto riesgo (10,7%), 12 riesgo moderado (42,8%) y 13 bajo riesgo (46,4%). Tras la implementación de acciones de mejora, hubo diferencias significativas en los riesgos promedios de los bloques: condiciones edilicias 4,42 vs 5,37 ( $p=0,016$ ); personal 18,3 vs 20,92 ( $p=0,034$ ); y flujo de muestras 13,54 vs 17,3 ( $p=0,014$ ). Teniendo en cuenta el Código Alimentario Argentino, el recuento de mesófilos marcó una reducción de logUFC/gr (6,711 vs 6,101) con diferencias significativas ( $p=0,004$ ); sin embargo, los recuentos de *E. coli* ( $p=0,343$ ) y *S. aureus* ( $p=0,018$ ), no presentaron diferencias significativas. La detección de STEC marcó una significativa disminución entre ambos periodos (27% vs 0%,  $p=0,013$ ), mientras que la detección de *Salmonella* no demostró diferencias significativas. En muestras ambientales se observó una disminución en la detección de STEC: cuchillos 36% vs 0% ( $p=0,004$ ), manos operarios y mesadas 25% vs 0% ( $p=0,023$ ), y picadora 29% a 0% ( $p=0,013$ ). La detección de *Salmonella* presentó una reducción en muestras de manos de operarios, mesadas y picadora. En el presente estudio se realizó una evaluación descriptiva del riesgo higiénico-sanitario y las acciones de mejora implementadas en carnicerías de Tafí Viejo, corroborando las fallas técnico-sanitarias en la comercialización de carne en locales no supervisados.

Palabras clave: Carnicerías, Seguridad alimentaria, Estado higiénico-sanitario.

## POTENCIAL DE CULTIVOS MIXTOS DE BACTERIAS LÁCTICAS DE INCREMENTAR LA ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE, COMPUESTOS FENÓLICOS Y FLAVONOIDES DE GALLETAS DE QUINOA

**SANDEZ PENIDEZ, Sergio Hernán (1), VELASCO MANINI, Marina Andrea (1), GEREZ, Carla Luciana (1), ROLLÁN, Graciela Celestina (1).**

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA) - CONICET, Chacabuco 145 (4000) - San Miguel de Tucumán, Argentina.

[hsandez@cerela.org.ar](mailto:hsandez@cerela.org.ar)

En los últimos años, la quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) ha tomado protagonismo como un nuevo cultivo emergente debido a su excelente calidad nutricional y ser apto para la manufactura de productos alimenticios novedosos libres de gluten. En previos trabajos se puso en evidencia la capacidad de ciertas bacterias lácticas (BL) de incrementar la concentración de compuestos fenólicos totales (CFT) y la actividad antioxidante (AAO) de masas fermentadas y galletas de quinoa. A fin de optimizar la conversión de este sustrato, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de co-cultivos de cepas seleccionadas de BL (*L. plantarum* CRL 1964, CRL 1973 y *Lc. mesenteroides* subsp. *mesenteroides* CRL 2131) sobre la AAO (método DPPH, ABTS, depuración de radicales OH<sup>·</sup>, FRAP, poder reductor y capacidad antioxidante total), CFT y flavonoides totales (FT) de masas y galletas de quinoa. Las masas inoculadas con co-cultivos de BL, en sus diferentes combinaciones, mostraron mayor recuento microbiano (9.5-9.7 log UFC/g) y acidificación (pH 3.7-3.9) con respecto a masas inoculadas con monocultivos (9.0-9.1 log UFC/g; pH 4.0-4.4) y masas control sin inocular (2.9 log UFC/g; pH 5.7). Además, masas de quinoa fermentadas con co-cultivos presentaron incrementos máximos de AAO (34%), CFT (53%) y FT (37%) respecto a las masas inoculadas con monocultivos. En correlación con estos resultados, las galletas elaboradas a partir de masas de quinoa fermentadas por los co-cultivos mostraron incrementos máximos de AAO (81%), CFT (64%) y FT (70%) respecto a las galletas elaboradas a partir de masas fermentadas con monocultivos y controles. Para caracterizar las galletas elaboradas, se realizó un análisis de componentes principales que puso en evidencia que el co-cultivo CRL 1964/CRL 2131 y el co-cultivo conformado por las tres cepas de BL, mostraron los mejores resultados para las características evaluadas. En conclusión, este estudio puso en evidencia el efecto sinérgico de la combinación de cepas de BL seleccionadas sobre el contenido fenólicos y flavonoides y la actividad antioxidante de masas y galletas de quinoa. De esta manera, los resultados demostraron el potencial del empleo de cultivos iniciadores mixtos de BL seleccionadas para el diseño de alimentos funcionales fermentados a base de granos andinos.

Palabras clave: Bacterias lácticas; quinoa; actividad antioxidante; alimentos funcionales

**CORRADO, María Belén (1), SOLDÁ, Carina Alejandra (1), DAVIES, Cristina Verónica (1), ESTECHE, Sofía Magalí (1), GERARD, Liliana Mabel (1).**

*1 Laboratorio de Microbiología y Biotecnología de Alimentos (MIBIAL), Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos. Concordia (E. Ríos- Argentina). e-mail: [belen.corrado@uner.edu.ar](mailto:belen.corrado@uner.edu.ar)*

Las levaduras son los microorganismos responsables de transformar el mosto de uva en vino. *Saccharomyces cerevisiae* es la principal especie fermentativa usada como cultivo iniciador de la fermentación alcohólica. Los objetivos de este trabajo fueron aislar, identificar y estudiar las propiedades enológicas de levaduras autóctonas de uvas de la variedad Marselán provenientes de Concordia (E.R). Se pesaron y descobajaron 200 g de uvas de esta variedad proveniente de la vendimia 2020. Se estrujaron asépticamente, en stomacher durante 20 segundos. Se suplementaron con 85mg/L metabisulfito de sodio y se dejaron fermentar espontáneamente a 25°C durante 10 días. Se tomaron alícuotas que se inocularon en agar YPDC (1% extracto de levadura, 2% peptona, 2% glucosa, 1,5% agar) con 30 µg/mL cloranfenicol, en agar YPDC y 0,4 µg/mL cicloheximida (YPDCI) y en agar diferencial WL (Oxoid) e incubaron a 25°C durante 48 h. El estudio de las colonias aisladas se realizó según el método descrito en Barnett et al, (2000), sobre la base de sus características morfológicas macroscópicas y microscópicas y crecimiento en medio selectivo con L-lisina. Para la identificación molecular, se extrajo el ADN genómico por el método CTAB (bromuro de cetil - trimetil amonio), posteriormente, se hizo PCR de la región ITS-5.8S y corte con enzimas de restricción: *CfoI*, *HaeIII* y *Hinfi*. Las propiedades enológicas evaluadas fueron: tolerancia al etanol (10, 12,5 y 15 % v/v); resistencia al anhídrido sulfuroso (100 y 150 ppm), capacidad de formar sedimento y película o anillo. Para el estudio de las propiedades antes nombradas se utilizarán tubos provistos de un airlock, con 30 mL de caldo YPD (1% extracto de levadura, 2% peptona, 2% glucosa) suplementado con 10% glucosa. Se inocularon 100 µL de un inóculo de 10<sup>6</sup>-10<sup>8</sup> UFC/mL, se incubaron durante 12 días en estufa a 25±2 °C. Se aislaron en total 35 cepas de levaduras, de las cuales, se identificaron 8 como *Saccharomyces cerevisiae*, de acuerdo a los estudios moleculares antes descrito (cepas codificadas como M49, M52, M58, M60, M63, M64, M67 y M70). La observación macroscópica en agar WL mostró colonias de color verde claro o blanco amarillento, consistencia cremosa, redondas, con borde definido. Ninguna de ellas presentó crecimiento en agar L-lisina. En cuanto a la observación microscópica, las cepas presentaron forma globosa, ovalada o redondeada, con gemación multipolar. Sus propiedades enológicas no exhibieron diferencias marcadas entre sí: todas presentaron formación de sedimento, caldo límpido y sin formación de anillo o película, toleraron hasta 15 % de etanol excepto la cepa M52 que sólo creció en 12.5 % v/v y toleraron hasta 150 ppm de anhídrido sulfuroso. Las levaduras no- *Saccharomyces* se diferenciaron por sus características bioquímicas y de cultivo y permitieron caracterizar la microflora autóctona de las uvas Marselan. *Saccharomyces cerevisiae* está presente en estas uvas, pueden ser aisladas de la fermentación espontánea y según las características enológicas estudiadas podrían ser utilizadas como cultivo iniciador en procesos de vinificación.

Palabras clave: *Saccharomyces cerevisiae*, identificación, fermentación espontánea.

**ALVAREZ, Fabiana (1), VALLEJO, Claudia Verónica (1), RODRÍGUEZ-VAQUERO, María José (1,2)**

1 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia – Universidad Nacional de Tucumán. UNT-CONICET, Ayacucho 471, Tucumán, Argentina. 2 CONICET- Argentina. [maria.rodriguezvaquero@fbqf.unt.edu.ar](mailto:maria.rodriguezvaquero@fbqf.unt.edu.ar)

Argentina es uno de los principales países productores de limón, líder en exportaciones de jugo de limón concentrado a nivel mundial, y la provincia de Tucumán es el principal productor de limón de Argentina. Los limones pueden ser empaquetados para el consumo como fruta o pueden fabricarse subproductos, tales como jugo turbio concentrado. El jugo turbio concentrado de limón que se obtiene por el exprimido de la pulpa es el principal producto de exportación. Una importante característica de la industria cítrica Argentina, es que aparte de sus características fisicoquímicas distintivas, el jugo de limón argentino no lleva adicionado ningún conservante, este mantiene una carga microbiológica baja manteniéndolo a  $-18^{\circ}\text{C}$  desde el momento de su envasado. A pesar de todos los esfuerzos para anular la carga microbiana existen microorganismos capaces de crecer en este ambiente tan hostil. El objetivo de este trabajo es aislar e identificar preliminarmente aquellos microorganismos capaces de crecer en jugo turbio de limón concentrado y conservado durante 15 días a  $-18^{\circ}\text{C}$  preparados para exportar. El jugo turbio de limón concentrado y congelado fue transportado desde la industria al laboratorio, donde se tomaron alícuotas y se sembraron en diferentes medios de cultivos PCA, YMPG+cloranfenicol y MRS+cicloheximida ( $2\ \mu\text{g}/\text{mL}$ ), ajustando el pH a 2, 3, 4, 5,5 y 6,5 y se incubaron a diferentes temperaturas (4, 15, 28 y  $37^{\circ}\text{C}$ ). Los resultados mostraron dos tipos de colonias: Colonias blancas cremosas con bordes regulares y colonias cremosas de color anaranjada con bordes regulares. Al observar diferentes cultivos puros a partir de colonias blancas al microscopio se determinó que no pertenecían al mismo microorganismo, encontramos dos morfologías diferentes, 10 de ellas eran células alargadas, que se encontraban aisladas o en grupos y la mayoría presentaban brotes; mientras que 20 de ellas eran células redondeadas aisladas o en grupo, sin la presencia de brotes. Al observar al microscopio las colonias cremosas de color anaranjada y bordes regulares observamos células ovoides aisladas. Por el tamaño de las células todos los aislados serían levaduras. Las levaduras se clasificaron *Saccharomyces* o no-*Saccharomyces*, se determinó su capacidad de esporulación, formación de pseudomicelios y crecimiento a diferentes temperaturas, entre otras pruebas. Los resultados nos permiten concluir que los microorganismos capaces de crecer en jugo de limón concentrado y conservado a bajas temperaturas, son tres levaduras diferentes. Dos de estas levaduras pertenecerían al grupo de *Saccharomyces* y la tercera levadura es *No-Saccharomyces*. Aún no se determinó ningún género presumible, pruebas complementarias como la asimilación de compuestos nitrogenados y carbonatados, pruebas de fermentación de azúcares están en proceso y para corroborar las pruebas fisiológicas pruebas de identificación a nivel genético para su identificación.

