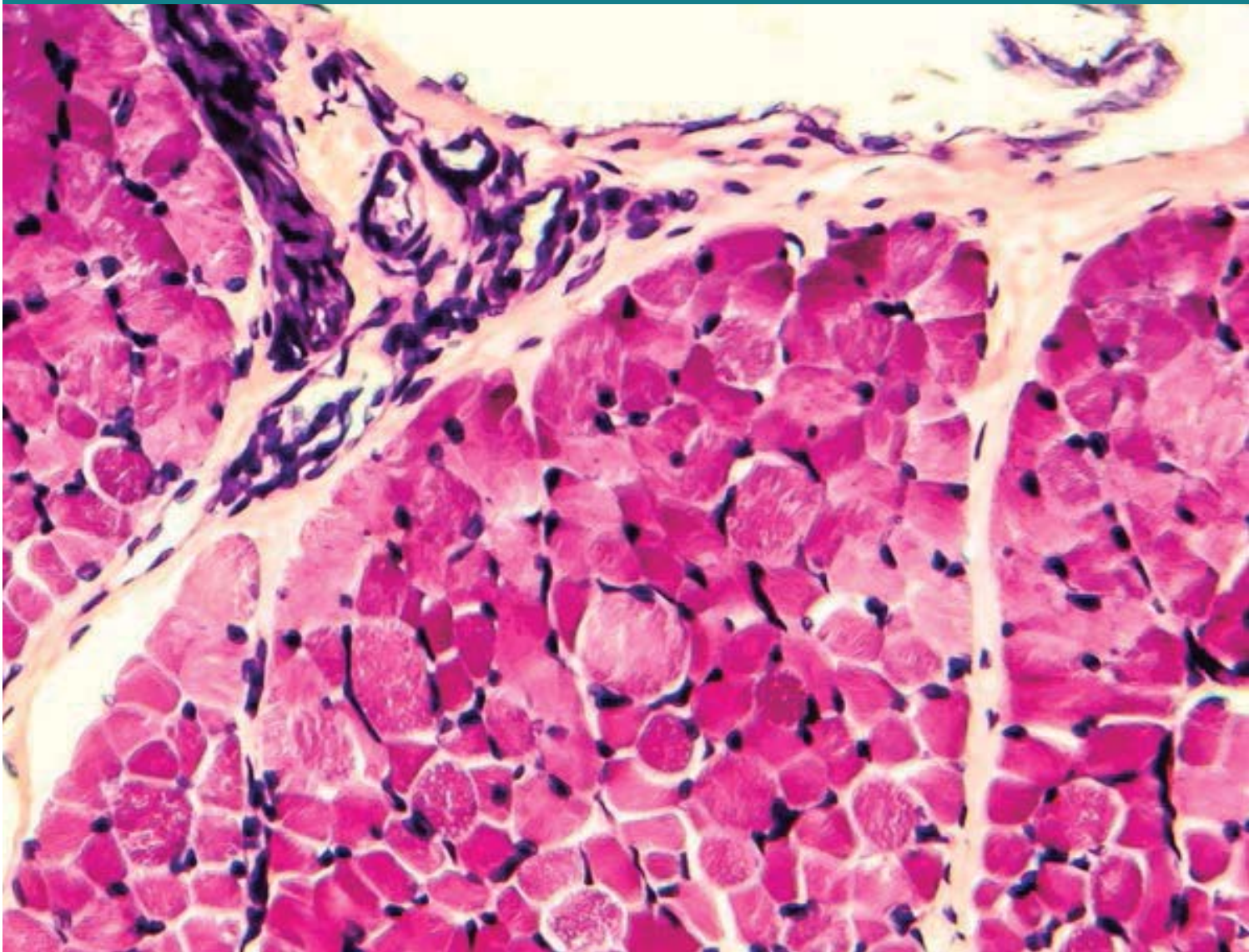


Physiological Mini Reviews

Special Issue
Congreso Nacional de Biociencias
Octubre 2022, Montevideo, Uruguay

15
Volume



Vol. 15, October, 2022
ISSN 1669-5410 (Online)
pmr.safisiol.org.ar





BIOCIENCIAS

II Jornadas Binacionales Argentina Uruguay
III Congreso Nacional 2022
"Ciencia para el desarrollo sustentable"

19 al 21 de Octubre 2022

Radisson Victoria Plaza Montevideo Uruguay

XVIII Jornadas de la SUB

XVIII Jornadas de la Sociedad de Neurociencias del Uruguay

XII Jornadas de la Sociedad de bioquímica y Biología Molecular

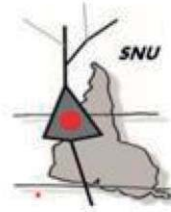
VII Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética

VI Jornadas +Biofísica

III Jornadas de la Asociación de Terapia Génica y Celular del Uruguay

III Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Microscopía e Imagenología XIV

Encuentro Nacional de Microbiólogos



nutricional de las abejas (peso seco) y en la infección por *N. ceranae*. Estos resultados son alentadores y los productos estudiados podrían constituir una estrategia para mejorar la salud y productividad de las colmenas.

