



XXI JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGÍA

**AVANCES Y DESAFÍOS EN
“UNA SOLA SALUD”**

LIBRO DE RESÚMENES

XXI JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGÍA. 2025

FILIAL NEA

ASOCIACIÓN ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA

JUEVES 06 Y 07 DE NOVIEMBRE DEL AÑO 2025
SALÓN AUDITORIO. FACULTAD DE CIENCIAS ECONÓMICAS
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL NORDESTE
CIUDAD DE RESISTENCIA CHACO- ARGENTINA

COMITÉ ORGANIZADOR

Presidente: Florencia Rojas

Vicepresidente: Natalia Ruiz Díaz

Secretaria: María de los Ángeles Sosa

Tesorera: Patricia Alegre

Comité Científico: Luis Corredor Sanguña, Mariana Carol Rey, Patricia Arrieta, Griselda Oria, Cecilia Castro, Luciana Daniela Córdoba.

Comunicación y Prensa: Patricia Alegre.

Colaboradores: Laura Ramos, Eugenia Giménez, Liliana Alegre.

Comité editor: Florencia Dinorah Rojas, Luis Corredor Sanguña, Luciana Daniela Córdoba.

Asociación Argentina de Microbiología

XXI Jornadas Argentinas de Microbiología: avances y desafíos en una sola salud;
Compilación de Florencia Rojas. - 1a ed. - Ciudad Autónoma de Buenos Aires:
Asociación Argentina de Microbiología; Chaco: Luis Corredor Sanguña; Chaco:
Luciana Daniela Córdoba, 2026.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga

ISBN 978-987-48458-7-0

1. Microbiología. I. Rojas, Florencia, comp.

CDD 579.0282

ISBN 978-987-48458-7-0



ÍNDICE

PROGRAMA CIENTÍFICO JAM 2025	PÁG. 1 - 4
RESÚMENES DE DISERTACIONES	PÁG. 5 - 20
<u>RESÚMENES</u>	
EJE 1. RESISTENCIA ANTIMICROBIANA	PÁG. 21 - 33
EJE 2. SALUD AMBIENTAL	PÁG. 34 - 40
EJE 3. INFECCIONES VECTORIALES	PÁG. 41 - 43
EJE 4. ENFERMEDADES ZONÓTICAS EMERGENTES	PÁG. 44 - 48
EJE 5. PARASITOSIS ENDÉMICAS	PÁG. 49 - 56
EJE 6. EPIDEMIOLOGIA, VIGILANCIA Y PREVENCIÓN	PÁG. 57 - 61
EJE 7. INNOVACIÓN EN EPIDEMIOLOGIA	PÁG. 62 - 66
EJE 8. DIAGNOSTICO MICROBIOLÓGICO	PÁG. 67 - 81
EJE 9. EDUCACIÓN Y SENSIBILIZACIÓN	PÁG. 82 - 84

PROGRAMA CIENTÍFICO JAM 2025

JUEVES 6 DE NOVIEMBRE

08:00. Acreditaciones

08:30. Palabras de Bienvenida.

Dra. Florencia Rojas (*Presidente JAM 2025*) – **Esp. Natalia Ruiz Díaz** (*Presidente Filial NEA-AAM*)

9:00. CONFERENCIA DE APERTURA. RESISTENCIA ANTIMICROBIANA BAJO EL ENFOQUE DE UNA SOLA SALUD.
Coordinadora: Bioq. Patricia Alegre

Dr. Diego Faccone. Biotecnólogo. Investigador Adjunto CONICET Instituto ANLIS Malbrán. Bs As.

10:20. MESA REDONDA I. RESISTENCIA ANTIMICROBIANA: UNA AMENAZA SILENCIOSA. *Coordinador: Dr. Luis Merino*

“Infecciones multirresistentes en hospitales: una batalla diaria en las salas de internación”

Dr. Fernando Achinelli. Medico Clínico Infectólogo. Hospital Angela Iglesia de Llano. Corrientes.

“Enterobacteriales resistentes a colistina en animales de producción del NEA: vigilancia genómica y abordaje Una Salud”

Dr. Juan Pellegrini. Bioquímico del Área Bacteriología del Hospital Pediátrico Juan Pablo II. Corrientes.

“Resistencia antimicrobiana en patologías regionales: datos, desafíos y prioridades sanitarias”

Dra. Laura Lescano. Medica Infectóloga. Médica del Staff CLINIQ–Cordis. Chaco.

11:30. BREAK.

12:00. MESA REDONDA II. SALUD AMBIENTAL I. “MICROBIOLOGÍA DEL AGUA: RIESGOS INVISIBLES EN ENTORNOS ACUÁTICOS”. *Coordinadora: Bioq. Nancy Román*

“Vigilancia ambiental de virus: una herramienta complementaria a la vigilancia clínica”

Dra. María Belén Pisano. Bioquímica. Investigadora adjunta de CONICET. Subdirectora del Instituto de Virología "Dr. Vanella". Córdoba.

“Microbiota intestinal de peces como herramienta de vigilancia: bacterias resistentes como indicadores de contaminación ambiental”

Dra. Valeria Amable. Médica Veterinaria, Profesora de la UNNE, Especialista en Bacteriología Clínica. Corrientes.

“Calidad Microbiológica del agua en reservorios domiciliarios: monitoreo y desafíos para la salud pública”

Dra. Silvina Lösch. Bioquímica. Jefa del Laboratorio de Aguas de la Administración Provincial del Agua del Chaco. Investigadora Área Bacteriología del Instituto de Medicina Regional UNNE. Chaco.

13:00. RECORRIDA DE e-POSTER/PRESENTACIONES ORALES

13:30. Hora Libre

14:30. MESA REDONDA III. SALUD AMBIENTAL II. "SUELOS VIVOS Y LA EVIDENCIA DE UNA SOLA SALUD".
Coordinadora: Ing.Agr. (Mter) Julieta Rojas

"Microbiología del suelo y salud ambiental: una alianza esencial"

Dr. Luis Wall. Investigador Superior del CONICET. Profesor Titular en la Universidad Nacional de Quilmes. La Plata - Buenos Aires.

"Bioinsumos: la microbiología como herramienta para una producción sostenible"

Dra. Débora Radovancich. Bioquímica y Docente. Esp en Ing. Gerencial. Magíster en Gestión de la Ciencia y de la Innovación. Formosa

"De la microbiología al manejo sustentable: experiencias locales en los suelos chaqueños"

Ing. Agr. (Mter) Cristina Ester Sotelo. Instituto Agrotécnico "Pedro M. Fuentes Godo" - UNNE. Chaco.

Ing. Agr. (Mter) Sebastian Carnier. Instituto Agrotécnico "Pedro M. Fuentes Godo" – UNNE. Chaco.

