

SUPLEMENTO 1
VOL 45
2013

REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA



PUBLICACIÓN
DE LA
ASOCIACIÓN ARGENTINA
DE
MICROBIOLOGÍA

REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA

Publicación de la Asociación Argentina de Microbiología

Aparece en Biological Abstracts, Chemical Abstracts, Veterinary Bulletin, Index Veterinario, EMBASE (Excerpta Medica), Medline (Index Medicus), Tropical Diseases Bulletin, Abstracts on Hygiene and Communicable Diseases, Literatura Latinoamericana en Ciencias de la Salud (LLACS), Periódica, LATINDEX, PubMed, SciELO, Science Citation Index Expanded y Redalyc.

DIRECTORA

Silvia Carla Predari
*Instituto de Investigaciones Médicas Alfredo Lanari.
Universidad de Buenos Aires*

SECRETARIO DE REDACCIÓN

José A. Di Conza
*Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad de Buenos Aires.
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas.
Universidad Nacional del Litoral*

COMITÉ EDITOR

Susana Carnovale
Facultad de Medicina. Universidad de Buenos Aires

Mauricio G. Carobene
*Facultad de Medicina. Universidad de Buenos Aires.
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas*

Inés E. García de Salamone
Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires

Ana M. Jar
Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad de Buenos Aires

Lina A. Lett
*Facultad de Agronomía. Universidad Nacional del Centro
de la Provincia de Buenos Aires*

Claudia I. Menghi
*Hospital de Clínicas. Facultad de Farmacia y Bioquímica.
Universidad de Buenos Aires*

Beatriz N. Passerini de Rossi
Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad de Buenos Aires

Cecilia Quiroga
*Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica.
Universidad de Buenos Aires.
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas*

ASESORES EN LA ARGENTINA

C. Bantar	N. Leardini
J.C. Basílico	H. Lopardo
M.I. Berría	W.P. Mac Cormack
H.M. Bianchini	D. Masih
N. Binsztein	M. Mollerach
R. Campos	R. Negroni
G. Carballal	F. Nicola
A. Cataldi	T. Orduna
J.J. Cazzulo	R. Raya
S.R. Costamagna	V. Ritacco
C. Coto	H.R. Rodríguez
M. D'Aquino	A. Schudel
R. de Torres	L. Scolaro
A.H. Frade	F. Sesma
A. Gentile	R. Soloaga
A. Giri	H. Terzolo
J.E. González	G. Vaamonde
S. González Ayala	

ASESORES EN EL EXTERIOR

A. Amoroso (Bélgica)	M. Philipp (EE.UU.)
J. Arbiza (Uruguay)	F. Queiroz Telles (Brasil)
J.A. Ayala (España)	A. Restrepo (Colombia)
P. Feng (EE.UU.)	G. San Blas (Venezuela)
E. García López (España)	G. Schmunis (EE.UU.)
M. Gottschalk (Canadá)	A. Steinbüchel (Alemania)
R. Guerrero (España)	M. Tolmasky (EE.UU.)
M.J. Mendes Giannini (Brasil)	J. Vila Estapé (España)



© Asociación Argentina de Microbiología (2013)

Secretaría: Deán Funes 472, C1214AAD Buenos Aires;

Tel./Fax: (54-11) 4932-8858 y (54-11) 4932-8948;

E-mail: info@aam.org.ar; http://www.aam.org.ar

Suscripción anual a la versión impresa (4 números anuales)

Socios AAM	\$ 200
Argentina no socios	\$ 400
América Latina	U\$S 150
Otros países	U\$S 300

Personería Jurídica 000908

Registro Nacional de la Propiedad Intelectual N°. 269649

ISSN: 0325-7541

Correo Argentino Suc. 4-B	Franqueo Pagado Concesión N° 4195
	Tarifa Reducida Concesión N° 628

XIII Congreso Argentino de Microbiología

II Congreso Microbiología Agrícola y Ambiental

23 al 26 de septiembre de 2013
Centro de Convenciones Palais Rouge

Jerónimo Salguero 1433/49
Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina.