Palabras clave: *Apis mellifera*, *Eucalyptus grandis*, nutrición, salud

125

Vínculos entre el desarrollo de las colonias del complejo *Microcystis aeruginosa* y su microbiota

Croci, Carolina¹; **Martínez de la Escalera, Gabriela**¹; **Deus Álvarez, Susana**¹; **Lepillanca, Facundo**¹; **Kruk, Carla**^{2,3}; **Segura, Angel**³; **Piccini, Claudia**¹

¹Laboratorio de Ecología Microbiana Acuática, Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay

²Instituto de Ecología y Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias, UdelaR, Montevideo, Uruguay

³Departamento MEDIA (Modelización Estadística de Datos e Inteligencia Artificial), CURE, UdelaR, Rocha, Uruguay

Las cianobacterias del Complejo *Microcystis aeruginosa* (CMA) forman colonias de cientos de células inmersas en un mucílago compuesto por exopolisacáridos y proteínas. En él habita una diversidad de bacterias cuya interacción con las cianobacterias se supone fundamental para el éxito del organismo. Se ha descrito que el mucílago varía en espesor, densidad y composición durante el ciclo de crecimiento colonial y en distintas condiciones ambientales, lo que determinaría distintas interacciones CMA-microbiota. En este trabajo se empleó una aproximación basada en secuenciación masiva del gen ribosomal 16S (región-V4), analizando tanto ADN (estructura comunitaria) como ARN (fracción activa) proveniente de distintas fracciones de tamaño de CMA obtenidas del embalse de Salto Grande. Los resultados mostraron una mayor riqueza de la microbiota en las colonias más pequeñas (<20µm), siendo Alphaproteobacteria (orden Rhizobiales) y Bacteroidetes los grupos más activos. Por otro lado, Betaproteobacteria presenta su mayor actividad en las colonias medianas (20-60µm), debido a la abundancia de Sutterellaceae. Al aumentar el tamaño colonial las Proteobacteria se vuelven menos activas y los Bacteroidetes disminuyen su abundancia y actividad. La fracción mayor (>60µm), dominada por Proteobacteria, es donde la microbiota presenta menor actividad. Estos resultados indican que la estructura y los grupos activos de la microbiota del CMA son tamaño-específicos. La disminución de actividad al aumentar el tamaño colonial sugiere un vínculo estrecho entre la microbiota y la formación de las colonias, probablemente asociado a un mecanismo tipo biofilm multiespecífico en el que las colonias grandes constituyen la etapa final de maduración previa a la dispersión.

Palabras clave: CMA, colonias, microbiota

131

Efecto del glufosinato de amonio y sulfoxaflor en la microbiota intestinal, inmunidad y supervivencia de abejas melíferas

Castelli, Loreley^{1*}; **Branchiccela, Belén**²; **Zunino, Pablo**¹; **Antúnez, Karina**¹

¹Laboratorio de Microbiología y Salud de las Abejas, Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE)

²Sección Apicultura, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria

*Autora de correspondencia: castelli.loreley@gmail.com

Las abejas *Apis mellifera* son importantes insectos polinizadores encargados del mantenimiento de ecosistemas naturales y de la producción agrícola. En los últimos años se han reportado grandes pérdidas de colmenas, siendo la intoxicación con pesticidas una de las causas. La aparición de cultivos resistentes a estos pesticidas, o los efectos perjudiciales en organismos no blanco, han impulsado el uso de moléculas alternativas, como el herbicida glufosinato de amonio (GA) y el insecticida sulfoxaflor (S). Dado que no existen reportes sobre su efecto en abejas, nuestro objetivo fue evaluar el impacto de la exposición crónica a dosis subletales de GA y S en la microbiota intestinal, inmunidad y supervivencia. Se colectaron abejas recién emergidas, se dividieron en grupos y se alimentaron con jarabe con dosis subletales de pesticidas: Ensayo 1: GA 500 µg/ml, GA 50 µg/ml y jarabe sin pesticidas como control. Ensayo 2: S 1 µg/ml, S 0,5 µg/ml, S 0,25 µg/ml, S 0,125 µg/ml y control. A 7 días de exposición se evaluó la composición y diversidad de la microbiota intestinal mediante secuenciación masiva y qPCR, la expresión de genes inmunes mediante RT-qPCR, y la supervivencia de las abejas. La exposición crónica a dosis subletales de GA y S disminuyó la supervivencia de las abejas, alteró la microbiota intestinal y la expresión de diferentes genes vinculados a la

inmunidad individual y social. Estos resultados demuestran el impacto negativo de los pesticidas en la salud de las abejas y son útiles para entender las causas de las pérdidas de colmenas.