15:50. MESA REDONDA IV. SALUD AMBIENTAL III. ESTRATEGIAS INTEGRADAS DE DIAGNOSTICO, PREVENCIÓN Y ACCIÓN. *Coordinadora: Bioq. Patricia Esquivel*

"Salud ambiental y la educación en el contexto de las zoonosis parasitarias"

Dra. María Francisca Milano. Profesora en Biología. Licenciada en Zoología. Docente Investigadora FACENA- UNNE. Corrientes

"Estrategias de vigilancia activa de las Enfermedades tropicales desatendidas que afectan piel: del campo al dato científico"

Dr. José Pereyra Brunelli. Bioquímico. Diplomado en Micología Medica Instituto Pasteur Francia y Universidad Nacional Autónoma de México. Especialista en bacteriología clínica de la UNNE. Paraguay.

"Paracoccidioidomicosis. Desafíos y abordaje fuera y dentro del entorno endémico"

Dr. Gustavo Giusiano. Bioquímico. Docente e Investigador principal CONICET. Área Micología IMR- UNNE.

17:00. BREAK.

17:30. MESA REDONDA V. ENFERMEDADES ZOOTICAS EMERGENTES Y DESATENDIDAS. *Coordinadora: Dra. Valeria Amable*

"Una Salud, Múltiples Desafíos: Brucelosis Caprina en el Impenetrable Chaqueño"

Dra. Nolly Monzón. Veterinaria. Investigadora CONICET. Fac. de Ciencias Veterinarias. UNNE-Corrientes.

"El rol de los primates silvestres en la detección temprana de enfermedades infecciosas emergentes"

Dr. Martín Kowalewski. Biólogo, Antropólogo e Investigador Principal CONICET. Estación Biológica Corrientes (CECOAL- CONICET-UNNE)

"Estudio integral de la infección humana por toxocara: aspectos inmunológicos, epidemiológicos y socioambientales"

Dra. Viviana Bojanich. Bioquímica. Docente e Investigadora. Área Inmunología IMR- UNNE.

18.30. MINICONFERENCIA. ZONOSIS FUTURAS: NUEVAS RUTAS, NUEVAS RESPUESTAS. *Coordinadora: Esp. Bact. Yanina Calza.*

Dr. Gustavo Fernández. Profesor e Investigador en Parasitología Humana. FACENA UNNE. Área Parasitología IMR-UNNE.

VIERNES 7 DE NOVIEMBRE

9:00. CONFERENCIA. IMPACTO CLÍNICO Y UTILIDAD DEL PANEL GASTROINTESTINAL DE FILMARRAY. *Coordinadora: Esp. Bact. Patricia Arrieta.*

Dr. Rolando Soloaga. Docente. Investigador. Asesor Científico BioMérieux y del Hospital Naval. Buenos Aires.

10:30. MESA REDONDA VI. EL LABORATORIO DE MICROBIOLOGIA AL SERVICIO DE UNA SOLA SALUD. *Coordinadora: Mgter. Cristian Alvarez*

"Del Genoma al Ecosistema: la Biología Molecular como parte de una estrategia integradora en Una Sola Salud"

Dr. Gerardo Deluca. Bioquímico. Docente e Investigador Facultad de Medicina UNNE. Director del (CEM) Chaco.

"Detección de micosis endémicas: avances desde el laboratorio"

Dr. Javier Mussin. Bioquímico. Investigador CONICET. Área de Micología IMR- UNNE.

"El laboratorio de bacteriología clínica: su rol en la vigilancia y control de infecciones"

Mgter. Laura Peña. Bioquímica. Laboratorio de Microbiología Instituto de Cardiología de Corrientes.

11:30. BREAK.

12:00. MESA REDONDA VII. INNOVACIÓN EN MICROBIOLOGÍA DESDE LA PERSPECTIVA DE UNA SOLA SALUD. *Coordinador: Bioq. Patricia Alegre*

"Genómica y Bioinformática: Secuenciación de genomas y metagenomas para aplicaciones desde la industria a la salud"

Dr. Ariel Amadio. Biotecnólogo. Investigador Independiente CONICET. Instituto de investigación de la cadena láctea (IDICAL, CONICET-INTA). Rafaela, Santa Fe.

"Diagnostic Stewardship (PRODIN): optimización de los recursos del laboratorio e impacto en el manejo de las infecciones"

Dr. Rolando Soloaga. Docente. Investigador. Asesor Científico BioMérieux y del Hospital Naval. Bs As.

"Repensando el diagnóstico microbiológico: nuevas fronteras con MALDI-TOF e IR"

Mter. Karina Roitman. Bioquímica de la UNLP. Especialista clínico de BD

13:00. RECORRIDA DE e-POSTER/PRESENTACIONES ORALES.

13:30. LIBRE.

14:30. MESA REDONDA VIII. ECOEPIDEMIOLOGIA DE INFECCIONES VECTORIALES. *Coordinador: Dra. Enrique Szelak*

"Arbovirus: interacción vector-huésped y perspectivas de investigación en la región"

Dra. Griselda Oria. Bióloga. Docente e Investigadora Área Entomología. Instituto De Medicina Regional-UNNE.

"Leishmaniasis y sus vectores: distribución, comportamiento y riesgo en ambientes modificados"

Dr. Juan Rosa. Médico. Docente e Investigador Área Entomología. Instituto De Medicina Regional-UNNE.

"Diagnóstico molecular de infecciones por *Anaplasmataceae* transmitidas por garrapatas: aportes desde la medicina veterinaria al concepto Una Salud2

Dra. Lorena Mansilla. Veterinaria. Investigadora CONICET. Estación Experimental Agropecuaria. INTA Colonia Benítez. Chaco.

16:00. MESA REDONDA IX. VIGILANCIA Y PREVENCIÓN DE INFECCIONES VECTORIALES. *Coordinadora: Dra. Griselda Oria*

"Epidemiología de las arbovirosis en Corrientes en el marco de una salud"

Dra. Meza Elba. Subdirectora de Vigilancia Epidemiológica MSP Corrientes.

"Plan estratégico de prevención, control y contención de dengue, zika y Chikunguña en la provincia de Formosa"

Dra. Claudia Rodríguez. Directora de Epidemiología de Formosa.

"Chagas agudo en la Provincia de Misiones: situación actual"

Dra. Aylin Prieto. Bioquímica. Laboratorio de Alta complejidad de Misiones. Laboratorio Químico de la Dirección General de Policía Científica. Área forense. Misiones.

"Situación epidemiológica de las Arbovirosis en Chaco"

Dra. María Elisa Flores. Directora del área de Epidemiología del Ministerio de Salud del Chaco.

17:30. BREAK.

