

LIBRO DE RESUMENES

**XXIII CONGRESO LATINOAMERICANO DE
MICROBIOLOGÍA**

**XIV CONGRESO ARGENTINO DE
MICROBIOLOGIA**

**IV CONGRESO LATINOAMERICANO DE MICROBIOLOGIA DE
MEDICAMENTOS – CLAMME**

**REUNIÓN DE LA SOCIEDAD LATINOAMERICANA DE TUBERCULOSIS Y
OTRAS MICOBACTERIOSIS (SLAMTB)**

Asociación Latinoamericana de Microbiología (ALAM)
Asociación Argentina de Microbiología (AAM)

26 al 30 de septiembre de 2016 – Salón Metropolitano

Rosario – Santa Fe - Argentina

TRABAJOS CIENTÍFICOS

Aa de distintos orígenes geográficos. Los resultados se analizaron mediante análisis de correspondencia. La potencia antagonista resultó dependiente tanto del medio de cultivo como de la cepa antagonista ensayada. Las especies con mayor capacidad antagonista frente a la mayoría de las cepas de PI fueron *B. subtilis*, *B. pumilus* y *B. cereus* tanto por difusión como por volátiles. Por otra parte, las cepas de *Br. laterosporus* resultaron muy efectivas por difusión pero mostraron nulo o escaso antagonismo por volátiles. Con respecto a Aa, se observó una muy alta capacidad antagonista de *B. subtilis* y *Br. borstelensis* en los ensayos por difusión, mientras que por volátiles mostraron una potencia menor al 50%. La presencia de marcadores genéticos para detectar la producción de PAM se analizó por PCR, amplificando las secuencias homólogas a los genes fengicina, bacilicina, iturina, bacilomicina, surfactina, subtilina y lichenicina. El 40 % de las cepas resultaron positivas para surfactinas e iturinas. Las cepas *B. subtilis* xx y m351 resultaron potentes antagonistas de PI y Aa y presentaron secuencias homólogas de 7 genes. La capacidad surfactante se evaluó por la técnica de gota colpasada donde *B. subtilis* m347 y m334 resultaron potentes surfactantes. Conclusión: La potencia antagonista observada en función del medio de cultivo y las cepas enfrentadas tiene una variabilidad intrínseca. Con excepción de *B. pumilus*, a mayor cantidad de genes vinculados a la producción de PAM, mayor potencia. Finalmente, la correlación positiva entre la presencia de estos genes, la capacidad surfactante y la inhibición del desarrollo de PI y/o Aa, permite seleccionar cepas potencialmente útiles como biocontroladoras.

MA-0228

Clones Circulantes de *Escherichia coli* Verotoxigénico No-O157 Aislados en Argentina.

AM Sanso, JS Cadona, J González, AV Bustamante

Lab. de Inmunquímica y Biotecnología, CIVETAN, CONICET, CIC-PBA, FCV-UNCPBA, Tandil, Prov. de Buenos Aires, Argentina.

Escherichia coli verotoxigénico (VTEC) es un patógeno transmitido por alimentos que comprende diversos linajes filogenéticos, los cuales varían en su capacidad de producir enfermedades severas en el hombre, tales como colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico (SUH). Argentina presenta la mayor incidencia mundial de SUH. La identificación de cepas VTEC de alto riesgo es importante para el desarrollo de iniciativas en salud pública.

El objetivo de este estudio fue determinar las relaciones filogenéticas de cepas VTEC no-O157:H7 aisladas en Argentina, y comparar las cepas nativas con las de diferentes orígenes geográficos, mediante Multilocus sequence typing (MLST).