Palabras clave: Jugo de limón concentrado congelado; aislamiento, levaduras.

## CARACTERIZACION DE BACTERIAS LACTICAS AUTOCTONAS DE CHILTO. EFECTO DE LA FERMENTACION SOBRE LA COMPOSICION Y PROPIEDADES FUNCIONALES DEL JUGO DE CHILTO

**CONTRERAS, Luciana (1), ISLA, María Inés (1,2), TORRES, Sebastián (1,2)**

1 INBIOFIV, CONICET-UNT. 2 Facultad de Ciencias Naturales e IML, UNT. Tucumán, Argentina. [sebatk@hotmail.com](mailto:sebatk@hotmail.com)

En la actualidad existe una mayor conciencia social con respecto al rol que tiene la alimentación en la salud. Esto ha incrementado la demanda de alimentos funcionales, que además de satisfacer las necesidades nutricionales básicas, sean capaces de aportar beneficios para la salud de los consumidores. En este contexto, la fermentación de los alimentos por bacterias lácticas (BL) probióticas puede potenciar los efectos benéficos para la salud de los mismos, y a la vez mejorar su perfil sensorial y vida de estante. En particular, los jugos de frutos resultan excelentes matrices para la fermentación ácido-láctica debido a su alto contenido de carbohidratos, micronutrientes, fibras y compuestos fenólicos. Dentro de estos, los jugos de chilto (*Solanum betaceum*), fruto nativo con un alto contenido de compuestos bioactivos responsables de sus propiedades funcionales (actividad antioxidante, antiinflamatoria, hipoglucemiante e hipolipemiante), sobresalen como alternativa para la elaboración de un jugo fermentado funcional. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la seguridad y la capacidad para fermentar el jugo de chilto de BL autóctonas de chilto, como también estudiar el efecto de la fermentación sobre el contenido de compuestos bioactivos y las propiedades funcionales del jugo de chilto. Se estudió la seguridad de los aislamientos determinando su sensibilidad a antibióticos (ATB), actividad hemolítica y producción de la enzima gelatinasa. Las BL estudiadas no presentaron actividad gelatinasa ni actividad hemolítica y mostraron un perfil de sensibilidad a ATB similar al de otras BL. Todos los aislamientos, excepto L3 fueron resistentes a Vancomicina, mientras que T8 y A8 fueron además resistentes a Gentamicina, H1 a Clindamicina y Penicilina, y H1, H2, H3 y L1 a Tetraciclina. La capacidad de las BL de fermentar el jugo de chilto (pH ajustado a 6,5) fue evaluada durante 24h a 37°C. Todos los aislamientos, con excepción de H3, crecieron bien en el jugo (recuento celular a 24h > 2 unidades logarítmicas que el inicial). En relación al jugo control sin fermentar (JC), los jugos fermentados (JF) mostraron concentraciones menores de azúcares totales (59,5 mg/ml en JC), mientras que los niveles de azúcares reductores y glucosa fueron variables en los diferentes jugos. (1 a 22 mg/ml y 0,3 a 13 mg/ml, respectivamente). Los JF no mostraron cambios en el contenido de proteínas (330 µg/ml). El contenido de compuestos fenólicos totales aumentó significativamente por efecto de la fermentación (700 a 880 µg/ml), con respecto al control (665 µg/ml) mientras que los niveles de flavonoides aumentaron en la mayoría de los JF (18 a 47 µg/ml) en relación al JC (17 µg/ml). Antocianinas y carotenoides totales no fueron detectados en ninguno de los jugos. Al estudiar el efecto de la fermentación sobre las propiedades funcionales del jugo de chilto, se pudo comprobar una conservación o mejora en la actividad antioxidante (actividad depuradora del radical catión ABTS•+ y test del β-caroteno – ácido linoleico) de los jugos fermentados. Los resultados obtenidos demuestran el potencial de las BL autóctonas de chilto para desarrollar alimentos fermentados a base de este fruto.

**Palabras clave:** chilto, bacterias lácticas, probióticos, jugos fermentados, alimentos funcionales.

**NEDIANI, Miriam T. (1), TABOADA, Natalia, V. (1)**

1 Facultad de Agronomía y Agroindustrias, Universidad Nacional de Santiago del Estero. [tnediani@gmail.com](mailto:tnediani@gmail.com)

En los últimos años, la cría de cabras de sacrificio se ha convertido, en el mercado, en una importante actividad económica generadora de dinero a través de la producción de carne y leche, productos de alto valor biológico, y en el uso de otros componentes para la fabricación de quesos y embutidos. Los objetivos de este trabajo fueron: Elaborar artesanalmente quesos y salamines caprinos con y sin adición de cultivos iniciadores autóctonos y comparar la influencia del cultivo iniciador en las características sensoriales. Para las elaboraciones de quesos y salamines se utilizaron cepas autóctonas aisladas de diferentes fuentes de origen caprino. En quesos se empleó un cultivo iniciador Qi al 2% formado por cepas seleccionadas de: *L. delbrueckii subsp. bulgaricus* UNSE309, *S. thermophilus* UNSE321 (por su capacidad acidificante y actividad esterasa específica); *L. rhamnosus* UNSE308 y *L. plantarum* UNSE316 (por su capacidad acidificante y por su capacidad de influenciar en el desarrollo de aroma y sabor); para el caso de salamines, se elaboraron dos formulaciones: Ai (100% carne caprina) y Bi (50% carne caprina y 50% carne porcina), en las que se utilizó un cultivo iniciador CAPRI SX1241 inoculado al 2% formado cepas de *L. sakei* UL12 y *S. xylosum* US41. Las distintas elaboraciones estuvieron formuladas con y sin el agregado del cultivo iniciador. Los productos finales, se evaluaron sensorialmente, mediante un análisis descriptivo de las características sensoriales más sobresalientes, nivel de agrado y aceptación global de los productos, utilizando la técnica de consenso grupal con la participación de paneles de jueces entrenados y consumidores. Los resultados mostraron que los quesos elaborados con cepas autóctonas, a diferencia de quesos no adicionados, presentaron una mayor impresión global, mayor regusto y persistencia con una marcada intensidad en el descriptor de olor propiónico, responsable de los sabores intensos, picantes típicos de los quesos de cabra, mientras que en el caso de salamines, los resultados manifestaron que los embutidos Bi y Ai, presentaron menor pH y  $a_w$  tornándose más luminosos, más vivos, menos amarillos y más rojos que los embutidos sin el agregado del mismo. Además, Bi y Ai fueron evaluados como los embutidos con puntuaciones más altas en cuanto al *sabor*, *textura* y *olor*. Por su parte, los consumidores también los prefirieron, evaluándolos como “me gusta mucho” y “me gusta”. Además, el uso de cultivos autóctonos permitió optimizar la seguridad de los distintos productos elaborados artesanalmente limitando el crecimiento de patógenos (coliformes fecales que crecen a 45 °C, *Salmonella* y *Listeria monocytogenes*), fundamentales para la aceptación de los consumidores. En conclusión, la utilización de cultivos autóctonos iniciadores permitió obtener nuevos productos caprinos con características organolépticas, de aroma y sabor pronunciados, garantizando productos estables y homogéneos destinados a una población de consumidores que aprecian productos con sabores autóctonos e intensos.

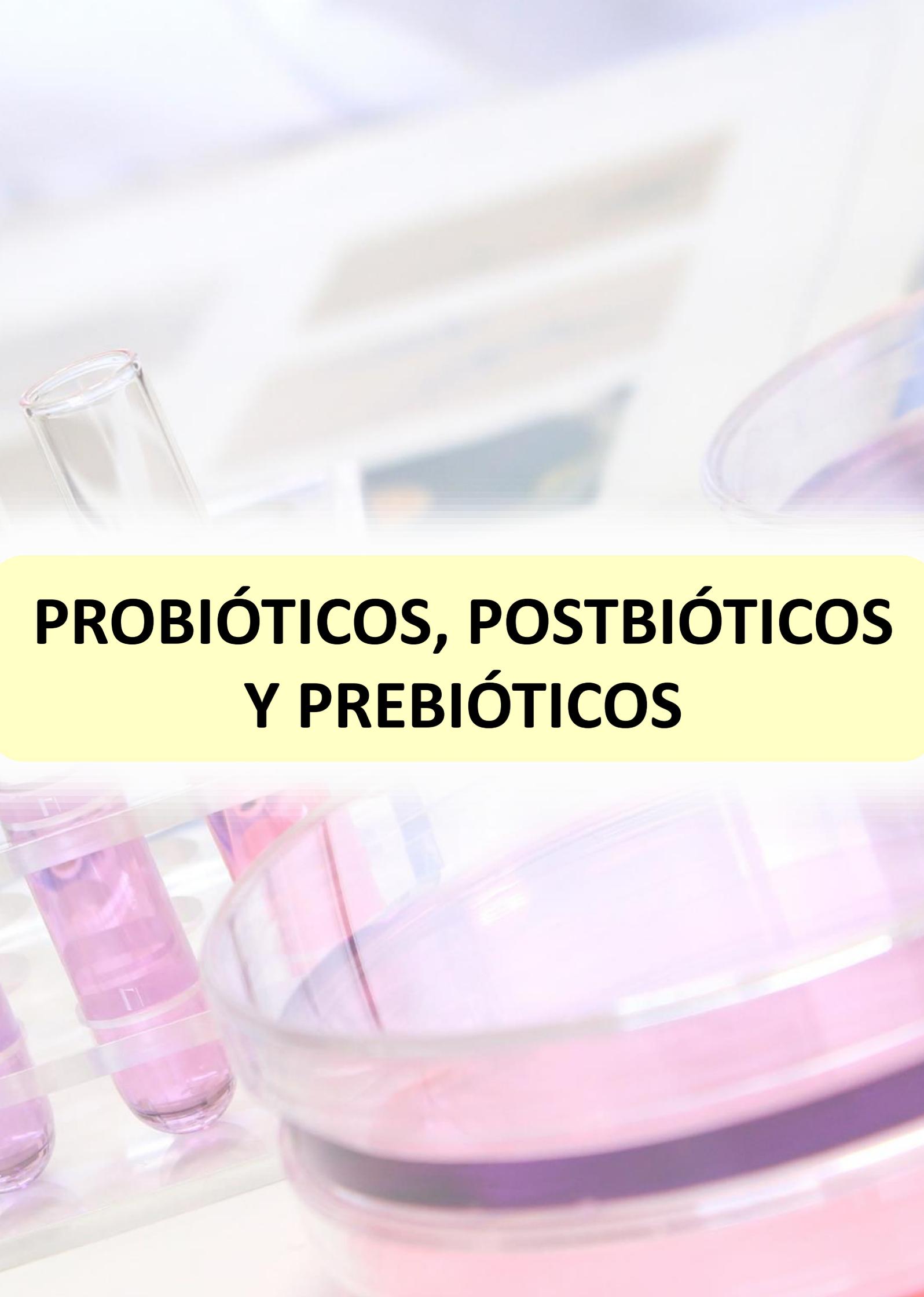
Palabras clave: Cultivos iniciadores, quesos, salamines, análisis sensorial

**MERÍN, María Gabriela (1,2), PRENDES, Luciana Paola (1,2), ANDREONI, Mario Alberto (3), MORATA DE AMBROSINI, Vilma Inés (1,2)**

1 Universidad Nacional de Cuyo, Facultad de Ciencias Aplicadas a la Industria, Laboratorio de Biotecnología. 2 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). 3 Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Rama Caída-San Rafael. [mgmerin@fcai.uncu.edu.ar](mailto:mgmerin@fcai.uncu.edu.ar)