18:00. CONVERSATORIO. SOBRE LECCIONES APRENDIDAS. *Coordinadora: Dra. María de Los Ángeles Sosa.*

"Que sabemos sobre el dengue, y su mosquito vector"

Dra. Marina Stein. Bióloga. Docente Investigadora Principal CONICET. IMR- UNNE.

"La resiliencia humana ante el coronavirus"

Bqca. Natalia Ruiz Díaz. Especialista en Virología Clínica. Laboratorio Central de Corrientes

"RAM ¿hacemos lo suficiente?"

Bqca. Mariana Carol Rey. Especialista en Bacteriología Clínica. Docente en FACENA UNNE. Especialista en Ingeniería en Calidad. Servicio de Microbiología del Hospital Perrando. Chaco.

"Tecnología y Salud: Respuestas Estratégicas a los Retos Actuales"

Dr. Gerardo Deluca. Bioquímico. Docente e Investigador. Facultad de Medicina UNNE. Director del CEM. Chaco.

19.00. PALABRAS DE DESPEDIDA.

Dr. Luis Antonio Merino. Bioquímico. Director Docente e Investigador Área Bacteriología IMR-UNNE. Chaco

RESÚMENES

DISERTACIONES

CONFERENCIA. RESISTENCIA ANTIMICROBIANA BAJO EL ENFOQUE DE UNA SOLA SALUD

Dr. Diego Faccone. Servicio Antimicrobianos, Laboratorio Nacional y Regional de Referencia en RAM, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán "; (2) CONICET

La salud de las personas, los animales y los ecosistemas está estrechamente interrelacionada. El enfoque de «Una Sola Salud» busca integrar las áreas de salud humana, animal y ambiental, fortaleciendo la colaboración, comunicación y coordinación entre estos sectores¹. Las infecciones causadas por bacterias multiresistente reducen las opciones de tratamientos y aumenta la morbi-mortalidad del paciente infectado. La resistencia antimicrobiana (RAM) es una problemática creciente, y se estima que en el año 2021 estuvo asociada a unos 4,71 millones de muertes². En mayo de 2015, durante la 68ª Asamblea Mundial de la Salud se lanzó el Plan de Acción Mundial contra la RAM, que exige a cada Estado miembro a desarrollar su Plan de Acción Nacional contra la RAM. Además, se constituyó una alianza estratégica para trabajar en esta área entre la Organización Mundial de la Salud (OMS), la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA), y la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO), a la cual recientemente se unió el Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente. La pandemia de COVID-19 solo agravó esta situación, principalmente en países de ingresos bajos y medios.

En bacterias, la RAM puede emerger por la adquisición de mutaciones cromosómicas y/o por la adquisición de ADN exógeno, dando lugar a bacterias resistentes. La diseminación de la RAM ocurre no solo por la transferencia horizontal de genes, sino también por la propagación de clones resistentes exitosos. Se han detectado genes de resistencia y/o bacterias resistentes a los antimicrobianos en todo lugar donde se haya buscado, incluyendo humanos sanos, animales de producción, mascotas, efluentes comunitarios e industriales, como así también en ambientes de bajo impacto antropogénico.

Escherichia coli, es una bacteria comensal y oportunista que está presente tanto en humanos como animales, y que también puede ser recuperada de muestras ambientales, incluyendo agua, suelo y alimentos contaminados. *E. coli* actúa como reservorio y transmisor de RAM, ya que puede incorporar y transferir plásmidos, transposones y otros elementos genéticos móviles que transportan genes de resistencia. Estas características, junto con la disponibilidad de métodos accesibles y estandarizados para su aislamiento, identificación y pruebas de sensibilidad, hacen que *E. coli* sea el mejor indicador para la vigilancia integrada de la RAM. La implementación de un sistema de vigilancia integrada, incluyendo humanos, animales de producción, animales de compañía y ambiente, permitirá tener parámetros comparables entre los distintos sectores, y diseñar estrategias óptimas para el control de la RAM.

En definitiva, el enfoque de 'Una Sola Salud' requiere la integración de los ámbitos de la salud humana, animal y ambiental, promoviendo la comunicación, la colaboración, la coordinación y el fortalecimiento de las capacidades multisectoriales, tanto a nivel local, nacional como internacional.

REFERENCIAS

- 1- Defining and combating antibiotic resistance from One Health and Global Health perspectives. Hernando-Amado S., Coque T.M., Baquero F., Martínez J.L. Nature Microbiology.2019; 4:1432–1442. <https://doi.org/10.1038/s41564-019-0503-9>
- 2- Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. Antimicrobial Resistance Collaborators. Lancet 2022; 399: 629–55. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0)

MESA REDONDA I. RESISTENCIA ANTIMICROBIANA: UNA AMENAZA SILENCIOSA

Infecciones multirresistentes en hospitales: una batalla diaria en las salas de internación.

Dr. Fernando Achinelli. Medico Clínico Infectólogo. Hospital Angela Iglesia de Llano. Corrientes.

Los microorganismos multirresistentes (OMR) constituyen uno de los mayores desafíos actuales en la atención sanitaria. Se definen como aquellos que presentan resistencia adquirida a múltiples familias de antimicrobianos. Las consecuencias son: el aumento de la morbimortalidad, la estancia hospitalaria y los costos asistenciales. La lista de patógenos prioritarios de la OMS aborda la resistencia a los antimicrobianos y guiar la investigación y el desarrollo.

Importancia del Manejo Hospitalario: El manejo de los OMR en los hospitales argentinos se basa en una estrategia integral de control de infecciones y optimización antimicrobiana, que combina intervenciones epidemiológicas, microbiológicas y terapéuticas:

1. Vigilancia epidemiológica activa
2. Precauciones de aislamiento
3. Higiene de manos
4. Limpieza y desinfección ambiental
5. Programas de optimización de antimicrobianos (PROA)
6. Capacitación continua

Recomendaciones OMS (2017):

Vigilancia Activa de Infección por Superbacterias.

Reconocer la Colonización por Enterobacterias productoras de Carbapenemasa usualmente precede o es co-existente con Infección por Superbacterias.

Esto ayuda a identificar pacientes con el mayor riesgo de infección por EPC así como permitir la intervención temprana de medidas del PCI para prevenir transmisión a otros pacientes o al ambiente hospitalario.

Los laboratorios de Microbiología deben identificar la resistencia a carbapenem de rutina para garantizar el reconocimiento preciso y oportuno de superbacterias.

Vigilancia de la infección por superbacterias permite definir la epidemiología local, identificar patrones y asignar recursos a áreas de necesidad.

