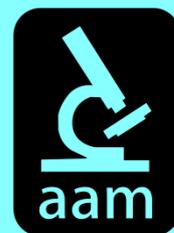




V

**Congreso Argentino
de Microbiología
Agrícola y Ambiental**



Libro de Resúmenes

15, 16 y 17 de septiembre de 2021

**Modalidad Virtual
Centro de Convenciones Sergio Karakachoff de la
Universidad Nacional de La Plata, La Plata,
Argentina.**

***Bacillus* sp. 123, UNA CEPA AISLADA DE SUELOS AGRÍCOLAS CON POTENCIAL PARA DEGRADAR DIFERENTES ANTIBIÓTICOS**

Diego Sauka (1), Vanessa Areco (2,3), Cecilia Peralta (2,3), Antonela Marozzi (4),
Eleodoro E. Del Valle (5), Leopoldo Palma (2,3)*

(1) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. (2) Instituto Multidisciplinario de Investigación y Transferencia Agroalimentaria y Biotecnológica (IMITAB-CONICET), Universidad Nacional de Villa María, Argentina. (3) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. (4) Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA), Bariloche, Argentina. (5) ICIagro Litoral, Universidad Nacional del Litoral, CONICET Facultad de Ciencias Agrarias, Esperanza, Santa Fe, Argentina.

*palma.leopoldo@gmail.com

Las especies pertenecientes al género *Bacillus* poseen diferentes propiedades naturales que van desde la síntesis de diferentes toxinas hasta la producción de varias proteínas y enzimas con aplicaciones biotecnológicas. Muchos de los genes que las codifican se encuentran localizados en el ADN extracromosomal o plasmídico, generalmente acompañados de otros factores de virulencia tales como genes de resistencia a antibióticos. Estos plásmidos son transferibles pudiendo alcanzar a especies receptoras relacionadas mediante transferencia horizontal. Los genes de resistencia a antibióticos son imprescindibles para hacer frente a los mismos por parte de las bacterias patógenas, pero también son frecuentemente encontrados en bacterias no patógenas aisladas desde diferentes ecosistemas. Esta propiedad es muy interesante ya que brinda la posibilidad de que sean utilizadas en el desarrollo de nuevas herramientas aplicables a la biorremediación de suelos o aguas contaminadas con antibióticos, especialmente aquellas provenientes de hospitales y establecimientos lecheros o productores de ganado. El objetivo de este trabajo fue realizar la caracterización microbiológica y secuenciación genómica de la cepa de *Bacillus* sp. 123, aislada de una muestra de suelo proveniente de un lote agrícola de la localidad de O'Higgins, Buenos Aires.

El análisis bajo microscopio de campo claro mostró que la cepa 123 se corresponde a un bacilo gram-positivo a gram-positivo-variable con producción de espora de resistencia terminal deformante, una característica morfológica que fue posteriormente confirmada por análisis en microscopio electrónico de barrido. Su secuencia genómica mostró un tamaño total de 5.139.413 bp y un porcentaje de G+C de 36.1%. Tanto el análisis de su ADN ribosomal 16S como los cálculos ANI (porcentaje promedio de identidad nucleotídica) mostraron que la cepa 123 correspondería a una nueva especie del género *Bacillus*. La anotación de su genoma fue realizada con el servidor RAST y produjo 5671 secuencias codificantes o CDs de entre las cuales se encontraron genes relacionados a la degradación de los siguientes antibióticos: Penicilina, Vancomicina B, Zwittermicina A, Fosfomicina, Fosmidomicina, Tetraciclina, Cloranfenicol, y Novobiocina.

Ensayos preliminares de resistencia a antibióticos mediante pruebas de difusión en agar Mueller-Hinton se encuentran en realización con el objeto de determinar el verdadero potencial biorremediador de la cepa 123.