El ecosistema microbiano de la uva está compuesto por una gran diversidad de microorganismos entre los cuales las levaduras son los más significativos durante la fermentación alcohólica. En Argentina, entre las podredumbres cuya afección está centrada en el racimo, y que influyen principalmente en la calidad de mostos y vinos, se ha descrito la podredumbre gris y noble, la podredumbre de los racimos y la podredumbre ácida. La uva con podredumbre afecta la ecología microbiana de la uva y su mosto y puede ser un vehículo importante de microorganismos alterantes peligrosos para el proceso de vinificación. El objetivo del presente trabajo fue estudiar las levaduras presentes en uva para vinificar con síntomas de podredumbre en la región vitivinícola de San Rafael y evaluar su supervivencia durante la fermentación del mosto de uva. Durante la vendimia 2014, se tomaron 5 muestras de uva (*Vitis vinifera* L.) de las variedades Malbec, Bonarda y Cereza con síntomas de podredumbre a tiempo de cosecha, representativas de la región San Rafael. Se condujeron fermentaciones espontáneas a  $25 \pm 1^\circ\text{C}$  con el mosto de uva obtenido y se analizó la microbiota levaduriforme al inicio y mitad de fermentación. Se realizó el recuento y diferenciación de las unidades formadoras de colonia (UFC) en placa en los medios WL, YPD+ácido acético (0,5% v/v) y MRS+vino (20% v/v), adicionados de cloranfenicol (100 mg/L), los que se incubaron a  $28^\circ\text{C}$  por 5 días. Además, se utilizó el medio diferencial ZBDM para *Zygosaccharomyces* y medio selectivo DBDM para *Dekkera*, los que se incubaron a  $26-28^\circ\text{C}$  por 20 días. Las levaduras aisladas se identificaron por métodos morfológicos y moleculares, mediante la técnica PCR-RFLP de la región ITS1-5.8S-ITS2 del gen ARNr. Los recuentos de levadura en las uvas con podredumbre variaron entre 6,08 y 7,82  $\text{Log}_{10}$  UFC/mL en los medios generales y entre 3,00 y 6,23  $\text{Log}_{10}$  UFC/mL en los medios selectivos/diferenciales. Las especies de levadura mayoritarias en uva con podredumbre fueron *Hanseniaspora* spp. (*H. uvarum*+*H. guilliermondii*) (46,43%) y *H. vineae* (40,45%), seguidas de las especies *Zygosaccharomyces bailii* (10,18%), *Torulaspora delbrueckii* (2,67%), *Candida silvae* (0,22%), *Pichia kudriavzevii* (*Issatchenkia orientalis*) (0,02%) y *P. delftensis* (0,01%). La especie *Zygoascus hellenicus* fue recuperada solamente del medio selectivo DBDM y representó una frecuencia minoritaria (0,002%). No pudo aislarse la especie *Dekkera bruxellensis* desde uvas con síntomas de podredumbre. A la mitad de la fermentación (5-7% etanol), se recuperaron las especies *Z. bailii* (92,27%) y *H. vineae* (7,73%), comprobando su supervivencia en el mosto-vino y su resistencia a factores de estrés presentes en este proceso. Se puede concluir que las uvas para vinificar con podredumbre de la región vitivinícola de San Rafael presentan una alta incidencia y/o diversidad de levaduras, donde una de las especies alterantes del vino más peligrosas, *Z. bailii*, está fuertemente asociada a dichas uvas de la región y es capaz de sobrevivir durante el proceso de fermentación, lo que representan un elevado riesgo de pérdida de calidad del vino resultante. Se requiere la utilización de medios selectivos/diferenciales para recuperar especies potencialmente perjudiciales para el vino.

Palabras clave: levaduras alterantes, uvas para vinificar con podredumbre, *Zygoascus hellenicus*, *Zygosaccharomyces bailii*.

A laboratory setting with various glassware containing pink liquid. In the foreground, a large petri dish and a test tube are visible. In the background, a microscope and another petri dish are out of focus. A yellow banner with black text is centered over the image.

# **PROBIÓTICOS, POSTBIÓTICOS Y PREBIÓTICOS**

## ANÁLISIS FUNCIONAL Y GENÓMICO DE *Ligilactobacillus salivarius* AISLADOS DEL INTESTINO DE CERDOS ALIMENTADOS CON WAKAME: SELECCIÓN DE NUEVOS INMUNOBIÓTICOS

**ALBARRACIN, Leonardo (1,2,3), ZHOU, Binghui (3), INDO, Yuhki (3), ARCE, Lorena (4), MASUMIZU, Yuki (3), TOMOKIYO, Mikado (3), KITAZAWA, Haruki (3), VILLENA, Julio (1,3)**

1 Laboratorio de Inmunobiotecnología, CERELA-CONICET, Argentina. 2 Laboratorio de Computación Científica, FACET-UNT, Argentina. 3 Centro Internacional de Inmunología Nutricional y Agrícola, Universidad de Tohoku, Japón. 4 INSIBIO-CONICET, Argentina. [lalbarracin@herrera.unt.edu.ar](mailto:lalbarracin@herrera.unt.edu.ar)

La alimentación de cerdos con el alga comestible wakame (*Undaria pinnatifida*) mejora su estado inmunológico. También se observó que la administración de wakame induce incrementos en la abundancia de *Ligilactobacillus salivarius* en el intestino de cerdos. Estos dos fenómenos podrían estar relacionados considerando que se ha demostrado que cepas de *L. salivarius* son capaces de modular beneficiosamente la inmunidad intestinal. El objetivo de este trabajo fue aislar cepas de *L. salivarius* del intestino de cerdos alimentados con wakame y caracterizarlas en términos de su capacidad para adherirse y modular la inmunidad innata en células epiteliales intestinales. Dichos estudios se complementaron con análisis de genómica comparativa utilizando las secuencias de los genomas completos de cepas seleccionadas. Un total de 116 cepas de *L. salivarius* fueron aisladas de yeyuno, íleon y placas de Peyer de cerdos alimentados con wakame, y se evaluó sus capacidades para modular la respuesta inmune de células epiteliales intestinales porcinas (PIE). Las células PIE fueron tratadas con las diferentes cepas durante dos días ( $10^8$  UFC) y posteriormente desafiadas con poly(I:C) (30  $\mu$ g/ml) o LPS (10  $\mu$ g/ml) para activar TLR3 y TLR4, respectivamente. Luego de los desafíos se determinó la expresión de *IFN- $\beta$* , *Mx1*, *IL-8* y *MCP-1* mediante RT-qPCR. El análisis de la expresión de dichos factores mostró que algunas cepas fueron capaces de modular las respuestas mediadas por TLR3, TLR4 o ambas, mientras que otras no indujeron ningún efecto. Se seleccionaron 8 cepas (FFIG23, FFIG53, FFIG58, FFIG60, FFIG63, FFIG79, FFIG124, FFIG130) de acuerdo sus diferentes capacidades de modular la inmunidad innata, para realizar estudios de adhesión y para la secuenciación de sus genomas completos. Empleando los nuevos genomas secuenciados y de genomas de *L. salivarius* aislados del tracto intestinal de humanos o cerdos obtenidas de GenBank, se verificó que los 8 aislamientos correspondían a diferentes cepas, mediante la construcción de árboles filogenéticos basados en MLST y ARNr 16S. Por otro lado, se observó que las 8 cepas presentaron perfiles diferentes de adhesión tanto a células PIE como a mucinas porcinas. Las cepas con mayor actividad inmunomoduladora, *L. salivarius* FFIG58 y FFIG23, presentaron una moderada capacidad de unión a mucinas. FFIG58 presentó una alta adhesión a células PIE, mientras que FFIG23 se adhirió pobremente a las células epiteliales. Encontramos además que las actividades inmunomoduladoras y de adhesión intrínsecas de cada cepa de *L. salivarius* dependen de la combinación de genes incluidos en las categorías funcionales “biosíntesis de peptidoglicano”, “síntesis de exopolisacáridos”, “biosíntesis de ácido lipoteicoico” y “adhesinas”. Los resultados indican que no existe correlación entre la actividad inmunomoduladora de las cepas y su capacidad de adhesión a mucinas y células epiteliales. Por tanto, en la selección de cepas destinadas a colonizar la mucosa intestinal y modular la inmunidad del hospedador, ambas propiedades deben evaluarse adecuadamente. Demostramos también que *L. salivarius* FFIG58 moduló las respuestas inmunes innatas inducidas por la activación de TLR3 y TLR4 en células PIE, y fue capaz de adherirse eficazmente a esta línea celular, convirtiéndola en una excelente candidata para realizar futuros estudios *in vivo*.

Palabras clave: *Ligilactobacillus salivarius*, genómica comparativa, células epiteliales intestinales, inmunidad de mucosa, wakame.

## PROPIEDADES INMUNOMODULADORAS DE *Weissella viridescens* UCO-SMC3: SU POTENCIAL COMO PROBIÓTICO EN LA PATOGÉNESIS DE ACNÉ VULGARIS

DENTICE MAIDANA, Stefania (1), CAMPOS, Jorge (2), ESPINOZA-MONJE, Marcela (2), ALVAREZ VILLAMIL, Eduardo (1), ELEAN, Mariano (1), SALVA, Susana (1), KITAZAWA, Haruki (3), GARCÍA-CANCINO, Apolinaria (2), VILLENA, Julio (1)

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET), Tucumán, Argentina. 2 Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. 3 Universidad de Tohoku, Sendai, Japón. [stefidentice@gmail.com](mailto:stefidentice@gmail.com)

*Weissella viridescens* UCO-SMC3 (Wv), aislada de la baba del caracol de jardín *Helix Aspersa* Müller, es capaz de inhibir *in vitro* el crecimiento del patógeno *Cutibacterium acnes* asociado al acné y de reducir su adhesión a queratinocitos. El presente estudio tuvo como objetivo profundizar la caracterización de las propiedades probióticas de Wv mediante el estudio *in vivo* de sus capacidades inmunomoduladoras y antimicrobianas, empleando un modelo murino de acné vulgaris. A ratones Balb/c de 6 semanas se les afeitó pelo dorsal para obtener un cuadrado de 1,5 x 2 cm en el lomo. Los ratones se dividieron aleatoriamente en tres grupos: sin tratamiento con Wv (grupo control), tratados tópicamente con Wv (grupo Wv-cutáneo) o tratados por vía oral con Wv (grupo Wv-oral). El grupo Wv-cutáneo recibió 100 µl de una suspensión de Wv ( $10^8$  bacterias/ml) en la espalda mientras que el grupo Wv-oral recibió  $10^8$  bacterias en 200 µl de leche descremada estéril (10%) por gavage. En ambos grupos, Wv se administró diariamente durante 10 días. El día 11, estos ratones y el grupo control fueron desafiados con *C. acnes* 6P2 (filotipo IA1) mediante una inyección subdérmica de 100 µl de una solución conteniendo  $10^8$  bacterias. Todos los animales infectados se sacrificaron 5 días después del desafío. Los ratones controles presentaron elevados recuentos del patógeno ( $9.2 \pm 1.3$  UFC/g) en las muestras de piel, indicando que *C. acnes* estableció con éxito una colonización intradérmica después de la inyección. Los resultados mostraron además que tanto la administración oral como la tópica de Wv fueron capaces de reducir la replicación de *C. acnes* en las lesiones cutáneas (Wv-oral:  $6,3 \pm 1,4$ ; Wv-cutáneo:  $4,5 \pm 1,7$  UFC/g). Se observó también que los tratamientos con Wv indujeron cambios en la respuesta inmune inducida por la infección. Los grupos Wv-oral y Wv-cutáneo presentaron recuentos de leucocitos, neutrófilos y monocitos en sangre significativamente menores a los del grupo control ( $p < 0,05$ ). Dichos grupos mostraron también niveles séricos de IL-4 e IL-17 menores a los controles mientras que IFN- $\gamma$  fue superior ( $p < 0,05$ ). Los valores de TNF- $\alpha$  e IL-1 $\beta$  en el grupo Wv-oral fueron menores que en los controles, mientras que los niveles de IL-10 fueron superiores ( $p < 0,05$ ). El grupo Wv-cutáneo no presentó diferencias con el grupo control al analizar los niveles de dichas citoquinas. El estudio de las poblaciones de células inmunes en los nódulos linfoides faciales y axilares mostró que los niveles de las células presentadoras de antígenos (CD11c<sup>+</sup>MHC-II<sup>+</sup>), linfocitos colaboradores (CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>) y linfocitos activados (CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>) en los grupos Wv-oral y Wv-cutáneo fueron mayores que en los controles ( $p < 0,05$ ). Los resultados muestran que Wv administrada por vía oral indujo cambios más notables en la respuesta inmune contra *C. acnes* que el tratamiento tópico. Sin embargo, la administración tópica de Wv fue más eficaz que la oral para reducir la colonización de *C. acnes* en la piel. Dicho fenómeno está probablemente asociado a la capacidad de Wv para inhibir y antagonizar la adhesión del patógeno. Estos datos indican que *W. viridescens* UCO-SMC3 es una interesante alternativa como probiótico para el tratamiento del acné vulgar.