Los Programas de optimización de antimicrobianos son un componente esencial de la seguridad del paciente y la calidad asistencial. Busca maximizar la eficacia clínica, minimizar la resistencia antimicrobiana y reducir costos innecesarios, integrando las “4 D”:

Droga correcta, Dosis correcta, Desescalada adecuada, Duración correcta

Impactos comprobados: reducción del uso de antibióticos en 20–50 %, menores costos, menos eventos adversos, menos *C. difficile* e infecciones asociadas al cuidado de la salud.

Conclusiones: El manejo hospitalario de OMR se basa en una estrategia integral de control de infecciones y optimización antimicrobiana. Los ejes centrales de este manejo radican en la vigilancia epidemiológica activa y precauciones de aislamiento, higiene de manos, limpieza y

desinfección ambiental, programas de optimización de antimicrobianos y capacitación continua. La batalla diaria en los hospitales debe tener un enfoque integral desde la mirada de “UNA SALUD”.

Bibliografía:

1. World Health Organization (WHO). *Bacterial Priority Pathogens List (BPPL) 2024.* Geneva: WHO; 2024. Disponible en: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240093461>
2. The Lancet Infectious Diseases. *Global priority list of antibiotic-resistant bacteria 2024 update.* Lancet Infect Dis. 2024; doi:10.1016/S1473-3099(25)00118-5.
3. PubMed: WHO Bacterial Priority Pathogens List 2024. PMID: 40245910.
4. Organización Panamericana de la Salud (OPS). *Resistencia a los antimicrobianos y vigilancia en América Latina y el Caribe.* OPS/OMS 2024.
5. Ministerio de Salud de la Nación Argentina. *Plan Nacional de Contención de la Resistencia a los Antimicrobianos.* Actualización 2024.
6. Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa in health care facilities. Geneva: World Health Organization; 2017.
7. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Alerta Epidemiológica: Emergencia e incremento de nuevas combinaciones de carbapenemasas en Enterobacterales en Latinoamérica y el Caribe. 22 de octubre 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021.

MESA REDONDA II. SALUD AMBIENTAL I. “MICROBIOLOGÍA DEL AGUA: RIESGOS INVISIBLES EN ENTORNOS ACUÁTICOS”

Vigilancia ambiental de virus: una herramienta complementaria a la vigilancia clínica.

Dra. María Belén Pisano. Bioquímica. Investigadora adjunta de CONICET. Subdirectora del Instituto.

La vigilancia ambiental de virus hace referencia a la detección sistemática de estos agentes en muestras del ambiente, como aguas, alimentos, suelo, etc. Dentro de esta área, la epidemiología basada en aguas residuales (*wastewater-based epidemiology* o WBE, por sus siglas en inglés) es un método que implica la detección y análisis de virus en las aguas residuales para recopilar información sobre la salud pública. Existen más de un centenar de grupos virales que son excretados por personas infectadas –con o sin síntomas– a través de sus heces y/u orina, que pueden ser detectados en las descargas que convergen en las plantas de tratamiento cloacal. La WBE ha demostrado ser una herramienta valiosa para monitorear la circulación de agentes virales en una comunidad, permitiendo: a)-monitorear virus prescindiendo de muestras clínicas (detectando excreción proveniente de casos sintomáticos y asintomáticos), b)-complementar datos epidemiológicos (en poblaciones con sistemas de notificación y vigilancia clínica escasa o cuestionable), c)-identificar rápidamente la aparición y propagación de virus (o sus variantes), y d)-predecir la aparición o aumento de casos clínicos. Esto es fundamental para la prevención, intervención y control de enfermedades en la población. La interpretación de esos resultados debe ser realizada siempre en el contexto epidemiológico del período considerado y estar enmarcada en los modelos virales estudiados, considerando si se trata de virus emergentes, bajo programa de vacunación o de circulación endémica. El Instituto de Virología “Dr. Vanella” de la UNC trabaja en la temática desde hace más de una década, realizando detección de diversos virus en aguas residuales de Córdoba. Entre ellos, se realizó vigilancia de SARS-CoV-2 durante la pandemia, permitiendo anticipar el aumento de casos clínicos en la comunidad, detectar el virus por zonas sanitarias en Córdoba capital y describir las variantes circulantes a lo largo del tiempo. Para el virus de hepatitis A (HAV), se realizó una vigilancia de 8 años, proporcionando

una visión general de la circulación viral en la comunidad (independientemente del reporte de casos clínicos), e identificando la introducción de una cepa productora de un brote. En el caso del virus de hepatitis E (HEV), las aguas residuales constituyeron centinelas de la circulación silenciosa del virus, ya que éste fue detectado durante 6 años en cloacas, con notificación sólo de 2 casos clínicos en ese período. La WBE permitió conocer la circulación del virus de hepatitis E de rata (*Roccahepevirus rattii*, HEV-R) en Córdoba, y Argentina, presentando alta frecuencia de detección, abriendo una nueva línea de investigación. En resumen, la WBE fue útil para el monitoreo de virus en el tiempo en la ciudad de Córdoba, conocer la introducción de cepas/variantes/virus y saber si se mantienen circulando, y predecir la aparición o aumento de casos clínicos de algunos virus, posibilitando la toma de decisiones en salud pública.

Palabras clave: virus, epidemiología basada en aguas residuales, virología ambiental

Microbiota intestinal de peces como herramienta de vigilancia: bacterias resistentes como indicadores de contaminación ambiental

Amable, Valeria. Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina.

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) en entornos acuáticos representa una amenaza creciente para la salud ambiental, animal y humana. Los sistemas de monitoreo convencionales, centrados en el análisis de agua o sedimentos, ofrecen información puntual pero no reflejan la exposición biológica sostenida ni las presiones selectivas reales. En este contexto, la microbiota intestinal de peces se propone como un modelo biológico sensible, capaz de integrar y evidenciar la dinámica de resistencia a lo largo del tiempo. El objetivo del estudio fue determinar el valor de la microbiota intestinal de peces como bioindicador de RAM frente al uso de antibióticos en acuicultura. Se utilizaron ejemplares de *Piaractus mesopotamicus* (pacú) mantenidos durante 120 días bajo exposición controlada a oxitetraciclina (75 mg/kg) y enrofloxacin (10 mg/kg), comparados con controles no expuestos y con peces de ambientes naturales y de cría extensiva. Los recuentos bacterianos mostraron incrementos significativos ($p < 0,05$) en las proporciones de bacilos Gram negativos resistentes, con diferencias superiores a 0,75 respecto del grupo control. Se aislaron 78 cepas resistentes, principalmente *Aeromonas spp.* y *Escherichia coli*, con índices de multiresistencia (IMR) $> 0,5$ en ejemplares provenientes de ambientes naturales. Estos resultados coinciden con estudios posteriores del grupo en otras especies del río Paraná, donde se aislaron *Enterobacterales* multiresistentes en peces silvestres y comerciales, confirmando la circulación ambiental de determinantes de resistencia. En conjunto, los hallazgos evidencian que la exposición prolongada a dosis subterapéuticas genera presión de selección persistente y que la microbiota intestinal de peces nativos podría reflejar, con sensibilidad ecológica, la dinámica de resistencia del ecosistema acuático. Su incorporación a los sistemas de vigilancia ambiental permitiría detectar tempranamente señales de RAM y fortalecer la integración intersectorial entre salud animal, humana y ambiental bajo el paradigma Una Salud.

