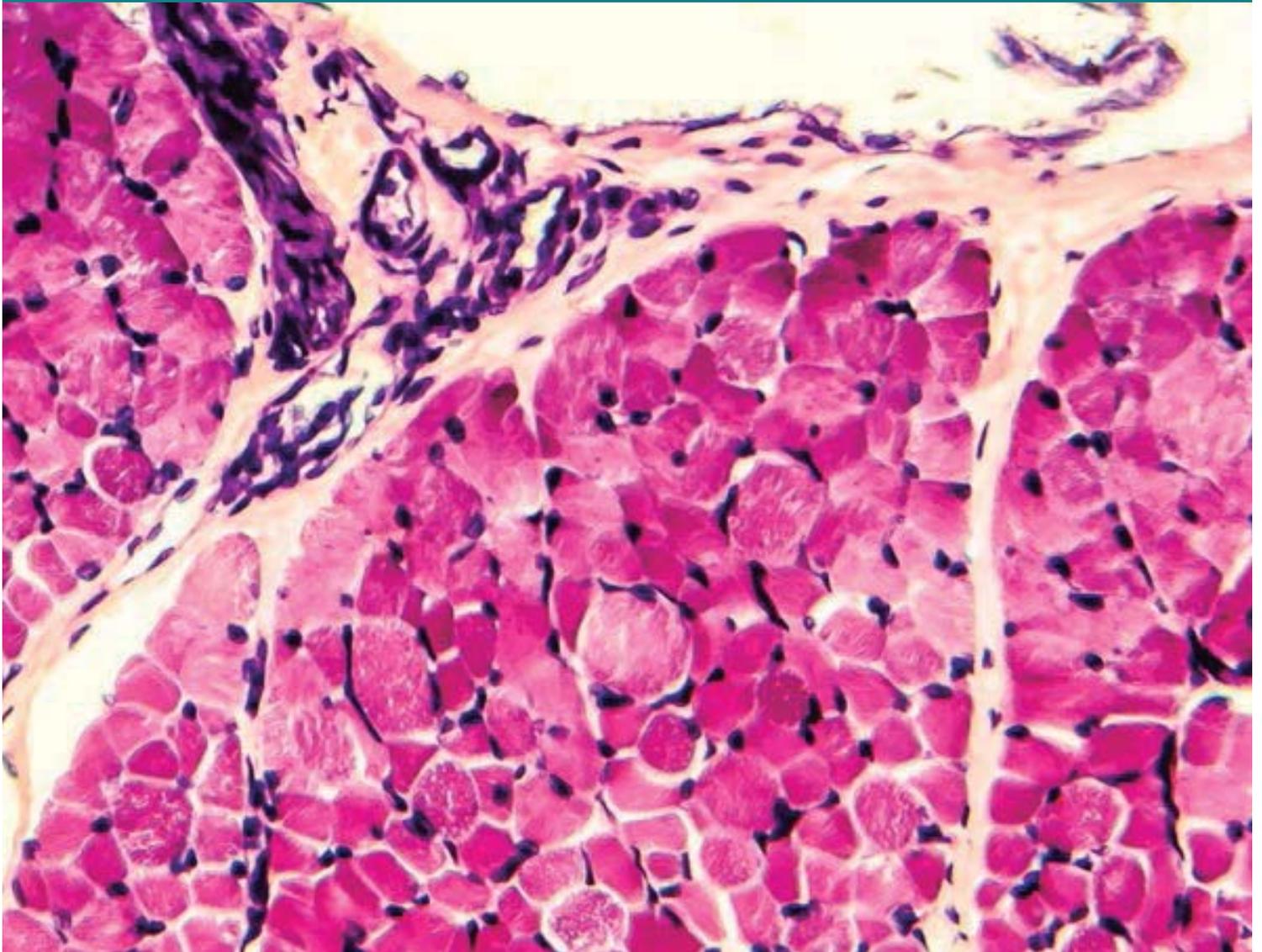


# Physiological Mini Reviews

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

**15**  
Volume



**Vol. 15**, October, 2022  
ISSN 1669-5410 (Online)  
[pmr.safisiol.org.ar](http://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

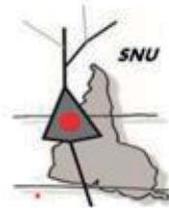
VII Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética

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



y de hongos septados oscuros (*DSE*). Los datos se analizaron ajustando un MLGM. La colonización micorrízica disminuyó al aumentar el fósforo para todas las especies, excepto *C. aggregatus*. Todas las especies presentaron hifas de *DSE*, en *A. bicolor* la colonización fue significativamente superior en el nivel intermedio, mientras que para *B. genistelloides* disminuyó al aumentar el P. La especie con mayor colonización micorrízica y de *DSE* fue *P. notatum* y la menos micorrizada *C. aggregatus*. La colonización micorrízica varió entre especies y nivel de P, mientras que el efecto en los *DSE* dependió de la especie. Para estudiar la comunidad fúngica, se amplificó y secuenció la región ITS2 en muestras de raíces. El preprocesamiento de datos se realizará utilizando DADA2 y UNITE para asignación taxonómica. Se estudiará la diversidad e identificarán taxas diferencialmente representadas.