Palabras clave: inmunidad, pesticidas, microbiota

136

***Escherichia coli* resistentes a cefalosporinas de tercera generación aisladas de equinos de Uruguay**

Luce Cecilia³; Coppola Nadia¹; Ríos Cristina³; Cansela Guillermo²; Bado Ines¹; Vignoli Rafael¹

¹Departamento de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República

²Veterinario de libre ejercicio de la profesión

³Departamento de Salud Pública, Unidad Salud Pública Veterinaria, Facultad de Veterinaria

La resistencia a antimicrobianos (RAM) es un problema creciente a nivel mundial. Las cefalosporinas de tercera generación (C3G) son consideradas antibióticos de importancia crítica para la medicina humana según la OMS. En Uruguay, se ha evidenciado la circulación de enterobacterias portadoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) (CTX-M-15, CTX-M-55, CTX-M-2, CTX-M-8) en diferentes sistemas productivos (aves, cerdos y bovinos). Sin embargo, hasta el momento no se ha estudiado en equinos la circulación de *Escherichia coli* con BLEE. En este estudio se buscó determinar la presencia de *E. coli* resistente a C3G aisladas de muestras fecales de equinos del hipódromo de Maroñas de Uruguay. Se muestrearon 21 equinos pura sangre de carrera en competición. Se realizó la búsqueda *E. coli* resistentes a C3G mediante aislamiento en medio suplementado con ceftriaxona (CRO), se identificaron por Maldi-Tof, se determinaron los perfiles de resistencia por disco difusión y la búsqueda de los genes de RAM por medio de estudios moleculares. 3/21 equinos presentaron *E.coli* productoras de BLEE.

Se trabajó con 5 *E.coli* en las cuales se observó que todas eran portadoras de *bla*_{CTX-M-15}. 1/5 fue resistente a ciprofloxacina, 4/5 a trimetoprim sulfametoxazol y 5/5 a gentamicina. Si bien estos son estudios preliminares, ya se evidencia la circulación de BLEE en equinos de competición de nuestro país, junto con resistencia a otras familias de antibióticos, reafirmando la importancia del término "Una Salud" por la posibilidad de transmitir de equinos a humanos bacterias con potencial zoonótico portadoras de BLEE.

Palabras clave: resistencia, equinos, BLEE

137

Mejora en la detección y clasificación de plásmidos a partir de ensamblados fragmentados y completos

Giménez, Matías^{1,2,3}; Ferrés, Ignacio^{1,3}; Iraola, Gregorio^{1,3,4,5}

¹Laboratorio de Genómica Microbiana, Institut Pasteur Montevideo

²Laboratorio de Microbiología Molecular, Depto. BIOGEM, Instituto Investigaciones Biológicas Clemente Estable

³Centro de Innovación en Vigilancia Epidemiológica, Institut Pasteur Montevideo

⁴Wellcome Sanger Institute, Hinxton, Cambridge, United Kingdom

⁵Centro de Biología Integrativa, Universidad Mayor, Santiago de Chile

Los plásmidos son elementos genéticos móviles que cumplen un rol muy importante en la adaptación de bacterias. El estudio de plásmidos a partir de datos de secuenciación presenta algunos desafíos que derivan de la fragmentación de *contigs* generados a partir de lecturas cortas. Esto determina la necesidad de discriminar entre *contigs* derivados de secuencias plasmídicas o cromosómicas.

A pesar de que actualmente las tecnologías de secuenciación de lecturas largas permiten obtener replicones completos, aún persiste la necesidad de diferenciar plásmidos de otros elementos genéticos circulares. En este trabajo presentamos plaSquid, una herramienta que expande la detección de plásmidos y mejora los esquemas de clasificación en tipos de replicones y grupos de movilidad, tanto en sensibilidad como en precisión, respecto a otras herramientas disponibles. Cuando utilizamos plaSquid para analizar cerca de 10.5 millones de *contigs* metagenómicos, los resultados revelaron un incremento de 2.7 veces en la diversidad filogenética de plásmidos.

Asimismo, utilizamos plaSquid para observar el rol de los plásmidos en la distribución de genes de resistencia a antibióticos en diferentes ambientes, desde ciudades a estaciones espaciales. En resumen, presentamos una aproximación mejorada para el estudio de la biología de plásmidos a partir de ensamblados genómicos y metagenómicos, tanto circularizados como fragmentados.