Un total de 59 cepas VTEC pertenecientes a 41 serotipos diferentes, aisladas en su mayoría de bovinos y alimentos, fueron caracterizadas por MLST, usando el esquema de 7 genes de la base de datos EcMLST. Fragmentos internos de siete genes housekeeping (*aspC*, *clpX*, *fadD*, *icdA*, *lysP*, *mdh* y *uidA*) fueron amplificados por PCR, de acuerdo al protocolo propuesto por la base de datos (<http://shigatox.net/ecmlst/cgi-bin/scheme>), y enviados a secuenciar. El perfil alélico o *sequence type* (ST) de cada una de las cepas fue obtenido por la combinación de los datos de cada uno de los siete genes. Las relaciones filogenéticas, entre los STs de las cepas estudiadas y aquellos disponibles en la base de datos, se determinaron mediante el programa eBURST.

De acuerdo a la base de datos EcMLST, se identificaron 38 STs entre las cepas estudiadas, de los cuales 17 (45%) resultaron STs nuevos que se distribuyeron en 18 serotipos. Quince de los 38 STs identificados se agruparon dentro de 11 grupos clonales (GCs), los restantes 23 STs no fueron asignados a ningún GC. Mediante el análisis por eBURST, 24 de los 38 STs fueron asignados a siete importantes complejos clonales (CCs), entre los cuales se destaca el CC230 que agrupa 15 de los 24 STs y 17 serotipos diferentes. Diferentes STs fueron identificados en un mismo serotipo. Por otro lado, no se pudo determinar ninguna asociación entre el origen y el perfil alélico de las cepas, ya que varios STs fueron identificados tanto en cepas de alimentos como de bovino.

Los resultados revelaron un alto grado de heterogeneidad filogenética entre las cepas aisladas en Argentina. Se determinó que diversos aislamientos, provenientes de bovinos y alimentos, pertenecieron a los mismos STs de cepas que son comúnmente asociadas a casos de enfermedad en el hombre en el resto del mundo. Por otro lado, este estudio provee la primera información sobre los clones de cepas VTEC de diferentes serotipos que están circulando en Argentina y revela que varios de ellos podrían poseer un importante riesgo zoonótico.

MA-0229

Virus de Leucosis Bovina (VLB) en Colombia. Prevalencia y factores de riesgo asociados.

AP Corredor Figueroa¹, N Olaya¹, D Ortiz², A Sánchez³, J Tobón³, Y Chaparro⁴, MF Gutiérrez¹

¹Pontificia Universidad Javeriana, Colombia. ²Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria-CORPOICA, Colombia. ³Empresa Colombiana de Productos Veterinarios – VECOL, Colombia. ⁴Laboratorio ZOOLAB, Colombia.

Las enfermedades virales en el ganado vacuno constituyen una causa importante de problemas sanitarios asociados con pérdidas económicas a nivel mundial en la industria ganadera. El VLB hace parte de los agentes virales cuya prevalencia oscila entre el 20 y el 100% a nivel mundial, convirtiéndose en una infección endémica alrededor del mundo. La enfermedad cursa como asintomática en el 70% de los animales infectados, una linfocitosis persistente en el 30% y una leucemia en el 5% de ellos.

Estudios epidemiológicos realizados para determinar el comportamiento poblacional de esta patología, son la estrategia para tener una idea del estado de salud animal en el mundo. En Colombia, se reportó una seroprevalencia de 21,5% - 51,7%, sin embargo, debido a que este virus no es de notificación obligatoria y que no existen vacunas ni estrategias de prevención para disminuir su prevalencia, es posible que la presencia viral esté aumentando en la población y que con esto, esté disminuyendo la productividad animal y generando pérdidas económicas.

Teniendo en cuenta el impacto del VLB, se realizaron dos estudios epidemiológicos observacionales descriptivos, cuyo objetivo fue por medio de la detección de anticuerpos y de la amplificación de un segmento del gen gag, establecer la prevalencia de este patógeno. Adicionalmente determinar los factores de riesgo y de protección asociados con la patología.

En el primer estudio se seleccionaron 12 municipios en 7 departamentos de Colombia de producciones en lechería, en carne y doble propósito, recolectando 8151 muestras de suero junto con una encuesta epidemiológica, encontrando una seroprevalencia determinada por ELISA de 42,7% en animales y de 67,7% en predios. Para el segundo estudio que fue molecular, a 289 animales se les tomó una muestra de sangre, se