Palabras clave: *Weissella viridescens* UCO-SMC3; probiótico, inmunidad cutánea; acné común; *Cutibacterium acnes*.

**ELEAN, Mariano (1), ALBARRACIN, Leonardo (1), ZHOU, Binghui (2), TOMOKIYO, Mikado (2), FUKUYAMA, Kohtaro (2), SUDA, Yoshihito (3), SAAVEDRA, Lucila (1), KITAZAWA, Haruki (2), HEBERT, Elvira (1), VILLENA, Julio (1)**

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA), CONICET, Argentina. 2 Universidad de Tohoku, Japón. 3 Universidad de Miyagi, Japón. [melean@cerela.org.ar](mailto:melean@cerela.org.ar)

La infección por rotavirus es la causa más común de diarrea en niños menores de cinco años en todo el mundo. Aunque la mortalidad y morbilidad de dicha enfermedad infecciosa se han reducido mediante la aplicación de vacunas, sigue siendo un problema persistente en todo el mundo. Por ello, aún se buscan alternativas eficaces para su prevención o tratamiento. En este sentido, se ha propuesto el uso de microorganismos beneficiosos con capacidad inmunomoduladora, denominados "inmunobióticos", para mejorar la resistencia a las infecciones virales intestinales. La selección de lactobacilos con capacidades inmunomoduladoras y propiedades biotecnológicas óptimas podría potenciar el desarrollo de varios tipos de alimentos funcionales que podrían usarse para reducir la incidencia y severidad de infecciones causadas por virus intestinales. Previamente, demostramos que *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *lactis* CRL 581 (Ld581) influyó beneficiosamente en la respuesta inmune antiviral innata, ya que fue capaz de aumentar los niveles de IFN- $\gamma$  e IFN- $\beta$  en intestino de ratones y proteger contra el daño inflamatorio intestinal después del desafío con el agonista de TLR3 poly(I:C). A fin de profundizar el conocimiento de la actividad inmunomoduladora de Ld581, se evaluó *in vitro* el efecto de la interacción de Ld581 con células epiteliales intestinales porcinas (PIE) y macrófagos en el contexto de la respuesta inmune antiviral innata desencadenada por la activación de TLR3. Las células PIE fueron tratadas con Ld581 durante dos días ( $10^8$  UFC) y posteriormente desafiadas con poly(I:C) (60  $\mu$ g/ml). Los macrófagos murinos (células RAW 264.7) fueron tratados con Ld581 durante 12 horas y posteriormente desafiados con poly(I:C) (50  $\mu$ g/ml). Luego del desafío se determinó adherencia y la expresión de interferones, factores antivirales y citoquinas en las células PIE y RAW mediante RT-qPCR. Nuestros resultados mostraron que Ld581 fue capaz de adherirse eficientemente a las células PIE. Mediante análisis bioinformático del genoma de Ld581, se encontró que los genes *FpbA*, *Alp*, *EF-Tu* y *Apf* podrían ser responsables de esta propiedad. Ld581 fue también capaz de aumentar la expresión de factores antivirales (IFN- $\alpha$ , IFN- $\beta$ , *Mx1*, *OAS1* y *OAS2*) ( $p < 0,05$ ) y reducir la expresión de citoquinas inflamatorias (*IL-6* y *IL-8*) ( $p < 0,05$ ) en las células PIE desafiadas con poly(I:C). Por otro lado, Ld581 aumentó la expresión de IFN- $\alpha$ , IFN- $\beta$ , IFN- $\gamma$ , *Mx1*, *OAS1*, *TNF- $\alpha$*  e *IL-1 $\beta$* ; como así también de la citoquina reguladora *IL-10* en los macrófagos en comparación con los controles ( $p < 0,05$ ). Los resultados de este trabajo muestran que la cepa con alta actividad proteolítica Ld581 es capaz de modular beneficiosamente la respuesta inmune antiviral innata intestinal regulando las respuestas tanto de las células epiteliales como de los macrófagos frente a la activación de TLR3. Los estudios funcionales *in vitro* y los análisis genómicos realizados en este trabajo, complementados con nuestros estudios previos *in vivo* demuestran que Ld581 es una cepa con gran potencial para el desarrollo de alimentos funcionales inmunobióticos capaces de mejorar la protección contra infecciones virales intestinales.

Palabras clave: TLR3, respuesta antiviral, células epiteliales intestinales, macrófagos, inmunobióticos

## ***Lactiplantibacillus plantarum* MODULAN LA RESPUESTA INMUNE INNATA INTESTINAL E INCREMENTAN LA RESISTENCIA A LA INFECCIÓN POR *Escherichia coli* ENTEROTOXIGÉNICA**

**BAILLO, Ayelen (1), ALBARRACIN, Leonardo (1,2,3), ZHOU, Binghui (3), KITAZAWA, Haruki (3), FADDA, Silvina (1), VILLENA, Julio (1,3)**

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET), Argentina. 2 Laboratorio de Computación Científica, FACET-UNT, Argentina. 3 Centro Internacional de Inmunología Nutricional y Agrícola, Universidad de Tohoku, Japón. [abaillo@cerela.org.ar](mailto:abaillo@cerela.org.ar)

Las infecciones producidas por *Escherichia coli* enterotoxigénica (ETEC) son un importante problema de salud en humanos y animales domésticos. Se ha descrito que el empleo de microorganismos probióticos puede incrementar la resistencia a ETEC. En este trabajo se evaluó la capacidad de cepas de *Lactiplantibacillus plantarum* con diferentes propiedades biotecnológicas para modular la respuesta inmune innata contra ETEC tanto *in vitro* como *in vivo*. Se estudiaron *L. plantarum* CRL1506, CRL681 y TL2677. Para los estudios *in vitro* se emplearon células epiteliales intestinales porcinas (células PIE), las cuales se estimularon con los diferentes lactobacilos ( $10^8$  UFC) durante 48 horas y luego se desafiaron con ETEC (O9:H-, F6+,STa+;  $10^6$  UFC). Doce horas después del desafío, se evaluó la expresión de citoquinas y quimioquinas inflamatorias (*IL-6*, *IL-8*, *CCL2/MCP-1*, *CXCL5/AMCF-II*, *CXCL9*, *CXCL10/IP-10*, *CXCL11*, *CCL8/MCP-2*) así como reguladores negativos de la vía de señalización de TLR4 (*A20*, *Bcl-3*, *IRAK-M*, *MKP-1*, *SIGIRR* y *Tollip*) empleando RT-qPCR. Para los estudios *in vivo*, las cepas CRL1506, CRL681 y TL2677 fueron administradas por vía oral a ratones BALB/c de 5 semanas de edad ( $10^8$  UFC/día/ratón) durante 5 días consecutivos. Al sexto día, estos animales y ratones controles sin tratamiento fueron desafiados con ETEC (O9, F4+, STp+;  $10^9$  UFC). A los dos días post-infección, se realizaron recuentos de ETEC en intestino, hígado y bazo, y se determinaron los niveles de TNF- $\alpha$ , IL-6, IFN- $\gamma$ , IL-10, MCP-1 y KC en fluido intestinal por ELISA. Se observó que tanto *L. plantarum* CRL1506 como CRL681 fueron capaces de incrementar la expresión de *IL-6* y *CCL8*, y de reducir *CCL2*, *CXCL5*, *CXCL9*, *CXCL10*, *CXCL11* en las células PIE en comparación al grupo control ( $p < 0,01$ ). La cepa CRL1506 fue más eficiente que la CRL681 para inducir dichos cambios. También se observó que la cepa CRL1506 incrementó *MKP-1* e *IRAK-M* y redujo *A20* y *Bcl-3* ( $p < 0,05$ ), mientras que CRL681 incrementó *IRAK-M* redujo *A20* y *Bcl-3* ( $p < 0,05$ ). Por otro lado, *L. plantarum* TL2677 no indujo cambios significativos en la expresión de citoquinas, quimioquinas ni reguladores negativos de TLR4. En el estudio *in vivo*, ETEC fue detectada en las muestras de intestino, hígado y bazo de ratones infectados. Los animales tratados con *L. plantarum* CRL1506 o CRL681 presentaron valores significativamente menores de ETEC en todos los órganos evaluados ( $p < 0,05$ ). Los tratamientos con CRL1506 o CRL681 redujeron los niveles intestinales de TNF- $\alpha$ , MCP-1 y KC mientras que incrementaron IFN- $\gamma$  e IL-10 en comparación con los controles ( $p < 0,05$ ). La cepa CRL1506 fue más eficiente que la CRL681 para reducir los recuentos de ETEC y modular las citoquinas intestinales. *L. plantarum* TL2677 no indujo cambios significativos en la resistencia a la infección por ETEC en el modelo murino. Los resultados indican que las cepas CRL1506 y CRL681 son capaces de regular diferencialmente la respuesta inflamatoria inducida por ETEC, mejorar las defensas intestinales e incrementar la resistencia a este patógeno. *L. plantarum* CRL1506 y CRL681 son buenas candidatas para el desarrollo de nuevos alimentos funcionales inmunomoduladores.

Palabras clave: *Escherichia coli* enterotoxigénica, *Lactiplantibacillus plantarum*, células epiteliales intestinales, inmunidad intestinal.

## EFECTO DE PROBIÓTICOS Y PREBIÓTICOS SOBRE EL CONTROL DE DIARREAS PRODUCIDAS POR *Salmonella enterica* EN BROILERS

**ELERA, Rosario (1), MANRIQUE, Ricardo (2), GUERRA, Marco (3)**

1 Universidad Nacional de Piura. Laboratorio de Microbiología. Miembro de AAM. 2 Práctica Privada en Medicina Veterinaria. Clínica de Animales Menores. 3 Universidad Nacional de Piura. Asociación Peruana de Médicos Veterinarios en equinos [relera6@gmail.com](mailto:relera6@gmail.com)