**Palabras clave:** micorrizas; campo natural; plasticidad; fósforo; *DSE*

## 241

**Análisis de la producción de biofilms en cepas de *Staphylococcus aureus* causantes de infecciones invasivas en niños**  
**Br. Parnizari Andrés**<sup>1</sup>; **Dra. Mota Inés**<sup>1,2</sup>; **Lic Reyes Natalia**<sup>1</sup>; **Dra Robino Luciana**<sup>1</sup>; **Dr Varela Gustavo**<sup>1</sup>; **Dra. Pardo Lorena**<sup>1-3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Bacteriología y Virología, Facultad de Medicina, Universidad de la República

<sup>2</sup>Laboratorio de Microbiología del Centro Hospitalario Pereira Rossell, Administración de los Servicios de Salud del Estado

<sup>3</sup>Clínica Pediátrica "C", Facultad de Medicina, Universidad de la República

**Introducción:** Se ha estudiado en *S. aureus* la capacidad de producir biopelículas. Estas estructuras protegen a los microorganismos de condiciones hostiles, como la temperatura, escasez de nutrientes, humedad, células del sistema inmune y de algunos fármacos.

**Objetivo:** Estudiar la producción de *biofilms* en aislamientos de *S. aureus* provenientes de infecciones invasivas en menores de 15 años asistidos en el Hospital Pereira Rossell desde 2011 al 2017.

**Materiales y métodos:** Se estudiaron 52 aislamientos. Se determinó la susceptibilidad antibiótica por VITEK 2 y la presencia del gen *mecA* por PCR. Se tipificó el SCC*mec* cuando correspondía según Kondo. Se analizaron el tipo de infección, ingreso a cuidados intensivos (UCI) y complicaciones. Se buscaron genes de virulencia. Se analizó el *biofilm* con réplicas técnicas y biológicas según Villegas y col y se clasificaron en débiles, moderadas o fuertemente formadoras.

**Resultados:** Se estudiaron 52 aislamientos de los cuales 67% corresponden a bacteriemias. Veintidos (42%) fueron meticilino resistentes (SAMR) y portaron el gen *mecA*. Portaron el SCC*mec* tipo IV 15 aislamientos. Asociaron resistencia a otros antibióticos 4 cepas. Presentaron TSST 14% y PVL 15%. Ingresaron a UCI 7 pacientes. Del total, formaron *biofilm* 37 (71%): débilmente 14, moderadamente 20 y fuertemente 3. Estas últimas no se asociaron con la topografía de las infecciones, ni con la evolución. De las no formadoras de *biofilm* (15), 9 fueron SAMR.

**Conclusiones:** Se documentó la capacidad de formar biofilms pero es necesario profundizar en estos hallazgos para dilucidar su rol en las infecciones en niños.

**Palabras claves:** *S. aureus*, biofilms, meticilino resistencia

## 242

**Desarrollo de metodologías para el estudio de la prevalencia de bacterias patógenas para los seres humanos en frutas y hortalizas de Uruguay**

**Ernst, Deborah**<sup>1</sup>; **Yim, Lucía**<sup>2</sup>; **Rufo, Caterina**<sup>3</sup>; **Ibáñez, Facundo**<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Área Agroalimentos, INIA Las Brujas

<sup>2</sup>Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, UdelaR

<sup>3</sup>Instituto Polo Tecnológico de Pando, Facultad de Química, UdelaR

<sup>4</sup>Área Agroalimentos, INIA Las Brujas

Las Frutas y Hortalizas fundamentales en una dieta sana y nutritiva, son responsables de un creciente número de casos de enfermedad causados por bacterias patógenas a nivel mundial. Los patógenos de mayor relevancia son *Salmonella* spp., *Escherichia coli* formadora de toxinas Shiga (STEC) y *Listeria monocytogenes*. En nuestro país, el control y prevención del consumo de productos contaminados es limitado principalmente por el alto costo de los métodos de detección. En este trabajo se propuso implementar una metodología de detección por High Resolution Melting (HRM), antecedida por PCR en Tiempo Real (PCR-RT), como una alternativa sensible y de bajo costo que permita detectar los tres patógenos simultáneamente. Se seleccionaron de literatura 28 pares de cebadores con características adecuadas de selectividad y especificidad, que generen amplicones menores a 300 pares de base y

%GC entre 30 y 80%. Se determinó la temperatura de disociación práctica para cada par de cebadores y se seleccionaron aquellos que distaran más de 2°C entre sí para permitir la identificación de cada patógeno. Finalmente se seleccionó una combinación de 7 pares de cebadores incluyendo un control interno para utilizar en una misma reacción. Se realizaron ajustes de las concentraciones de MgCl<sub>2</sub>, de cebadores y del número de ciclos de la reacción. En conclusión, este trabajo generó los insumos necesarios para implementar la detección simultánea en una única reacción de PCR-RT seguida de HRM de *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp., 4 genes de STEC junto a un par de cebadores que opera como control interno de la reacción.