Palabras claves: vigilancia de RAM; peces nativos; antibióticos en acuicultura.

Calidad microbiológica del agua en reservorios domiciliarios: monitoreo y desafíos para la salud pública

Dra. Liliana Silvina Lösch. Bioquímica. Jefa del Laboratorio de Aguas de la Administración Provincial del Agua del Chaco. Investigadora Área Bacteriología del Instituto de Medicina Regional UNNE. Chaco.

La calidad microbiológica del agua destinada al consumo humano constituye un pilar esencial de la salud pública. Paralelamente la contaminación microbiológica del agua de consumo representa un nodo crítico en la interfase entre salud humana, ambiental, animal y debe analizarse desde el paradigma de Una Salud. Las cuencas hidrográficas que abastecen a los sistemas domiciliarios presentan, en muchos casos, deficiencias estructurales en saneamiento básico. La ausencia de redes cloacales, el vertido directo de efluentes sin tratamiento, la acumulación de residuos sólidos en márgenes fluviales y la degradación de humedales contribuyen a la carga microbiológica del agua cruda. Además, eventos climáticos extremos —como lluvias intensas o sequías prolongadas— alteran la dinámica de escorrentía y sedimentación, afectando la eficacia de los sistemas de tratamiento y distribución. En este contexto, a nivel mundial se observa un aumento de enfermedades emergentes y reemergentes vinculadas al agua, como hepatitis E, leptospirosis, legionelosis, criptosporidiosis y brotes de gastroenteritis virales. La exposición a agua contaminada en el ámbito domiciliario se ha asociado con brotes de enfermedades infecciosas subdiagnosticadas. Los reservorios domiciliarios de agua (tanques, cisternas) —componentes frecuentemente subestimados en la cadena de suministro hídrico— emergen como micro ecosistemas donde convergen factores ecológicos, tecnológicos y sociales que condicionan la inocuidad del agua. La degradación de su calidad microbiológica no solo impacta la salud humana, sino que también puede generar nichos ambientales de microorganismos patógenos y oportunistas con potencial de diseminación comunitaria.

En conclusión, la calidad microbiológica del agua en reservorios domiciliarios no puede analizarse aisladamente del estado sanitario de la cuenca hidrográfica. La articulación entre vigilancia epidemiológica, gestión ambiental, gobernanza del agua y participación comunitaria, acompañados de fortalecimiento normativo y técnico, son elementos claves para prevenir enfermedades de origen hídrico y garantizar el acceso equitativo a agua segura en escenarios de creciente vulnerabilidad hídrica.

MESA REDONDA: SALUD AMBIENTAL II. "SUELOS VIVOS Y LA EVIDENCIA DE UNA SOLA SALUD"

Microbiología del suelo y salud ambiental: una alianza esencial

Luis G. Wall. Laboratorio de Bioquímica y Microbiología de Suelos. Centro de Bioquímica y Microbiología del Suelo, Universidad Nacional de Quilmes. wall.luisgabriel@gmail.com

Hablar sobre la microbiología del suelo en estos tiempos excede el ámbito de la microbiología y el del suelo. La relación del suelo con las personas ocurre a través de las plantas, que cultivamos para obtener alimentos. Por su parte, los árboles y arbustos crecen a partir del suelo y nos brindan materiales de construcción y combustible. Las plantas, en general, obtienen sus nutrientes directa o indirectamente a través de las interacciones con la microbiota del suelo. El tema, aparentemente muy académico y técnico, se relaciona con la calidad de vida de las personas y resulta esencialmente transversal a cuestiones como el calentamiento global y el cambio climático, la seguridad alimentaria, la salud vegetal, la salud animal, la salud humana y el desarrollo sostenible. El conocimiento de la microbiología del suelo ha experimentado una revolución en su paradigma a finales del siglo pasado, con el descubrimiento de lo que hoy llamamos la microbiología no cultivable. Esta novedad epistemológica y su resolución -por las tecnologías del ADN, la bioinformática y la nanotecnología- dio lugar al concepto de microbioma, que nos obliga a revisar la fisiología humana, vegetal y animal, así como los modelos de interpretación de los ecosistemas y su funcionamiento. A partir de allí llegamos a la propuesta de visión sistémica que define el concepto de una salud como el hilo conductor de los

ecosistemas, con los microbiomas como elementos de transitividad de la salud entre sus organismos y la salud del suelo que se puede medir bioquímicamente. Esta novedad en el desarrollo y devenir del conocimiento en la ciencia contemporánea genera nuevos argumentos sumamente relevantes para el debate sobre los conflictos entre intereses públicos y privados. De este modo, la transversalidad del concepto de microbiología del suelo nos lleva a pensar en el ejercicio de los derechos de las personas (y de la naturaleza), generando en los científicos y las científicas nuevas responsabilidades éticas en su profesión y en su desarrollo. El impacto de estos conocimientos en temas ambientales y en la vida de las personas exige un mayor esfuerzo de divulgación para construir una ciudadanía responsable. Por último, esta misma complejidad y la transversalidad en las disciplinas que involucra invitan a trabajar en cocreación de conocimiento, más allá de las cuestiones técnicas y metodológicas del laboratorio.

Palabras claves: MICROBIOMA DE SUELO – MICROBIOMA DE LA PLANTA – SOSTENIBILIDAD

Bioinsumos: La microbiología como herramienta para una producción sostenible

RADOVANCICH, Débora. Ministerio de Economía, Hacienda y Finanzas de la provincia de Formosa (MEHyF)- Formosa, CP3600 Formosa. dradovancich@gmail.com

En la actualidad se evidencia cambios de conciencia creciente alineados con el cuidado del medio que nos rodea, hace que la sociedad se vuelva más exigente con lo que consume, porque demanda una oferta mayor de alimentos con atributos de calidad específicos, más sanos y obtenidos de forma ambientalmente sustentable.

El suelo es un recurso finito, no renovable y es el medio en el cual crecen y se desarrollan los seres vivos, es decir, la matriz que provee los alimentos. El uso intensivo del suelo ha traído como consecuencia pérdida de su estructura, disminución de la materia orgánica, y de los microorganismos presentes que contribuyen con la nutrición y la promoción del crecimiento vegetal. Esa pérdida de biodiversidad se evidencia en el bajo rendimiento de la producción agrícola. Tradicionalmente, para contrarrestar se emplean agroquímicos; sin embargo, aplicación de dosis cada vez más altas de los químicos se hace insostenible.