XIII CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA 2013

COMITÉ ORGANIZADOR XIII CAM 2013

Presidente: Rodolfo Campos

Vicepresidentes: Marta Rivas, Marta Rocchi

Secretaría: María I. G. Fernández, Lucía Cavallaro, Silvia Raffellini

Secretaría Científica: Fernando Goldbaum, Jorgelina Smayevsky

Secretaría Técnica: Adriana Sucari, Noella Gardella, Alfredo Martínez

Comité Científico

Graciela Davel, Liliana Fernandez Canigia, María J. Gallego, Andrea Mangano, Marcelo O. Masana, Pablo Power, Laura Riera, Diego Sauka

Área Finanzas

Tesoreros: Teresa Bianchi, Paula Gagetti

Vocales

Patricia Caballero (Cuyo), Laura Decca (Córdoba), Luis A. Merino (NEA), Isabel Borges de Kestelman (NOA), Perla Hermida Lucena (Rosario), Marina Rico (S Fe), Mabel Rizzo (Sur)

Comité de Difusión

María Soledad Ramírez, María Paula Quiroga

COMISIÓN DIRECTIVA DE LA ASOCIACIÓN ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA (AAM)

Presidente: Manuel Gómez Carrillo

Vicepresidente: Gustavo Giusiano

Secretaria: María Cecilia Freire

Secretaria de Actas: María I. G. Fernández

Prosecretario: Juan Stupka

Tesorero: Paula Gagetti

Protesorero: Susana Vazquez

Vocal titular 1º: Adriana Sucari

Vocal titular 2º: María José Gallego

Vocal titular 3º: Marta Rivas

Vocal titular 4º: María Soledad Ramirez

Vocal suplente 1º: Angel Cataldi

Vocal suplente 2º: Isabel Bogado

Vocal suplente 3º: Marina Bottiglieri

Vocal suplente 4º: Lucía Cavallaro

II CONGRESO MICROBIOLOGÍA AGRÍCOLA Y AMBIENTAL 2013

COMITÉ ORGANIZADOR II DIMAYA 2013

Presidente: Diego Sauka

Vicepresidente: Diego Libkind

Secretaria: Susana Vazquez

Secretaría Científica: Fabricio Cassán

Secretaría Técnica: Mónica Baldini

Vocales

Marcelo Berretta, Rosana Massa, Claudio Penna, Inés García de Salamone, Silvia Toresani

COMISIÓN DIRECTIVA DE LA DIVISIÓN MICROBIOLOGÍA AGRÍCOLA Y AMBIENTAL (DiMAyA)

Presidente: Fabricio Cassán

Vicepresidente: Claudio Penna

Secretaria: Susana Vázquez

Tesorero: Diego Sauka

Secretaria de Actas: Rosana Massa

Vocal Titular 1º: Diego Libkind

Vocal Titular 2º: Inés García de Salamone

Vocal Suplente 1º: Noella Gardella

Vocal Suplente 2º: Débora Radovancich

REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA

SUPLEMENTO 1
VOLUMEN 45
2013

ÍNDICE

Comité Organizador CAM y DiMAyA.....	3
Comisión Directiva de la Asociación Argentina de Microbiología.....	3
Comisión Directiva DiMAyA.....	3
Presentaciones orales XIII CAM 2013.....	6
Pósters XIII CAM 2013.....	30
Presentaciones orales II DiMAyA 2013.....	184
Pósters II DiMAyA 2013.....	191
Índice de autores.....	267
Instrucciones para autores.....	278

REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA

SUPLEMENTO 1
VOLUMEN 45
2013

INDEX

Conference Organizing Committee.....	3
Executive Board of the Argentina Society for Microbiololy.....	3
Executive Board of DiMAyA.....	3
Oral Sessions XIII CAM 2013.....	6
Poster Sessions XIII CAM 2013.....	30
Oral Sessions II DiMAyA 2013.....	184
Poster Sessions II DiMAyA 2013.....	191
Author Index.....	267
Instructions for Authors.....	278