El uso y abuso de antibióticos en el tratamiento de diarreas en aves, ha causado problemas de resistencia bacteriana en animales y en humanos que consumen estos alimentos. Es necesario tomar las medidas adecuadas para disminuir las enfermedades gastrointestinales en aves utilizando productos biológicos naturales como los probióticos y prebióticos, que no perjudiquen el medio ambiente y sean inocuos para el consumidor. El objetivo fue determinar el efecto de los probióticos: *Lactobacillus bulgaricus* y *Streptococcus thermophilus* y del prebiótico alcachofa: *Cynara scolymus* sobre el control de diarrea producida por *Salmonella enterica* en pollos de engorde. Se trabajó con 90 pollos de engorde de la línea Cobb, distribuidos en un grupo control y ocho grupos experimentales con 10 animales cada uno. Todas las aves fueron alimentadas con las mismas dietas balanceadas según los requerimientos de la línea. Además, a partir del primer día se les proporcionó una concentración de  $8 \times 10^8$  UFC/mL del probiótico (0,5 mL, a los tratamientos 3, 5 y 7 y 1,0 mL, a los tratamientos 4, 6 y 8) y una concentración de 200 mg/mL del extracto del prebiótico (1 mL, a los tratamientos 1, 5 y 6 y 2 mL, a los tratamientos 2, 7 y 8), vía oral. A los 15 días de edad, se les inoculó una dosis de  $10^6$  UFC de *Salmonella enterica*/mL para provocar la infección y a los 20, 30 y 42 días de edad se realizó la recuperación de salmonela en heces, intestino y órganos. Para observar el efecto de cada tratamiento se evaluaron lesiones anatómo-patológicas y los parámetros productivos: ganancia de peso, consumo de alimento e índice de conversión alimenticia. La mejor eficiencia productiva la obtuvo el tratamiento 8, con una conversión alimenticia de 1,76, necesitando menor consumo de alimento para ganar 1 kilo de peso vivo, se recuperaron de las lesiones y controlaron la diarrea. El grupo control presentó mayores lesiones en órganos, mayor recuperación de salmonela en heces y órganos, seguido del tratamiento 6 y 3, mostrando más susceptibilidad a contraer la infección. El tratamiento que no presentó lesiones, ni se pudo recuperar salmonela de heces fue el tratamiento 4. La dosis de 0,5 mL de probiótico no es suficiente para controlar diarreas producidas por *Salmonella entérica*, no protege de la enfermedad ni tampoco favorece los parámetros productivos en aves pero la dosis de 1 mL si es suficiente. Los probióticos están encaminados a favorecer la microbiota intestinal, mejorar la digestión, mantener la integridad de la mucosa intestinal y lograr aumentar la respuesta inmune. Al desdoblar los alimentos, producen vitaminas y ácidos grasos y reducen el nivel de colesterol y triglicéridos en sangre. El ácido láctico que producen ayudan a controlar las bacterias patógenas, al establecer un pH bajo. Se llegó a la conclusión que la mejor performance productiva fue alcanzada por el tratamiento 8, el mejor control de diarrea, de lesiones y mortalidad, lo obtuvo el tratamiento 4, y una mayor recuperación de *Salmonella entérica* y lesiones se encontraron en el grupo control y tratamientos 6 y 3. Los probióticos, pueden ser una herramienta poderosa para mantener la salud del tracto gastrointestinal de las aves, mejorando su rendimiento.

Palabras clave: Broilers, Probióticos, Prebióticos, *Salmonella enterica*

## ***Lactiplantibacillus plantarum* INMUNOBÍOTICOS INCREMENTAN LA RESISTENCIA DE CÉLULAS EPITELIALES RESPIRATORIAS A LA INFECCIÓN CON SARS-COV-2**

**ISLAM, Md. Aminul (1), ALBARRACIN, Leonardo (1,2), VALDEZ, Juan Carlos (3), SACUR, Jacinto (4), VIZOSO-PINTO, María Guadalupe (4), ANDRADE, Bruno G. N. (5) CUADRAT, Rafael R. C. (6,7), KITAZAWA, Haruki (1), VILLENA, Julio (1,2)**

1 Universidad de Tohoku, Japón. 2 CERELA-CONICET, Argentina. 3 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán, Argentina. 4 INSIBIO-CONICET, Argentina. 5 Universidad Tecnológica Munster, Irlanda. 6 Instituto de Berlín para Biología de Sistemas en Medicina, Alemania. 7 Instituto Alemán de Nutrición Humana, Alemania.  
[jcvillena@cerela.org.ar](mailto:jcvillena@cerela.org.ar)

Demostramos previamente que lactobacilos inmunomoduladores (inmunobióticos) administrados por vía nasal son capaces de modular de manera beneficiosa la respuesta inmune innata respiratoria inducida por la activación del receptor de reconocimiento de patrones tipo-Toll 3 (TLR3) y de incrementar la protección contra patógenos respiratorios virales (Virus Influenza y Virus Sincicial Respiratorio) en ratones. En este trabajo evaluamos *in vitro* los efectos inmunomoduladores de cepas viables y no viables de *Lactiplantibacillus plantarum* en células epiteliales respiratorias humanas y la capacidad de dichos microorganismos para incrementar la resistencia a la infección por el nuevo coronavirus SARS-CoV-2. Se emplearon cuatro cepas *L. plantarum*, dos con probada actividad inmunomoduladora (MPL16 y CRL1506) y dos cepas controles no inmunomoduladoras (CRL1905 y MPL18). Células Calu-3 fueron estimuladas con los distintos lactobacilos ( $10^7$  UFC) durante 24 hs, y luego desafiadas con el agonista de TLR3 poly(I:C) o con SARS-CoV-2 (MOI 0,1). A diferentes horas posteriores a los desafíos se midió la expresión de interferones, factores antivirales y citoquinas inflamatorias por RT-qPCR y ELISA. *L. plantarum* MPL16 y CRL1506 fueron capaces de incrementar la producción de IFN- $\beta$  e IL-6 ( $p < 0,01$ ), así como la expresión de *IFNAR2*, *TLR3*, *DDX58*, *Mx1* y *OAS1* ( $p < 0,05$ ) en las células Calu-3 estimuladas con poly(I:C) o SARS-CoV-2. También se observó que las cepas MPL16 y CRL1506 disminuyeron la producción de las citoquinas inflamatorias CXCL8, CCL5 y CXCL10 ( $p < 0,05$ ). Además, las cepas MPL16 y CRL1506 aumentaron la resistencia de las células Calu-3 a la infección con SARS-CoV-2 (títulos virales: Control= $3,8 \pm 0,4 \log_{10}$ UFP/ml; CRL1506= $2,5 \pm 0,3$ ; MPL16= $2,1 \pm 0,3$ ). *L. plantarum* MPL16 fue más eficaz que la cepa CRL1506 para inducir esos efectos beneficiosos. Las cepas MPL16 y CRL1506 no viables (inactivadas por calor) no fueron capaces de modular la inmunidad antiviral innata en las células Calu-3 ni de incrementar la resistencia a la infección por SARS-CoV-2. Tampoco lograron inducir dichos efectos las cepas no-inmunomoduladoras *L. plantarum* CRL1905 y MPL18. Hasta la fecha, los posibles efectos beneficiosos de los probióticos inmunomoduladores sobre la infección por SARS-CoV-2 y la severidad de la COVID-19 se han extrapolado de estudios llevados a cabo en el contexto de otros patógenos virales. Hasta donde sabemos, esta es la primera demostración de la capacidad de lactobacilos inmunobióticos para influir positivamente en la resistencia a la infección con el nuevo coronavirus. A pesar de que son necesarios estudios *in vitro* más profundos así como experimentos *in vivo* en modelos animales de infección por SARS-CoV-2, es posible proponer a *L. plantarum* MPL16 y CRL1506 como cepas prometedoras para mejorar el curso de la COVID-19.

Palabras clave: *Lactiplantibacillus plantarum*, inmunidad respiratoria innata, células epiteliales respiratorias, SARS-CoV-2, COVID-19.

**BACTERIAS LÁCTICAS PROBIÓTICAS CON POTENCIAL CAPACIDAD INHIBITORIA DEL BIOFILM, FACTORES DE VIRULENCIA Y QUORUM SENSING DE *Staphylococcus aureus***

**DÍAZ, Myriam Anabel (1), ALBERTO, María Rosa (1,2), VEGA-HISSI, Esteban Gabriel (3), GONZÁLEZ, Silvia Nelina (1,2), ARENA, Mario Eduardo (1,2)**

1 Instituto de Biotecnología Farmacéutica y Alimentaria (INBIOFAL) CONICET–UNT.2 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán (UNT).3 Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis; Instituto Multidisciplinario de Investigaciones Biológicas (IMIBIO-SL). [anabel.tucuman@gmail.com](mailto:anabel.tucuman@gmail.com)

La aparición de cepas de *S. aureus* resistentes a la mayoría de los antibióticos se ha convertido en una grave amenaza para la salud pública, incentivando el desarrollo de terapias alternativas. Diversos estudios han propuesto como nueva estrategia un ataque indirecto a las bacterias, interfiriendo con su sistema de comunicación; también conocido como *Quorum sensing* (QS). La comunicación microbiana coordina muchas de las vías de virulencia y patogenicidad. Por lo tanto, los inhibidores de QS podrían ser una herramienta interesante para controlar al patógeno. Entre las terapias alternativas, se ha incrementado el uso de probióticos como una opción que evita el uso de antibióticos. Además, la presión selectiva de los probióticos sobre las bacterias resistentes es mucho menor que la de los antibióticos convencionales; y también son menos citotóxicos que los agentes supresores de QS utilizados. Pocas investigaciones han estudiado los compuestos producidos por las bacterias lácticas que afectan la virulencia y la comunicación química de los patógenos. Por lo que pueden ser considerados como una opción interesante de nuevos agentes “anti-virulencia”. Este trabajo, tiene como objetivo investigar si los compuestos de polaridad intermedia presentes en los extractos de sobrenadantes de bacterias lácticas pueden interferir con el crecimiento bacteriano, la formación y disrupción del biofilm, actividad metabólica y la producción de factores de virulencia (coagulasa y  $\alpha$ -hemolisina) de las cepas de *S. aureus*. A su vez, determinar la composición química de los extractos bioactivos, mediante cromatografía gaseosa acoplada a espectrometría de masa (CG-EM). Por último, realizar pruebas de acoplamiento molecular con las proteínas SarA y AgrA (reguladoras del QS de esta bacteria). Ambos extractos no fueron capaces de inhibir el crecimiento de *S. aureus*. Sin embargo, ambos fueron capaces de producir una reducción significativa en la formación de biofilm en diferentes etapas de formación: 3 hs (hasta 73%), 6 hs (hasta 45%), y 24 hs (hasta 46%). Los extractos disminuyeron la actividad de  $\alpha$ -hemolisina (hasta un 67%) y coagulasa (retraso en la coagulación del plasma), el metabolismo celular en el biofilm (hasta un 65%) y produjeron una disrupción del mismo, de hasta un 46%. El análisis CG-EM reveló que los principales compuestos en los extractos bioactivos eran cuatro dicetopiperazinas (dipéptidos cíclicos). Estas moléculas mostraron capacidad de unirse a las proteínas reguladoras de QS, SarA y AgrA en estudios de acoplamiento molecular. Estudios anteriores identificaron estos compuestos en bacterias lácticas, donde se observó que *Lactobacillus reuteri* RC-14 produjo dos dicetopiperazinas, ciclo-Phe-Pro (también presente en nuestro extracto) y ciclo-Tyr-Pro, siendo ambos capaces de interferir con el sistema agr, que es clave en la regulación de los genes de virulencia de *S.aureus*. La inhibición de la formación de biofilm y factores de virulencia por dicetopiperazinas secretadas por cepas probióticas de *Lactobacillus* se presenta como una nueva herramienta para combatir las infecciones por *S. aureus*. Sin embargo, aún se requieren más estudios *in vitro* e *in vivo* sobre estos metabolitos.

Palabras clave: probiótico, biofilm, coagulasa, hemolisina, dicetopiperazinas.