A partir de herramientas biotecnológicas y el campo de la microbiología se producen productos que nutren y protegen al cultivo garantizando la sostenibilidad de las generaciones actuales y futuras. Dichos productos son conocidos como BIOINSUMOS agropecuarios.

En este contexto en marzo del año 2022, en el marco del Programa Federal Construir Ciencia del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de la Nación, se concretó la firma del Convenio de Colaboración para la creación de la primera Fábrica de Bioinsumos de Formosa, *BioForm*, desde ese momento se conformó un equipo de trabajo para conformar el Laboratorio de I+D del Proyecto “Fabrica de Bioinsumos de Formosa”, ubicado en CIT-Formosa, Centro de Investigación y Transferencia, donde se han aislado y caracterizado microorganismos provenientes de los suelos, plantas y/o insectos de diferentes localidades de la Provincia. Asimismo, se han identificado cepas con propiedades promotoras del crecimiento vegetal (PGP), capaces de mejorar la respuesta fisiológica de cultivos de interés en la zona. Dichos efectos han sido comprobados en ensayos in vitro y en invernadero, incluyendo también la inhibición del desarrollo de hongos fitopatógenos, lo que posiciona a estos microorganismos como BIOINSUMOS de interés agrícola.

En conjunto, estas investigaciones ponen de relieve el valor biotecnológico de los microorganismos de ambientes locales de nuestra provincia, mostrando su versatilidad para contribuir a una agricultura más sustentable, al desarrollo de procesos de biorremediación y a la obtención de compuestos de interés en múltiples industrias.

MESA REDONDA. SALUD AMBIENTAL III. ESTRATEGIAS INTEGRADAS DE DIAGNOSTICO, PREVENCIÓN Y ACCIÓN

La salud ambiental y la educación en el contexto de las zoonosis parasitarias

Francisca Milano. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura. Universidad Nacional del Nordeste. milano@exa.unne.edu.ar

El presente trabajo aborda la salud desde el paradigma de "Una Sola Salud" (*One Health*), reconociendo la vinculación intrínseca entre la salud humana, animal y ambiental, en un contexto global donde el 75% de los patógenos humanos emergentes son de origen animal. El objetivo principal fue describir y analizar la prevalencia de parásitos de importancia zoonótica en regiones vulnerables de Argentina y su posible correlación con los determinantes de salud ambiental. Asimismo, se propone establecer la educación ambiental integral como un pilar estratégico para el control y la prevención. Se relevaron zonas urbanas y rurales del Nordeste Argentino (NEA), en las que se evaluó la población humana, de animales domésticos y el suelo. Asimismo, se efectúa una aproximación explicativa basada en indicadores de salud ambiental de Argentina. Los resultados evidenciaron la presencia de protozoos (*Blastocystis spp.*, *Giardia spp.*, *Cryptosporidium spp.*) y helmintos (*Toxocara canis*, *Ascaris lumbricoides*) en niños, animales domésticos y el suelo de las viviendas. Se caracterizó molecularmente a *Blastocystis* spp de todos los hospedadores, observándose tres subtipos comunes (ST1, ST3 y ST7). Los indicadores de salud ambiental caracterizan a la región NEA con déficits críticos en servicios de provisión de agua, disposición de excretas y calidad de la vivienda, hechos que explican la persistencia de estas parasitosis y reflejan las inequidades socioambientales. Se propone y valida la Educación Ambiental Integral, enfocada desde una perspectiva socio-ecológica, como la herramienta esencial para generar ambientes saludables y desarrollar capacidades comunitarias orientadas a una prevención sostenible.

Palabras claves: Zoonosis Parasitarias, Una Sola Salud, Educación Ambiental

MESA REDONDA V. ENFERMEDADES ZOONOTICAS EMERGENTES Y DESATENDIDAS

Una Salud, Múltiples Desafíos: Brucelosis Caprina en el Impenetrable Chaqueño

Dra. Nolly Monzón. Veterinaria. Investigadora CONICET. Fac. de Ciencias Veterinarias. UNNE-Corrientes.

La brucelosis caprina constituye un importante problema sanitario y socioeconómico en regiones rurales de América Latina, particularmente en áreas de alta vulnerabilidad como el Impenetrable chaqueño. En el marco del enfoque "Una Salud", esta presentación aborda la problemática desde una perspectiva interdisciplinaria que integra los componentes animal, humano y ambiental, resaltando la necesidad de estrategias coordinadas para su prevención y control. La enfermedad, causada por *Brucella melitensis*, es una zoonosis infectocontagiosa que afecta principalmente a pequeños rumiantes y, de manera secundaria, al ser humano. En caprinos, la transmisión ocurre por contacto con fluidos del parto o aborto, leche, semen, heces o ambientes contaminados, produciendo cuadros de infertilidad, aborto y disminución productiva. En humanos, la infección se adquiere por vía cutánea, digestiva, respiratoria, perinatal o por inoculación accidental, generando un cuadro febril crónico que puede derivar en complicaciones sistémicas. El diagnóstico se basa en pruebas serológicas y bacteriológicas estandarizadas, mientras que las estrategias de control y erradicación dependen de la detección temprana de animales infectados,

la aplicación de medidas de bioseguridad y el manejo sanitario adecuado de los establecimientos caprinos. El Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA) establece los lineamientos para la vigilancia epidemiológica, el control oficial y la certificación de zonas libres de la enfermedad. En este contexto, se desarrolló un estudio en el Departamento General Güemes, provincia del Chaco, con el objetivo de estimar la prevalencia de brucelosis caprina e identificar posibles factores de riesgo asociados a la transmisión. El trabajo incluyó un diseño muestral estratificado, la toma de muestras biológicas (hisopados vaginales y buffy coat) y la confirmación de la presencia de *B. melitensis* biovar 1. Los resultados evidenciaron variabilidad interpredio e intrapredio, lo que sugiere una dinámica de transmisión compleja vinculada a prácticas de manejo, movilidad animal y condiciones ambientales locales. A partir de estos hallazgos se implementaron actividades de extensión y transferencia, incluyendo la devolución de resultados a los productores y charlas de sensibilización orientadas al fortalecimiento de las prácticas de bioseguridad. Estas acciones se enmarcan en el proyecto “Asesoramiento en Bioseguridad y Manejo de la Brucelosis para Pequeños Productores Caprinos del Oeste Chaqueño”, que promueve la participación comunitaria y el intercambio de saberes como herramientas esenciales para la sostenibilidad de las medidas sanitarias. En conclusión, la brucelosis caprina representa un desafío persistente que requiere un abordaje integral basado en la prevención, la educación sanitaria, la colaboración interinstitucional y la equidad territorial. El fortalecimiento del enfoque “Una Salud” en contextos rurales vulnerables resulta clave para avanzar hacia sistemas productivos más seguros y resilientes, garantizando la protección de la salud animal y humana.