PRESENTACIONES ORALES Y PÓSTERS DEL XIII CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA 2013

Presentaciones Orales

Presentaciones orales 1: Bacteriología Clínica 1

Martes 24 de septiembre

14:30 – 16:00 h

Salón Rodin

0-001

Evaluación de la espectrometría de masa aplicada -MALDI-TOF- en la identificación de bacilos Gram-negativos no fermentadores

MN Almuzara¹, C Barberis¹, CH Rodriguez¹, N Regalí¹, G Traglia², MS Ramirez², A Famiglietti¹, CA Vay¹

¹ Laboratorio de Bacteriología. Cátedra de Microbiología Clínica.

Departamento de Bioquímica Clínica. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Hospital de Clínicas. Universidad de Buenos Aires., Argentina. ² Instituto de Microbiología y Parasitología Médica (IMPAM, UBA-CONICET), Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

En la práctica diaria la identificación de los bacilos Gram negativos no fermentadores de glucosa (BNF) por pruebas bioquímicas convencionales suele ser dificultosa.

Con el fin de evaluar la capacidad de la espectrometría de masa (MALDI-TOF) para la identificación de estos microorganismos se realizó un estudio preliminar con 260 aislados de bacilos Gram negativos no fermentadores provenientes de especímenes clínicos correspondientes al periodo 2009-2012.

Todas las cepas fueron identificadas mediante técnicas moleculares (secuenciación del ARNr 16S, gyrB, y/o RPO) y métodos fenotípicos convencionales.

Dado que la secuenciación del ARNr 16S no puede discriminar con alta eficiencia las especies del complejo *Pseudomonas putida/Pseudomonas fluorescens* y las especies del género *Achromobacter*, y abordar a nivel de especie en este grupo requiere la secuenciación de varios genes, se consideró correcta cuando el microorganismo fue identificado por MALDI-TOF como una especie del complejo *P.putida/P. fluorescens* o cualesquiera de las especies del género *Achromobacter* respectivamente.

La espectrometría de masa fue realizada con un equipo MALDI-TOF, Bruker, Daltonics. Los resultados fueron analizados utilizando la base de datos de Biotyper (versión 3.1, BD, Bruker Daltonik GmbH, Bremen, Alemania).

Se ensayaron 260 BNF: *Pseudomonas* del grupo fluorescente: (*Pseudomonas* grupo *putida*; *P. grupo fluorescens*; *P. aeruginosa*) (30); *Pseudomonas* spp.: (*P. fulva*; *P. oryzihabitans*; *P. stutzeri*): (13); complejo *Burkholderia cepacia* (9); *Burkholderia gladioli* (1); *Pandoraea sputorum* (2); *Cupriavidus pauculus* (1); *Stenotrophomonas maltophilia* (17); *Acinetobacter* spp. (34); *Achromobacter* spp. (43) y géneros relacionados: *Alcaligenes faecalis* (3); *Bordetella* spp. (9); *Kerstersia gyorium* (2); *Oligella urethralis* (3); Familia *Flavobacteriaceae*: *Elizabethkingia meningoseptica*: (12); *Chryseobacterium* spp. (6); *Myroides* spp. (4); *Shingobacterium multivorum* (4); *Wautersiella falsenii* (2); *Weeksella virosa* (1), Familia *Comamonadaceae*: *Comamonas testosteroni* (1); *Comamonas kerstersii* (10); *Delftia acidovorans* (4); otros BNF: *Sphingomonas paucimobilis* (1); *Brevundimonas diminuta* (7),

Brevundimonas vesicularis (1), *Ochrobactrum* spp. (9), *Pannonibacter phragmitetus* (14); *Rhizobium radiobacter* (5); *Shewanella* spp. (11), *Wohlfahrtiimonas chitiniclastica* (1).

Sobre un total de 260 aislados de BNF, MALDI-TOF identificó correctamente a nivel de género 258 (99 %) y a nivel de especie 248 (95 %).