## LOS MACRÓFAGOS ALVEOLARES SON ACTORES CLAVE EN LA MODULACIÓN DE LA RESPUESTA ANTIVIRAL RESPIRATORIA INDUCIDA POR *Lactiseibacillus rhamnosus* CRL1505

**GARCIA-CASTILLO, Valeria (1), TOMOKIYO, Mikado (1), RAYA TONETTI, Fernanda (2), ISLAM, Md Aminul (1), KITAZAWA, Haruki (1), VILLENA, Julio (1,2)**

1 Centro Internacional de Inmunología Nutricional y Agrícola, Universidad de Tohoku, Japón. 2 Laboratorio de Inmunobiotecnología, CERELA-CONICET, Argentina. [vcgcbact@gmail.com](mailto:vcgcbact@gmail.com)

En estudios previos se demostró que la administración oral de *Lactiseibacillus rhamnosus* CRL1505 (Lr1505) modula diferencialmente la respuesta inmune antiviral innata respiratoria inducida por la activación del receptor TLR3 en ratones infantiles, mejorando la resistencia a la infección por el Virus Sincicial Respiratorio (RSV). El objetivo del presente trabajo fue evaluar la participación de los macrófagos alveolares (MAs) en el efecto inmunomodulador de Lr1505, así como en su capacidad para aumentar la resistencia a la infección por RSV. Para tal efecto, ratones infantiles recibieron Lr1505 por vía oral durante cinco días consecutivos ( $10^8$  UFC/día/ratón). Un día después de la última administración de Lr1505, estos ratones y animales controles fueron desafiados con el agonista de TLR3 poly(I:C) o con RSV. Se evaluaron marcadores bioquímicos de daño pulmonar en muestras de fluido bronco-alveolar (BAL) así como los niveles de IFN- $\beta$ , IFN- $\gamma$  e IL-10. También se aislaron los macrófagos alveolares de los ratones tratados con Lr1505, los cuales fueron desafiados con RSV *in vitro*. Doce horas después de la infección viral, se determinaron los niveles de expresión de los genes *IFN- $\alpha$* , *IFN- $\beta$* , *IFN- $\gamma$* , *IFNAR1*, *IFN- $\lambda$ 1*, *IFN- $\lambda$ 2/3*, *Mx1*, *Mx2*, *OAS1*, *OAS2*, *RNAseL* e *IFITM3* mediante qRT-PCR así como marcadores de activación mediante citometría de flujo. En un segundo set de experimentos, los ratones infantiles fueron tratados por vía nasal con liposomas conteniendo clodronato para la depleción de los MAs antes del tratamiento con Lr1505 y los desafíos con poly(I:C) o RSV, y se estudió la inmunidad respiratoria como se describió antes. La administración oral de Lr1505 indujo una activación de los MAs caracterizada por un aumento de su expresión de MHC-II así como de su capacidad para producir interferones de tipo I e IFN- $\gamma$  ( $p < 0,01$ ) y expresar *IFNAR1*, *Mx2*, *OAS1*, *OAS2*, *RNAseL* e *IFITM3* ( $p < 0,05$ ) en respuesta a la activación de TLR3 o a la infección por RSV. Por otra parte, los MAs del grupo tratado con Lr1505 tuvieron una mayor capacidad para producir IL-6 e IL-27 ( $p < 0,05$ ), citoquinas asociadas a la estimulación de linfocitos reguladores productores de IL-10. La depleción de los MAs disminuyó significativamente la capacidad del tratamiento con Lr1505 de incrementar los niveles de IFN- $\beta$  y IFN- $\gamma$  y de reducir los títulos de RSV en los ratones infantiles. También se observó que la depleción de los MAs redujo significativamente la capacidad de Lr1505 de incrementar los niveles de IL-10 en BAL y reducir el daño pulmonar inducido por poly(I:C) o RSV. Los resultados presentados en este trabajo muestran contundentemente que los macrófagos alveolares son actores clave en la modulación de la respuesta antiviral respiratoria inducida por la administración oral *Lactiseibacillus rhamnosus* CRL1505.

Palabras clave: *Lactiseibacillus rhamnosus* CRL1505, TLR3, Virus Sincicial respiratorio, macrófagos alveolares.

**EFFECTO DEL LOSARTÁN SOBRE LAS PROPIEDADES PROBIÓTICAS DE *Bifidobacterium*****CORTEZ, Fernanda (3), FRAGOMENO, Melisa (1), PÉREZ, Pablo F (1, 2), MINNAARD, Jessica (1, 2)**

1 Centro de Investigación y Desarrollo en Criotecología de Alimentos-UNLP-CIC-CONICET CCT La Plata. 2 Cátedra de Microbiología, FCE, UNLP. Calle 47 y 116, CP 1900, La Plata, Bs. As., Argentina. 3 Instituto de Investigaciones Bioquímicas de La Plata "Prof. Dr. Rodolfo R. Brenner" UNLP-CIC-CONICET CCT La Plata. [jm@biol.unlp.edu.ar](mailto:jm@biol.unlp.edu.ar)

Los cambios en los hábitos alimenticios de los consumidores han generado un aumento en la demanda de alimentos probióticos. Teniendo en cuenta la definición de probióticos se debe garantizar la viabilidad de los microorganismos incorporados y la conservación de sus propiedades siendo necesario estudiar la interacción de los mismos con los medicamentos dada su coexistencia en el ambiente gastrointestinal. En Argentina 1/3 de la población medicada para la hipertensión utiliza losartán, permitiendo suponer que además son consumidores de alimentos probióticos. En ese contexto este trabajo propone evaluar el efecto del losartán potásico sobre la actividad probiótica de *Bifidobacterium*. Las cepas: *B. bifidum* CIDCA 5310 y *B. adolescentis* CIDCA 5317 fueron crecidas en anaerobiosis (MRS, 24 h, 37°C) en presencia de losartán potásico (L) (600 µM). Se evaluó la cinética de crecimiento, la resistencia a la bilis (0,05% p/v, 37°C/24 hs) y la resistencia a las condiciones gastrointestinales simuladas (90 min/37 °C) (solución gástrica simulada: NaCl 125 mM, KCl 7 mM, NaHCO<sub>3</sub> 45 mM, pepsina porcina 3 g/l, pH 2,5 y solución intestinal simulada: NaCl 22 mM, KCl 3,2 mM, NaHCO<sub>3</sub> 7,6 mM, pancreatina porcina 0,1 % p/v, sales biliares 0,15 % p/v pH 8) mediante recuento de viables (y absorbancia<sub>600nm</sub> para la cinética). La interacción con células eucariotas se evaluó mediante recuento de viables o citometría de flujo luego de incubar (1 hs a 37 °C/5 % CO<sub>2</sub>) las cepas con las células Caco-2/TC7 (DMEM 15% suero fetal bovino (SFB) 37°C/5% CO<sub>2</sub>/7 días) o THP1 (DMEM 10% SFB 37 °C/5 % CO<sub>2</sub>, 48 hs con acetato de forbol miristato 200 nM), respectivamente. Para la evaluación de la fagocitosis (% de células FL1 (+)) las bacterias fueron marcadas con FITC y con azul tripan se solaparon las bacterias no internalizadas. En todos los experimentos el control fueron las cepas crecidas en MRS sin L. Para ambas cepas la cinética de crecimiento mostró una menor cosecha máxima al ser crecidas con L respecto al control (CIDCA 5310: 3,9 x 10<sup>9</sup> ufc/ml vs 4,1 x 10<sup>10</sup> ufc/ml y CIDCA 5317: 9,6 x 10<sup>9</sup> ufc/ml vs 5 x 10<sup>10</sup> ufc/ml) sin diferencias significativas en la velocidad de crecimiento, el tiempo de latencia y el pH de los cultivos. La cepa CIDCA 5310 crecida con L mostró mayor resistencia a la bilis (4,88x10<sup>10</sup> ufc/ml respecto a 7,35x10<sup>9</sup> ufc/ml sin L). La cepa CIDCA 5317 no mostró resistencia, al igual que el control. En condiciones gastrointestinales simuladas el crecimiento con L generó mayor supervivencia para ambas cepas, con valor positivo para la cepa CIDCA 5310 (LogNf-LogNi=2,89). Para esta cepa también se observó una modificación en la interacción con las células eucariotas. La fagocitosis fue mayor respecto al control (38,97 % ± 4,46 y 23,25 % ± 11,80 P<0,05, respectivamente) al igual que la adhesión a las células Caco-2/TC7 (1,13 x 10<sup>5</sup> ± 2,25 x 10<sup>4</sup> ufc/ml y 8,17 x 10<sup>4</sup> ± 2,71 x 10<sup>4</sup> ufc/ml, respectivamente). El losartán podría modificar la superficie bacteriana. Los resultados presentados demuestran que el losartán tendría un efecto sobre las propiedades probióticas de *Bifidobacterium*.

Palabras clave: *Bifidobacterium*, losartán, probióticos, propiedades

**Lactiplantibacillus plantarum MPL16: POTENCIAL PROBIÓTICO ACTIVO FRENTE A LA INFECCIÓN POR *Enterococcus faecalis* EN *Caenorhabditis elegans***

**VERA, Daniela (1), D'ALMEIDA, Romina (1), MÜLLER, Melisa (1), KITAZAWA, Haruki, (2), VILLENA, Julio (3), VIZOSO PINTO, María Guadalupe (1).**

1 Laboratorio de Biología de las Infecciones. INSIBIO (CONICET-UNT). Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Tucumán. 2 Universidad de Tohoku, Japón. 3 Laboratorio de Inmunobiología. CERELA (CONICET). Tucumán. [danielavera951@gmail.com](mailto:danielavera951@gmail.com)

*Enterococcus faecalis* es un patógeno asociado a ambientes nosocomiales particularmente importante para la Organización Mundial de la Salud debido a su multiresistencia. Los probióticos son microorganismos vivos que administrados en cantidades suficientes promueven la salud de los consumidores. Algunos de los beneficios propuestos es el control de infecciones por otros patógenos ya sea por competencia, produciendo sustancias antimicrobianas o estimulando las defensas del huésped. El objetivo de este trabajo fue caracterizar a la cepa *Lactiplantibacillus plantarum* MPL16, aislada de wakame, un alimento fermentado japonés tradicional, en ensayos *in vivo* e *in vitro* frente a un aislado clínico de *E. faecalis*. Con este fin, desarrollamos un modelo de infección de *E. faecalis* en *Caenorhabditis elegans* en estadio L4 y evaluamos el efecto del pretratamiento con la cepa MPL16 sobre la sobrevivencia, fertilidad y carga microbiana del patógeno, determinando las UFC/ml en 10 ejemplares por muestra lisándolos con Tritón 2% con ayuda de un pistón. La actividad antimicrobiana directa se evaluó con el método de difusión en agar con el sobrenadante crudo de la cepa MPL16 crecida en MRS durante 18 hs, neutralizado e inactivado por calor en pocillos sobre un césped de *E. faecalis* en BHI. Cuando los nemátodos se infectan con *E. faecalis*, se observa distensión intestinal, disminución de la fertilidad (reducción del número de huevos capaces de eclosionar y las larvas no alcanzan el estadio L3), y una letalidad del 50% (L50) en el día 5. Cuando los nemátodos recibieron el pretratamiento de alimentación con la cepa MPL16 24 hs antes de ser infectados, aumentó la sobrevivencia de los mismos llegando a L50 48 hs más tarde (día 7). Esto se correlacionó con una reducción de 1 log en las UFC/ml de los nemátodos infectados ( $2,2 \times 10^6$  UFC/ml) y tratados ( $2 \times 10^5$  UFC/ml) a partir del día 4 que se mantuvo sostenida en el tiempo. Por otro lado, la capacidad reproductora de los nemátodos tratados con MPL16 (los huevos eclosionaron y las larvas se desarrollaron normalmente). Con el ensayo de difusión en agar, observamos que la cepa MPL16 no tiene actividad antimicrobiana directa sobre *E. faecalis*. En conclusión, la cepa *L. plantarum* MPL16 tiene potencial probiótico para prevenir o mejorar las infecciones por *E. faecalis*. Postulamos que el efecto *in vivo* se debería a la modulación de la inmunidad innata y/o a la competencia por nutrientes y sitios de adhesión, pero no a la acción antimicrobiana directa de MPL16. Para corroborar esta hipótesis se necesitan más estudios. El modelo de infección de *C. elegans* por *E. faecalis* es sencillo, económico y constituye una excelente herramienta para la selección de cepas activas frente a estos patógenos y una alternativa rentable y ética a los modelos de mamíferos.