Palabras clave: caprinos; *Brucella melitensis*; Argentina

El rol de los primates silvestres en la detección temprana de enfermedades infecciosas emergentes

Dr. Martin Kowalewski. Estación Biológica Corrientes - Centro de Ecología Aplicada del Litoral (CONICET-UNNE)

Alrededor del 75% de las enfermedades infecciosas emergentes del ser humano tienen origen animal. El creciente contacto entre humanos y primates no humanos, impulsado por el aumento poblacional y los cambios en el uso de la tierra (industrias extractivas, agricultura, ecoturismo), intensifica el potencial de transmisión. La fragmentación continua del hábitat obliga a los primates a utilizar sistemas caracterizados por actividades antropogénicas (áreas urbanas, rurales y semirurales), aumentando el riesgo de brotes zoonóticos. Las especies de primates que persisten en estos paisajes alterados, como los monos aulladores (*Alouatta caraya*), son susceptibles a patógenos comunes con los humanos (ej. la Fiebre Amarilla, donde la alta mortalidad de aulladores actúa como alarma). Por su resiliencia ecológica, estas especies tienen la capacidad única de servir como centinelas de la salud del ecosistema, ofreciendo una alerta temprana sobre riesgos potenciales para la salud humana. Este trabajo muestra algunos de nuestros resultados en la región, y resalta las oportunidades estratégicas para mitigar las amenazas de salud pública y de conservación. Proponemos el uso proactivo de especies de primates tolerantes a la perturbación como indicadores centinelas para la vigilancia y prevención, optimizando la gestión de riesgos en las interfaces humano-silvestre.

Palabras claves: Monos aulladores, *Alouatta*, Fiebre amarilla, zoonosis, salud pública

Estudio integral de la infección humana por toxocara: aspectos inmunológicos, epidemiológicos y socioambientales

Dra. Viviana Bojanich. Bioquímica. Docente e Investigadora. Área Inmunología IMR- UNNE.

La toxocariosis humana es una zoonosis causada por *Toxocara canis*, nematode intestinal de perros y zorros. El ser humano, huésped accidental, se infecta al ingerir huevos larvados presentes en suelos o alimentos contaminados. Las larvas migran por diversos órganos, provocando cuadros clínicos que van desde formas viscerales y oculares hasta manifestaciones neurológicas o subclínicas. En regiones tropicales y subtropicales, especialmente en contextos socioeconómicos desfavorables, la enfermedad adquiere relevancia por la alta exposición a suelos contaminados, la falta de saneamiento y el estrecho contacto con animales domésticos sin control veterinario. En el nordeste argentino (NEA), estudios seroepidemiológicos han revelado prevalencias elevadas en niños y adultos, superando el 60 % en algunas poblaciones vulnerables, lo que refleja una amplia circulación del parásito y una subestimación del problema sanitario. Desde el punto de vista inmunológico, la infección se caracteriza por una respuesta eosinofílica y una fuerte activación de IgE e IgG, dirigidas contra antígenos de excreción/secreción (TES) de las larvas L2. Estos antígenos constituyen la base del inmunodiagnóstico, dado que la detección directa del parásito es impracticable. En este sentido, se han desarrollado y validado en la región métodos serológicos como el ELISA-TES, el test de avididad de IgG para distinguir infecciones recientes, el dot-ELISA, de bajo costo para centros de atención primaria de salud, y el Western Blot confirmatorio que discrimina reacciones cruzadas con otros helmintos. Estos avances, con sensibilidades y especificidades superiores al 85 %, han permitido establecer al Instituto de Medicina Regional de la UNNE, como centro de referencia y realizar estudios de vigilancia epidemiológica accesibles. Paralelamente, se ha demostrado una fuerte contaminación ambiental en parques, plazas y peri-domicilios del NEA, con hasta 13 % de suelos positivos para huevos de *Toxocara*, favorecida por las condiciones climáticas cálidas y húmedas y la elevada densidad canina sin control sanitario. En cuanto al control ambiental, se exploraron estrategias biológicas basadas en hongos nematófagos del suelo (*Chrysosporium indicum*, *C. keratinophilum*, *Curvularia lunata*, *Trichophyton ajelloi*), capaces de degradar mecánicamente y enzimáticamente los huevos, lo que representa una alternativa ecológica a los métodos químicos. El enfoque integral propuesto combina la mejora diagnóstica, el conocimiento de los factores inmunológicos y epidemiológicos y la comprensión de los determinantes socioambientales que sostienen la transmisión. La educación sanitaria, la desparasitación regular de animales y el saneamiento urbano son pilares para reducir la exposición humana. Después de más de dos décadas de investigación regional, la integración de estos enfoques ha permitido visibilizar a la toxocariosis como un problema de salud pública y avanzar hacia un diagnóstico más preciso, una vigilancia ambiental sostenida y estrategias innovadoras de control biológico en el NEA.

VIERNES 7 DE NOVIEMBRE

MESA REDONDA. EL LABORATORIO DE MICROBIOLOGIA AL SERVICIO DE UNA SOLA SALUD.

Del Genoma al Ecosistema: la Biología Molecular como parte de una estrategia integradora en Una Sola Salud

Dr. Gerardo Deluca. Bioquímico. Docente e Investigador Facultad de Medicina UNNE. Director del (CEM) Chaco.

Una Sola Salud (One Health) es un enfoque integrador que reconoce la íntima interconexión entre la salud humana, la salud animal y la salud de los ecosistemas. Este paradigma propone que los avances biomédicos y biotecnológicos deben evaluarse no solo por sus beneficios para las personas, sino también por sus impactos en los animales y el ambiente. En esta exposición se intentará desarrollar algunos tópicos que nos permitan reflexionar de manera crítica sobre el impacto que estamos generando. Tocaremos temas como el uso industrial y masivo de antibióticos para la producción de proteínas de alta calidad, la biotecnología de hongos y bacterias para un ambiente más saludable, el reciclaje de plásticos y su impacto en el ecosistema y la salud, las emisiones de metano asociado al ganado, la minería de litio y la transición energética y en todo este contexto, finalmente abordaremos el progreso biomédico y degradación ambiental: esperanza de vida versus huella ecológica. Cada sección intentará explorar la ambivalencia de dichos avances: cómo la mejora de la salud y la productividad coexiste con riesgos de degradación ambiental, inequidades o nuevos desafíos sanitarios. Se presenta evidencia científica actual y se plantean cuestionamientos que apuntan a descifrar el camino correcto que debiéramos transitar, junto con preguntas críticas y posibles líneas de acción en el marco de Una Sola Salud.