MALDI-TOF pudo identificar más del 95 % de los BNF tanto a nivel de género como de especie, entre los 26 géneros diferentes ensayados, superando por la exactitud y rapidez a la identificación fenotípica y molecular hasta ahora conocida.

0-002

La proteína A de *Staphylococcus aureus* contribuye al desarrollo de osteomielitis en un modelo experimental

A Mendoza Bertelli¹, S Lattar¹, M Notollana¹, DO Sordelli¹, MV Delpino², N Sanjuan¹, MI Gómez¹

¹ Instituto de Investigaciones en Parasitología y Microbiología Médica (IMPAM), UBA-CONICET1, Argentina. ² Instituto de Inmunología, Genética y Metabolismo (INIGEM), UBA-CONICET, Argentina.

Las infecciones osteoarticulares poseen alta morbi-mortalidad siendo *Staphylococcus aureus* responsable de entre el 50% y el 70% de las osteomielitis en individuos adultos. Entre los múltiples factores de virulencia de *S. aureus*, la proteína A (SpA) ha sido identificada como inductora de las cascadas de señalización de TNF- α e IFN beta. La importancia de dichas vías de señalización en el metabolismo óseo, nos permitió hipotetizar que SpA podría contribuir a la patogenia de la osteomielitis por *S. aureus*. A fin de demostrar esta hipótesis, grupos de ratas adultas de la cepa Wistar fueron inoculadas bajo anestesia intramedularmente en la tibia izquierda con 2×10^6 UFC de *S. aureus* o una mutante isogénica que no expresa proteína A (*spa-*). A las 96 horas, 10 y 15 semanas post-desafío las ratas fueron sacrificadas. Se cuantificaron las Unidades Formadoras de Colonias (UFC) recuperadas en hueso y se analizaron parámetros morfométricos (Índice Osteomielítico, I.O). En grupos inoculados en forma paralela se realizaron estudios histopatológicos. Se observó una reducción significativa en el tamaño de la lesión ósea en las ratas inoculadas con la mutante *spa-* respecto de las inoculadas con *S. aureus* a todos los tiempos estudiados (96 horas: $p < 0,01$; 10 semanas: $p < 0,05$; 15 semanas: $p < 0,01$). Asimismo se observó una reducción significativa en el número de UFC a las 96 horas y 15 semanas post-desafío (96 horas: $p < 0,01$; 10 semanas: $p = 0,222$; 15 semanas: $p < 0,001$). A las 15 semanas post-desafío se observó una correlación entre las UFC recuperadas y el I.O ($r = 0,96$ $p < 0,0001$). Dada la importancia de la actividad de las metaloproteinasas (MMPs) en la degradación ósea y por consecuente en las enfermedades osteoarticulares, se determinó la actividad de MMP-9 en los homogenatos de las tibias infectadas utilizando a las tibias sin inocular como control de actividad basal. Se observaron diferencias significativas en la actividad proteolítica de MMP-9 en ratas desafiadas con *S. aureus* respecto de la mutante *spa-* a las 10 semanas post-inoculación ($p < 0,05$). Paralelamente se realizaron análisis histológicos de las tibias a las 15 semanas post-desafío advirtiéndose la presencia de abscesos, con piocitos y leucocitos polimorfonucleares y escaso tejido de granulación, en las tibias inoculadas con *S. aureus*. En las tibias de las ratas infectadas con la mutante *spa-* el tejido de granulación fue proporcionalmente mayor que los abscesos. Se determinó la presencia de osteoclastos en cortes de tejido mediante la reacción enzimática de la fosfatasa ácida tartrato resistente (TRAP). Se observó un mayor número de osteoclastos (evidenciados por microscopía óptica como células multinucleadas positivas para TRAP) en las tibias desafiadas con *S. aureus* respecto a las inoculadas con la mutante *spa-*. Estos resultados en su conjunto sugieren un rol para la proteína A en el desarrollo de osteomielitis por *S. aureus*.

de HBV, luego de realizar el análisis filogenético de todas las secuencias de genoma completo publicadas en el GenBank. Este hecho amerita una reclasificación del genotipo D en subgenotipos mediante el análisis del genoma completo y respetando el 4% de divergencia establecido mundialmente para la clasificación en subgenotipos.