Palabras clave: probióticos, *Enterococcus*, bacterias lácticas, *C. elegans*

## EFFECTO DEL CONSUMO DE GALLETAS DE HARINA DE POROTO FERMENTADA CON BACTERIAS LÁCTICAS EN MARCADORES DE DAÑO OXIDATIVO Y MICROBIOTA EN MODELO MURINO

**FARA, Agustina (1), SÁEZ, Gabriel (1); BEZUS RUBIS, Noelia (1); HERNÁNDEZ-HERNÁNDEZ, Oswaldo (2); MONTILLA, Antonia (2), ZÁRATE, Gabriela (1)**

1 Centro de Referencia para Lactobacilos CERELA (CONICET). Chacabuco 145, 4000 San Miguel de Tucumán, Argentina. 2 Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación de Madrid (CIAL, CSIC-UAM). Madrid, España. [gzarate@cerela.org.ar](mailto:gzarate@cerela.org.ar)

El reconocimiento de la relación existente entre la dieta y la salud ha llevado a una creciente demanda de los consumidores de alimentos funcionales y a la industria alimentaria a buscar nuevas alternativas para satisfacerla. Las legumbres son una importante fuente de nutrientes y cultivos en crecimiento en el país, que representan una opción atractiva para el desarrollo de alimentos novedosos para poblaciones con acceso limitado a la proteína animal o patologías particulares como la celiaquía. Sin embargo, sus potenciales beneficios se contrarrestan con la presencia de factores antinutricionales que deben ser removidos mediante procesamiento. La fermentación es una estrategia valiosa que permite aumentar el valor nutrifuncional y organoléptico de diferentes matrices alimentarias. En estudios previos hemos seleccionado bacterias lácticas (BAL) aisladas de legumbres para la fermentación controlada de sus harinas a fin de incorporar las mismas al desarrollo de nuevos alimentos funcionales. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del consumo de crackers elaboradas con harina de poroto alubia fermentada por BAL en marcadores de estrés oxidativo y microbiota colónica en un modelo animal. Para ello, la harina de poroto fue fermentada en sustrato semisólido durante 24 h a 37°C con un co-cultivo de dos cepas de BAL seleccionadas por su potencial tecnofuncional: *Lactiplantibacillus plantarum* CRL 2211 y *Weisella paramesenteroides* CRL 2182. La masa fermentada fue incorporada a la formulación de galletas tipo crackers y éstas empleadas para alimentar a ratones C57/6BL durante un periodo de 12 semanas. Para inducir estrés oxidativo, los animales fueron inyectados diariamente con una dosis subcutánea de 150 mg/kg de D-galactosa. Como controles se usaron animales inoculados con solución salina y crackers elaborados con harina sin fermentar. Al finalizar el periodo de alimentación los animales fueron sacrificados y se evaluó daño oxidativo a lípidos y proteínas de riñones, hígado y cerebro y cambios en grupos relevantes de la microbiota colónica. La lipoperoxidación se determinó cuantificando los niveles de malondialdehído (MDA) por el test del ácido tiobarbitúrico (TBARS). El daño oxidativo a proteínas fue medido cuantificando los grupos carbonilo (CP) por espectrofotometría en base su reacción con 2, 4-dinitrophenylhydrazina (DNPH). Los cambios en la microbiota fueron determinados por reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa (qPCR). Como efectos generales, la administración prolongada de galactosa incrementó significativamente los niveles de MDA y CP en los órganos y disminuyó las poblaciones de lactobacilos, bifidobacterias y bacteroides en el colon. La alimentación con crackers a base de harina de poroto sin fermentar y fermentada no produjo alteraciones estructurales en los órganos y fue eficiente para prevenir la lipoperoxidación y el incremento de CP en hígado y cerebro, en mayor medida cuando las galletas fueron formuladas con harina fermentada. El efecto observado podría deberse a la mayor concentración de compuestos fenólicos y actividad antioxidante observada en los extractos de las galletas fermentadas. De igual manera estas galletas fueron capaces de evitar la disminución de los grupos microbianos relevantes para la salud colónica como lactobacilos y bifidobacterias. Los resultados obtenidos demuestran los potenciales beneficios de la fermentación de harinas de legumbres para ser incorporadas al desarrollo de nuevos alimentos funcionales útiles para proteger contra alteraciones propias de la senescencia.

Palabras clave: legumbres, fermentación, bacterias lácticas, alimentos funcionales.



# INDICE



**A**

AGUILAR-SOLÁ, M.S. A19  
AGUSTIN, M.R. MG4  
ALBARRACIN, L. MG2, MI1, P1, P3, P4, P6  
ALBERTI, S. MI32  
ALBERTO, M.R. MA8, P7  
ALCAIN, A. MA17  
ALFARO, J. A13  
ALMEIDA, M. MI33  
ALONSO, F.M. MA18  
ALTAMIRANO, L. MI20  
ÁLVAREZ, C. MI20  
ALVAREZ, F. MA24  
ÁLVAREZ, V.E. MG27  
ALVAREZ VILLAMIL, E. P2  
AMABLE, V.I. MG12  
AMAYA, L. MI34  
AMÉ, V. MG16  
AMIEVA, C. MG16  
ANCASI, E. MA4, MA5  
ANDINA, M.L. A12, A14  
ANDORO, D.L. MA2  
ANDRADE, B.G.N. P6  
ANDREONI, M.A. MA27  
ANNA, A.N. MI3  
APARICIO-OZORES, G. A17  
ARCE, L.P. A14, P1  
ARENA, M.E. MA8, P7  
ARGARAÑA, F. MI10  
ARGAÑARAZ, E. MA8  
ARIAS, D. MI33  
ARMELLA, R.T. MI13  
ARROYO GUERRA, A. MG2  
ARTIGAS, M.J. MG6  
ASURMENDI, P. A10, MG10, MG26  
AUDISIO, M.C. A8, A13, MA6, MG2, MG14  
AVILA HAEL, G.N. MA7  
AVILES, M.V. MA11, MG13  
AYBAR, M.J. MG18

**B**

BABOT, J.D. MA8  
BAILLO, A. P4  
BALBONA, M. MI26  
BALBUENA-ALONSO, M.G. MI27  
BAMBICHA, R.R. MA3, MG11  
BARBAGELATA, M.S. A5, MI12  
BARBERIS, C. MG25  
BARBERIS, L. A10, MG10  
BARCUDI, D. A6, MG16  
BARELLO, M.R. MA3, MG11  
BARNES, A. MI33  
BARRON, H. MI32  
BASCHKIER, A. MI24  
BECCACECE, I. MI33  
BERGAMINI, C. MG8  
BERGESE, S. A16  
BERRIO, I. MI12  
BERRUEZO, F. MI15  
BESSONE, M.A. MI34  
BETTUCCI FERRERO, G.N. MI3  
BEZUS RUBIS, N. P11  
BILAVCIK, C.F. A18, MI28  
BLAJMAN, J. MG8  
BLANCO, H. A12, A14  
BLANCO, M.E. MI27  
BLASKO, E. A6  
BOCCO, J.L. A6  
BOEHRINGER, S.I. MG12  
BOGGIO, E. MG16  
BOSIO, D. A6  
BOTTIGLIERI, M. MI15  
BOTTINI, E. MA20  
BRAMARDI, S. A13  
BREGANT, M. MI30  
BRENGI, S. MI17  
BRITOS, M.L. A8  
BRUGNONI, L.I. A3, MG4  
BRUNETTO, M. MI33  
BUENO, D.J. MG3, MG5, MG15

BUJEDO, M.J. MG16  
BURSTEIN, V. MI33  
BUSTAMANTE, A. MA9

## C

CABRAL, M. MI29  
CABRERA, G. MA19  
CABRERA, P. MI21  
CACCIATO, C. MA20  
CAFFER, M.I. MI17  
CALIVA AGÜERO, S. MI3  
CAMPS, M. MI27  
CAMPOS, J. P2  
CAMPOS, J. MG27, MI18, MI25  
CANCINO, D.L.N. A18  
CAP, M. MA10  
CAPOZZELLI, C. MI4  
CARBONARI, C. MI24  
CARDOZO, A. MI7  
CAROL REY, M. MI30  
CARRERA PÁEZ, L. MG27  
CARRIQUIRIBORDE, M. A2  
CARRIZO, S. A5  
CARTAGENA, E. MG20  
CASSANELLI, M. MI7  
CASAS, C. MG8  
CASTELÁN-VEGA, J.A. A17  
CASTELLANOS, L.I. MG18  
CASTILLO, N.A. MI16  
CASTRILLO, M.L. MG17  
CASTRO, C. MG24  
CATACATA, A. MG24  
CATALANO, F. MI17  
CATTANA, M. MI30  
CENTRÓN, D. MG27, MI18  
CERRUDO LÓPEZ, V. MG22  
CERVI, L. MI33  
CISNEROS, L. MA14  
COLOMBRES, M.S. MI20  
CONDORI, S. MA21

CONTRERAS, Lorena MI4  
CONTRERAS, Luciana MA25  
CÓRDOBA, S. MI16  
CORLETO, M. A21  
CORRADO, M.B. MA23  
CORREA DEZA, M.A. MG19  
CORTÉS CORTÉS, G. MI27  
CORTESE, I.J. A20, MG17  
CORTEZ, F. P9  
CORTEZ ZAMAR, J. MI1  
COSCI, A.R. MI13  
CUADRAT, R.R.C. P6  
CUBILLA, M. A20

## CH

CHAGRA, Y. A6  
CHAMORRO, A. MA16, MA17  
CHIAPELLO, L. MI33  
CHINEN, I. MG22, MG23, MI24, MI25

## D

D'ALMEIDA, R. P10  
DANTUR, Y. MI23  
DAVIES, C.V. MA23  
DE BOEVRE, M. MA15  
DE BUNDER, S. MI9  
DE LA CAL, C. MI5  
DE MORENO DE LEBLANC, A. MG9  
DE SAEGER, S. MA15  
DEBUCHY, V. MI19  
DEL BÓ, C. A6  
DEL CAMPO MORENO, R. MG22  
DELGADO, O. A15  
DENTICE MAIDANA, S. MI1, P2  
DEZA, N. MI24  
DI CARLO, B.M. MA1  
DI NUCCI, D. MG15  
DÍAZ, M.S. A4  
DÍAZ, M.A. P7  
DI SANTO MEZTLER, G.P. A7

DOMÍNGUEZ, M.J. MI19  
DOMINGUEZ, S. MI4  
DURANDAL, M.G. A18, MI28  
D'URSO, G.H. MI26

## E

ELEAN, M. P2, P3  
ELERA, R. P5  
ESPINOZA, E. A4  
ESPINOZA-MONJE, M. P2  
ESTEACHE, S.M. MA23

## F

FADDA, S. MA14, P4  
FAIT, M.E. A7  
FAMIGLIETTI, A. MG25  
FARA, A. P11  
FARFÁN, R.A. A8  
FARIAS, G. MI31  
FERNANDEZ, M. MI30  
FERNANDEZ CANIGIA, L. A16, MG27  
FERNANDEZ PINTO, V. MA15, MA19  
FERNANDEZ D'OPORTO, D. MG16  
FERRERO, M.A. MG19  
FERREYRA, A. MI4  
FIORE, A. MA3, MG11  
FLORES, D. MI23  
FLORES, S.A. A18, MI22, MI28  
FORNAGUERA, M.J. MG6  
FOX, B. A16, MG27  
FRAGOMENO, M. P9  
FUKUYAMA, K. P3  
FUMAGALLI, E. MA4, MA5