**Palabras clave:** enfermedades transmitidas por alimentos, frutas y hortalizas contaminadas, detección de patógenos, High Resolution Melting

248

#### Arqueas involucradas en la producción de biogás en reactores industriales de bebidas

**Cecilia Callejas**<sup>1</sup>; **Alina Méndez**<sup>1</sup>; **Iván López**<sup>1</sup>; **Liliana Borzacconi**<sup>1</sup>

<sup>1</sup>BIOPROA, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República

La digestión anaerobia es el proceso biológico responsable de la producción de biogás (mayoritariamente CO<sub>2</sub> y CH<sub>4</sub>) y una biotecnología aplicada al tratamiento de residuos industriales líquidos y sólidos con alta carga orgánica. Este proceso se sostiene sobre una comunidad microbiana anaerobia que funciona concertadamente para degradar la materia orgánica compleja presente en los residuos tratados. La formación de metano es catalizada exclusivamente por arqueas metanogénicas, estas se pueden agrupar por distintos criterios, entre ellos el filogenético y el energético. Este último comprende arqueas i) hidrogenotróficas (utilizan H<sub>2</sub>/ formato y CO<sub>2</sub>), ii) metilotróficas (utilizan compuestos metilados) o iii) acetogénicas (utilizan acetato). Asimismo, la formación de metano en reactores se da principalmente por la vía acetoclástica, sin embargo si esta vía se encuentra inhibida por algún motivo, la metanogénesis podría darse por la vía hidrogenotrófica. En este trabajo se plantea conocer la estructura filogenética de la comunidad microbiana presente en tres reactores industriales de efluentes líquidos y especular la vía de formación de metano. Se secuenciaron librerías de amplicones del gen de rARN de 16S con primers específicos para arqueas y bacterias empleando ADN y cADN como molde. Se compararon las abundancias de las bibliotecas de ADN y cADN para especular acerca de los miembros más activos y se compararon los resultados con actividades metanogénicas específicas con acetato o H<sub>2</sub>/ formato y CO<sub>2</sub> como sustrato. Debido a que no se conoce con profundidad si la metanogénesis hidrogenotrófica es robusta o por el contrario, vulnerable a la desestabilización del reactor a largo plazo o frente a un shock de carga orgánica, es necesario primero generar información que apoye los resultados de actividad metanogénica para confirmar nuestra hipótesis.

**Palabras clave:** biogás, arqueas, rARN de 16S

252

#### Dilucidando el impacto del sistema inmune en el moldeado de genomas de arbovirus

**Simón, Diego**<sup>1,2,3</sup>; **Megrián, Daniela**<sup>4</sup>; **Paz, Mercedes**<sup>1,2,5</sup>; **Ferreiro, Irene**<sup>1,2</sup>; **Pereira-Gómez, Marianoel**<sup>1,2</sup>; **Fajardo, Álvaro**<sup>1,2</sup>; **Musto, Héctor**<sup>3</sup>; **Moreno, Pilar**<sup>1,2,5</sup>; **Moratorio, Gonzalo**<sup>1,2,5</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Virología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay

<sup>2</sup>Laboratorio de Evolución Experimental de Virus, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay

<sup>3</sup>Laboratorio de Genómica Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay

<sup>4</sup>Microbiologie Structurale, Institut Pasteur, CNRS UMR 3528, Université de Paris, Francia

<sup>5</sup>Centro de Innovación en Vigilancia Epidemiológica, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay

Los arbovirus se mantienen en la naturaleza cumpliendo un ciclo entre un vertebrado y un vector artrópodo. Vertebrados y artrópodos están separados por más de seiscientos millones de años de evolución. Esta divergencia se manifiesta, por ejemplo, en importantes diferencias en sus sistemas inmunes. Para este trabajo se incluyeron diferentes arbovirus y virus específicos de insectos, y sus principales hospederos y/o vectores. A partir de abordajes computacionales hemos estudiado su composición genómica, donde se evidencian patrones distintivos entre ambos tipos de ciclos replicativos. Los pares de citosina y guanina unidos por enlaces fosfodiéster (CpG) son firmas genómicas relevantes. Los arbovirus están empobrecidos en CpG, en contraste con la alta frecuencia observada en virus que infectan exclusivamente insectos. Aún cuando los vectores artrópodos presentan heterogeneidad en sus