Virología clínica

P-129

FILOGENIA DE CEPAS DE METAPNEUMOVIRUS HUMANO QUE CIRCULARON EN POBLACIÓN INFANTIL DE LA CIUDAD DE CÓRDOBA DURANTE EL AÑO 2011

PE Rodríguez, MC Frutos, C Cuffini, JA Cámara, A Cámara
Instituto de Virología "Dr. J. M. Vanella". Facultad de Ciencias Médicas.
UNC, Argentina.

Metapneumovirus humano (MPVh) es un agente viral causante de infección respiratoria, descubierto en el año 2001 en Holanda por Bernardette van den Hoogen. Se encuentra taxonómicamente ubicado en la Familia Paramixoviridae, Subfamilia Pneumovirinae y Género Metapneumovirus. Análisis filogenéticos han demostrado la presencia de dos grupos genéticos, reconocidos como A y B, los cuales se subdividen en dos grupos 1 y 2. En Argentina Galiano y col. en el 2006 determinaron la presencia de los subtipos A1, A2 y B1 estando el B2 ausente. En Buenos Aires, Vélez Rueda (2013) mostró que A2 y B2 cocircularon entre 2009-2010, mientras que en el 2011 sólo circuló MPVh A2. Por otro lado el análisis filogenético de las proteínas N y G estudiados en Uruguay describe la circulación de los linajes A2, B1 y B2.

Este trabajo tuvo como objetivos detectar e identificar filogenéticamente secuencias de MPVh a partir de muestras de niños menores de 5 años de la ciudad de Córdoba durante el año 2011.

Se analizaron 134 muestras de aspirados e hisopados nasofaríngeos (ANF/HNF) obtenidas de niños menores de 5 años de la ciudad de Córdoba durante el año 2011. Se llevó a cabo la detección de una región del gen N (199pb) de MPVh por medio de la técnica de RT-PCR convencional (adaptada de Bouscambert- Duchamp). Dos de las muestras positivas fueron secuenciadas para comprobar su identidad. Por último se realizó el análisis filogenético de la región N construido por Maximun Likelihood (PhyML software), usando como modelo TIM2-G, con parámetros sugeridos por JModelTest 3.7, con bootstrap y 1000 pseudoreplicas.

Se detectó ARN de Metapneumovirus humano en el 57% de las muestras analizadas hasta el momento por RT-PCR. Se comprobó la identidad de dos de las muestras positivas por secuenciación y se determinó el genotipo al cual pertenecen. Analizando la filogenia se puede notar que las secuencias de los pacientes positivos agruparon junto con las pertenecientes a otras regiones clasificadas dentro de MPVh subtipo A2, alejadas en menor medida del subtipo A1 y en mayor medida de los subtipos B1 y B2. A su vez se observa que una de las secuencias tiene una mayor probabilidad de asociación con A2.

En primer lugar estos resultados indican que MPVh estuvo circulando en población infantil de la ciudad de Córdoba durante el año 2011. Son los primeros resultados obtenidos a partir de análisis moleculares en dicha ciudad. Por otra parte es esperable que las secuencias se hayan asociado al subtipo A2, debido a que para esta región es uno de los subtipos más abundantes y coincide la circulación durante ese año con estudios realizados en Buenos Aires.

Se pretende proseguir con las secuenciaciones para abarcar todos los casos positivos y poder deducir si en el año 2011 también pudo haber circulado MPVh A1, B1 y B2, y así poder desarrollar primers específicos para la detección de cepas autóctonas y de cada subtipo específicamente.

P-130

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE DISTEMPER CANINO EN CHILE

C Navarro, V Salas, J Pizarro
Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias. Universidad de Chile, Chile.

Introducción. En los últimos años, la aparición de una gran cantidad de casos de distemper canino (DC) en animales adultos con su plan de vacunación al día ha alarmado a los médicos. Así, los casos de distemper canino se han vuelto una preocupación importante dentro del quehacer clínico veterinario. Los casos de DC se han vuelto una preocupación importante dentro del quehacer clínico veterinario.