## G

GAGGIOTTI, M. MG8  
GALEANO, M.B. MI7  
GALIAN, L. MA16, MA17  
GALVEZ-FIGUEROA, O. A17  
GAMARRA, S. A5, MI12

GARCÍA, M.J. A10, MG10, MG26  
GARCIA, S. MG25  
GARCÍA ALLENDE, N. MG27  
GARCÍA-CANCINO, A. P2  
GARCIA-CASTILLO, V. P8  
GARCIA-EFFRON, G. A5, MI12  
GARIBOGLIO VÀZQUEZ, M. MI30  
GARNERO, A. MI3  
GARRO, M.S. MA7  
GERARD, L.M. MA23  
GEREZ, C.L. MA22, MG7  
GHIGLIONE, B. MI24, MI25  
GIACOBONI, G. A2  
GIANUZZI, L. MA18  
GIL, M.S. A1  
GIMÉNEZ, B. MA18  
GIMÉNEZ, P. MG8  
GIRAUDO, F.J. MG16  
GODOY, D.A. MI26  
GÓMEZ, N. MI14  
GÓMEZ, P. MI23  
GÓMEZ, S. MG15  
GÓMEZ BARRIOS, A. MI31  
GOMEZ COLUSSI, A.F. MI6, MI10  
GONZALEZ, C. MI10  
GONZALEZ, J. MA9,  
GONZÁLEZ, M.B. A3  
GONZALEZ, M.Á. A9  
GONZALEZ, N. MI7  
GONZALEZ S.N. MG20, P7  
GONZALEZ, Y.D.S. MI26  
GORTARI, F. MG17  
GRAIVER, N. MA18  
GRANADOS, G.K. MI13  
GUALTIERI, A.F. MI5  
GUASCONI, L. MI33  
GUERRA, M. P5  
GUIDOLI, M.G. MG12  
GUITIÁN, M.V. A13  
GUTIERREZ, C.E. MI6

## H

HEBERT, E. P3  
HECHT, J.P. MI5  
HEGER, F. MG25  
HERNÁNDEZ-HERNÁNDEZ, O. P11  
HERRERO, G. A6  
HIMELFARB, M.A. A19  
HJELT, V. MI11  
HOFFMANN, T. MG5, MG15  
HUARACHI, S. MG24

## I

IBARGUREN, C. A13, MG14  
INDO, Y. P1  
IRRAZABAL, G. MG16  
ISLA, M.I. MA25  
ISLAM, M.A. P6, P8

## J

JACOME, O.J. MA3, MG11  
JUAREZ, S. MI15  
JUÁREZ TOMÁS, M.S. MG19  
JURE, M.Á. A12, MA21, MG22, MI1, MI21, MI22

## K

KACHUK, A. A20  
KIM, J. MI27  
KITAZAWA, H. MI2, P1, P2, P3, P4, P6, P8, P10  
KRÜGER, A. MI8

## L

LACZESKI, M.E. A15, A20, MG17  
LATORRE-RAPELA, G. MI12  
LAYUS, B. MG7  
LEBLANC, J.G. MG9  
LEGARIA, M.C. MG25  
LENZ, R.M. MG14  
LEÓN, L.B. A7  
LEOTTA, G.A. MA21  
LEVIT, R. MG9

LIMANSKY, A. A4  
LINGUA, M. MG8  
LIPARI, F.G. MG16  
LITTERIO, N.J. A19  
LIZARDO FALCÓN, S. MG12  
LOBO, C.B. MG19  
LOMENZO, G. MI21  
LÓPEZ, A. MI29  
LOPEZ, C. MI21  
LOPEZ, S. MI34  
LÓPEZ MORAL, L. MI14  
LORENZO LÓPEZ, J.R. MI8  
LORENZUTTI, A.M. A19  
LÖSCH, L.S. A9  
LOUDET, S.M. MI26  
LOUND, L. MA11, MG13  
LOZANO-ZARAIN, P. MI27  
LUCCHESI, P.M.A. MI8

## M

MACEDO, D. MI12  
MACUA, A. A6  
MACHACA, M. MI29  
MAFFÍA, P. A21  
MALDONADO, I. A16  
MALDONADO HARO, M.L. MA15, MA19  
MALLMA, K. MI32  
MALLOU, M.F. MI24, MI25  
MAMANI, D. MI32  
MANCUSO, M. MI14  
MANFREDI, E. MG23, MI24, MI25  
MANRIQUE, R. P5  
MARAZ, F. MA4, MA5  
MARCALAIN, M.J. MI16  
MARCHESSI, N. MA16, MA17  
MARCHETTI, A. MI9  
MARCHIARO, P. A4  
MARGUET, E.R. A1, MA2  
MÁRQUEZ, NE. MI20  
MARTIN, V. MI11

MARTOS, G.I. MG6  
MARUCCI, P.L. A3  
MASSA, R. MI24, MI25  
MASSÓ, M.G. MG27  
MASUMIZU, Y. P1  
MAZA, D.D. MG18  
MEDINA, R.B. MA7  
MEDONI, A. MI9  
MELNIKOV, V. MI2  
MENA, C. MI33  
MENDIETA, S. MI 29  
MENDOZA, J.A. MG12  
MERCADO, M.I. MG20  
MERÍN, M.G. MA27  
MERINO, L.A. A9  
MILIWEBSKY, E. MG22, MG23, MI24, MI25  
MINNAARD, J. P9  
MONTEAVARO, C. MA20  
MONTILLA, A. P11  
MORALES, S. MI21  
MORATA DE AMBROSINI, V.I. MA27  
MORCELLE, S.R. A7  
MOREDO, F. A2  
MORELLINI, F. MI23  
MORENO MOCHI, P. A12, MA21  
MORETTA, R. MI11  
MORONI, M MI17  
MOZGOVOJ, M.V. MA10  
MÜLLER, M. P10  
MUÑOZ, G. MI10

## **N**

NACCHIO, B.L. MA7  
NAEF, E.F. MA11, MG13  
NEDIANI, M.T. MA26  
NIEVA, M. MI15  
NIEVAS, H. A2,  
NIEVAS, V. A2  
NÓBLEGA, L.M. MI20  
NOVOSAK, M.G. A15, A20

NÚÑEZ, I.M. MA8

## O

OJEDA, G. MI14  
OLIVARES, A.P. MA6  
OLIVERA, D. MA11  
OLIVIERI, L. A16  
ONETTO, A.L. A20, MG17  
ORELLANA, N.R. MI20  
ORPHEE, C. MG20  
ORTIZ, M MI34  
ORTIZ, T. MI32  
OSINALDE, J. MG15  
OVIEDO, P. A20

## P

PACCE, M. MI31  
PÁEZ, R. MG8  
PANAGÓPULO, M. MI17  
PANZETTA, M.E. MG16  
PARADA, R. A1, MA2  
PARDIÑO, L. MI34  
PAREDA, R. MI7  
PAREDES, M.E. MI3  
PARUSSINI, F. MA4, MA5  
PASCAL, S.B. MI8  
PASCUAL, L. A10, MG10, MG26  
PASTORE, F. A4  
PATRIARCA, A. MA15, MA19  
PAVICICH, M.A. MA15, MA19  
PAZ, C. MG21,  
PELLEGRINI, J.L. A9  
PÉREZ, J. A4  
PÉREZ, N.P. MA1  
PÉREZ, P.F MG1, P9  
PEREZ CHAIA, A. MG6  
PEREYRA, R. MI23  
PESTANA, L.M. MI26  
PIAGGIO, M.C. MG13  
PIDUTTI, A. M A18, MI28

POKLEPOVICH, T. MI18  
PONCE ALONSO, M. MG22  
PONDAL, Y.B. A18, MI28  
PONESSA, G. MG20  
PRAT, A. A7  
PRENDES, L.P. MA27  
PUGLIESE, N. MI4

## Q

QUILODRÁN-VEGA, S. MI2  
QUINTEROS, M.Á. MG21  
QUIROGA, M.P. MG27, MI18  
QUIROGA, M.I. A15

## R

RABANAL-SANCHEZ, J. A22  
RAMIREZ ALBUQUERQUE, D. MA15, MA19  
RAUSCH, L. MI31  
RAYA TONETTI, F. MI2, P8  
REY, M.Á. MA10  
REYES-GASTELLOU, A. A17  
REYNOSO, D.A. MA3, MG11  
REYNOSO, S. MI21  
RIAL, M.J. MI7  
RIBAS-APARICIO, R.M. A17  
RICOTTI, A. MG10  
RIERA, F. A5  
ROCCA, F. MG23  
ROCHA-GRACIA, R.C. MI27  
RODRIGUEZ, A.V. MG7  
RODRIGUEZ, E.S. MI6  
RODRIGUEZ, R.M. MA6  
RODRIGUEZ, T.R. MI31  
RODRÍGUEZ-VAQUERO, M.J. A11, A14, MA24  
ROLLÁN, G.C. MA22  
ROLLAN, M.R. MG16  
ROMERO, M.E. MG21  
ROMERO, L. MG8  
RONDINI, A. MA3, MG11  
RUBINSTEIN, G. MI9

RUÍZ, F.S. A10, MG10, MG26

RUIZ, S.E. MG16

RUYBAL, P. MI11

## S

SAAVEDRA, L. P3

SACUR, J.A. A14, P6

SÁEZ, G. P11

SAIDMAN, S. A3

SAKA, H.A. A6, MG16, MI3

SALAS, P.L. MG12

SALIDO, J. MI23

SALVA, S. P2

SAMPIETRO, D.A. A15

SÁNCHEZ, S. MG12

SANCHEZ, V. MI6

SANDEZ PENIDEZ, S.H. MA22

SANDILLI, O.V. MA12, MA13

SANSO, M. MA9

SASONI, N. A5

SAVOY DE GIORI, G. MG29

SCANDON, P. MI12

SCHENHOLT, G. A20

SCHESI, C. MI24

SCHNEIDER, A. A16

SCREPNIK, P.D. A15, A20

SECOTARO, A. MI4

SERRAL, F. MG16

SERVIAN, A. MI33

SICA, M.G. A3

SIGNORINI, M. MG8

SIMTH, S. MI7

SIRVENT, J. MI9

SOLA, C. A6, MG16

SOLANA, M.E. MI19

SOLDÁ, C.A. MA23

SOLDAVINI-PELICHOTTI, P.C. MG1

SOLORZANO, M.V. MA21

SORIA, M.A. MG3, MG5

SOSA, M. MI31

SOTO, R. MI19

SUDA, Y. P3

## T

TABERA, A. MA9

TABOADA, N.V. MA26

TANOVICH, C. A20

TARIFA, M.C. MG4

TAVERNA, C. MI16

TERÁN, V. MA8

TINGHITELLA, G.C. MI19

TINTI, M.G. A19

TOMA, A.F. MI5

TOMOKIYO, M. MI2, P1, P3, P8

TONELOTTO, M.E. MI19

TORRES, M.J. MA6

TORRES, S. MA25

TRACOGNA, M. MI30

TREJO, F.M. MG1

TRIBELLI, P.M. MI7

## V

VALDES, M.E. MG16

VALDEZ, J.C. P6

VALDÉZ AMARILLA, M.J. MG12

VALLEJO, M. A1, MA2

VALLEJOS, A. MI30

VALLEJO, C.V. A11, MA24

VALLEJOS, A.C. A18, MI28

VANZO, C. MI3

VARGAS, J.M. A12, MI1, MI21, MI22

VAUDAGNA, S.R. MA10

VAY, C. MG25

VEGA, S.M. MA21

VEGA-HISSI, E.G. P7

VELASCO MANINI, M.A. MA22

VELLA, M.A. MI23

VERA, D. P10

VERA GARATE, M.V. MI6

VERCELLI, B. MI15

VERNI, C. MG20  
VICO, J.P. A19  
VILCA, R.P. MA12, MA13  
VILLANUEVA, F. MI32  
VILLENA, J. MG2, MI1, MI2, P1, P2, P3, P4, P6, P8, P10  
VILTE MARTINEZ, M.I. MA12, MA13  
VINDEROLA, G. MG8  
VIÑARTA, S.C. MG18  
VIÑAS, M.R. MI17  
VIOLA, C.M. MA8  
VIZOSO PINTO, M.G. A12, A14, P6, P10  
WINNIK, D.L. A15, A20

## Y

YANTORNO, O. MA14

## Z

ZAPATA, P.D. MG17  
ZARAZAGA, M.P. A19  
ZÁRATE, G. P11  
ZARITZKY, N. MA18  
ZHOU, B. P1, P3, p4  
ZINTGRAFF, J.C. MG23  
ZOLEZZI, G. MI24, MI25  
ZOLOA, C. MI34  
ZUBELZA, O.A. MA12, MA13  
ZULOAGA, L. MI4