Objetivo. Conocer cuál(es) de los linajes existentes del Virus Distemper Canino (VDC) estarían presentes en Chile, a través del secuenciamiento parcial del gen H del VDC posterior a la prueba de PCR.

Material y Métodos. Se utilizaron muestras de sangre periférica de perros domésticos con una amplia gama de sintomatología compatible con DC, sin restricción de raza, edad o sexo. El criterio de inclusión de muestras consideró un prediagnóstico de distemper clínico seguido de test ELISA específico para VDC (IgM positivo). Como virus de referencia se utilizaron dos cepas de VDC provenientes de vacunas comerciales (Lederle y Onderstepoort). La extracción de ARN se realizó mediante un kit de extracción (Trizol LS, Invitrogen®). Se utilizó el "kit SuperScript one step RT-PCR with platinum Taq" (Invitrogen®) y el protocolo contempló una incubación a 50° C durante cuarenta minutos y otra a 94° C durante dos minutos. En la reacción de PCR se utilizaron los partidores CDV1: 5'-GTCCTTCTCATCCTACTGG-3' y CDV2: 5'-ACACTCCGCTGAGATAGC-3' y un protocolo que incluye treinta y cinco ciclos (94° C por un minuto; 50° C durante dos minutos; dos minutos a 72° C) y una extensión final a 72° C durante dos minutos. La visualización del producto amplificado se realizó mediante electroforesis en gel de agarosa al 2% y posterior incubación con bromuro de etidio. Los amplicones obtenidos se enviaron a la empresa Genytec LTDA para su secuenciación. Las secuencias consenso fueron ingresadas al programa on line BLAST para definir la identidad nucleotídica del fragmento amplificado. El análisis filogenético de las secuencias nucleotídicas obtenidas se realizó mediante el programa MEGA de análisis bioinformático, en donde las secuencias nucleotídicas se alinearon usando el programa Clustal W. Resultados. Los resultados del alineamiento de las secuencias consenso y las secuencias oficiales del GenBank® permitió conocer el patrón geográficos de segregación o el linaje correspondiente; así la secuencia CDV12/VSR/Chile segregó en el linaje Europeo, mientras que la secuencia CDV13/VSR/Chile lo hizo en el linaje América 1.

Discusión. Se logró establecer la existencia en Chile de dos de los ocho linajes conocidos de VDC, lo cual constituye un primer paso en el estudio de la dinámica epidemiológica del virus.

P-131

EVALUACIÓN DE UNA PRUEBA INMUNOCROMATOGRÁFICA PARA LA DETECCIÓN DE ANTÍGENOS DE ROTAVIRUS EN MATERIA FECAL

ES Bardossy¹, JI Degiuseppe², M Rodríguez³, L Irazu³, JA Stupka²

¹Residencia en Microbiología Clínica. INEL – ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", Argentina. ²Laboratorio de Gastroenteritis Virales. INEL – ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", Argentina. ³Departamento Parasitología. INEL – ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", Argentina.

Rotavirus del grupo A (RVA) es el principal agente responsable de la diarrea aguda en la primera infancia. Se estima que anualmente causa más de medio millón de muertes en menores de 5 años, de las cuales el 90% se produce en países no desarrollados.

El diagnóstico de certeza oportuno permite evaluar el pronóstico clínico, definir acciones para evitar la diseminación intranosocomial y favorecer el uso racional de antimicrobianos, así como también brindar información con respecto a la prevalencia de los enteropatógenos más frecuentes en la población.

La Organización Mundial de la Salud (OMS) recomienda el uso de técnicas de ELISA para la detección de antígenos de RVA en heces. Asimismo, la necesidad de dar una respuesta diagnóstica rápida y la amplia disponibilidad de equipos comerciales condujo a que cada vez más establecimientos sanitarios utilicen pruebas basadas en inmunocromatografía (ICT). Las principales limitaciones que presenta esta metodología son la subjetividad en la interpre-