Detección de micosis endémicas: avances desde el laboratorio

Dr. Javier Mussin. Bioquímico. Investigador CONICET. Área de Micología IMR- UNNE.

Las micosis endémicas constituyen un grupo de enfermedades infecciosas desatendidas que afectan principalmente a poblaciones rurales y vulnerables de América Latina. Entre las más relevantes en Argentina se destacan la paracoccidioidomicosis (PCM), causada por hongos dimórficos del género *Paracoccidioides*. A pesar de su impacto en salud pública, la PCM continúa subdiagnosticada debido a la limitada disponibilidad de métodos sensibles y rápidos en los laboratorios periféricos. Los métodos convencionales, basados en cultivo o examen microscópico, resultan lentos, requieren infraestructura especializada y presentan una sensibilidad reducida cuando el número de microorganismos en la muestra es bajo. Frente a este escenario, los avances en biología molecular ofrecen nuevas oportunidades para fortalecer el diagnóstico en el marco del enfoque de Una sola salud, integrando la vigilancia humana, animal y ambiental. En este contexto, se desarrolló y validó un ensayo molecular rápido basado en la amplificación isotérmica acoplada a un ensayo inmunocromatográfico de flujo lateral para la detección de *Paracoccidioides* spp. directamente en muestras clínicas. Esta estrategia permite obtener resultados en menos de 40 minutos, con una sensibilidad y especificidad comparables a la PCR convencional, pero con un requerimiento mínimo de equipamiento y personal técnico. El prototipo desarrollado representa un avance significativo hacia la descentralización del diagnóstico de micosis endémicas, posibilitando su implementación en laboratorios de baja complejidad y en contextos de recursos limitados. Además, su potencial portabilidad abre perspectivas para la vigilancia ambiental y veterinaria, reforzando el abordaje interdisciplinario propuesto por el paradigma de Una sola salud. Estos desarrollos evidencian cómo la innovación tecnológica, aplicada desde el laboratorio, puede contribuir a visibilizar enfermedades históricamente relegadas y a mejorar la equidad diagnóstica en regiones endémicas. Los

próximos desafíos incluyen la ampliación de estas plataformas a otras micosis relevantes, su validación multicéntrica y la transferencia efectiva al sistema público de salud, consolidando una red integrada de diagnóstico y vigilancia para las micosis endémicas en la región.

Palabras claves: Micosis endémicas; Amplificación isotérmica; Diagnóstico.

MESA REDONDA VII. INNOVACIÓN EN MICROBIOLOGÍA DESDE LA PERSPECTIVA DE UNA SOLA SALUD.

Genómica y Bioinformática: Secuenciación de genomas y metagenomas para aplicaciones desde la industria a la salud

Dr. Ariel F. Amadio. Biotecnólogo. Investigador Independiente CONICET. Instituto de investigación de la cadena láctea (IDICAL, CONICET-INTA). Rafaela, Santa Fe.

La secuenciación de genomas y metagenomas se ha transformado en una tecnología accesible desde el punto de vista de la tecnología y los costos para muchos laboratorios, desde los pequeños hasta grandes centros. Estos cambios se deben principalmente al surgimiento de nuevas tecnologías de secuenciación, a la disminución de costos asociados. En esta charla se explorará las diferentes tecnologías disponibles, con sus ventajas y limitaciones. Además, se mostrarán diversos ejemplos que cubren análisis de genomas completos de microorganismos con diversos objetivos, desde salud animal a interés biotecnológico. A su vez, análisis metagenómicos con objetivos y aproximaciones diferentes, desde secuenciación de amplicones a metodologías de tipo WGS, también con diversos objetivos, la caracterización de microbiomas en ambientes productivos, la búsqueda de enzimas con potencial biotecnológico y el diagnóstico en tiempo real por secuenciación de metagenomas.

Palabras claves: Genómica – Bioinformática – Secuenciación de nueva generación.

MESA REDONDA. ECOEPIDEMIOLOGIA DE INFECCIONES VECTORIALES

Arbovirus: interacción vector-huésped y perspectivas de investigación en la región

Dra. Griselda Oria. Instituto de Medicina Regional-UNNE

Los arbovirus, alternan entre invertebrados hematófagos, la mayoría mosquitos y hospedadores vertebrados en forma obligada y se transmiten con éxito debido a mecanismos moleculares que regulan la infección, la diseminación y la transmisión viral. Más del 25% de las enfermedades infecciosas humanas son transmitidas por vectores. Se conocen actualmente 500 arbovirus, 50 afectan a animales y más de 100 podrían ser patógenos para humanos. El sistema vectorial requiere altas densidades de vectores competentes, alta tasa de supervivencia y contactos frecuentes entre vectores y hospedadores vertebrados susceptibles y el proceso de transmisión biológica crea múltiples oportunidades de interacción. Con el fin de estudiarlas, nos propusimos analizar la dinámica temporal y espacial del virus Encefalitis de San Luis (VESL) en mosquitos colectados en entornos urbanos y rurales de una región del noreste de la provincia del Chaco, dando cuenta de la actividad viral sostenida en un período de tres años consecutivos (2012-2015) en ambos ambientes. Se analizaron 81 pools de mosquitos (2105 individuos) para la detección de VESL y 41 resultaron positivos ($n = 1675$ individuos; 50%) identificando trece especies de mosquitos infectadas, nueve de las cuales fueron reportadas infectadas por primera vez en Argentina. A nivel ecológico, los patrones pueden verse influenciados por las especies de vectores u hospedadores involucradas y su distribución geográfica, la que a menudo se expande

a través de los movimientos de personas, animales y productos comerciales. En nuestro trabajo sobre prevalencia de Flavivirus en equinos de tres localidades de la Provincia, se realizaron estudios serológicos a 68 caballos asintomáticos en tres muestreos estacionales para cada localidad entre 2013 y 2014, resultando diecisiete (25 %) de los caballos con reacciones monotípicas a VESL y 6 (8,82 %) a VWN. La mayor prevalencia de VESL (38,09 %) y VWN (14,28%) en todas las muestras analizadas con infecciones monotípicas, se detectó en Resistencia. El 52 % de las infecciones recientes fueron causadas por VESL, el 36 % por VWN y el 12 % de los caballos se infectaron con ambos virus. La detección de anticuerpos contra los dos virus estudiados, especialmente revelada en la segunda y / o tercera muestra en las tres localidades, mostró la transmisión activa de los mismos para el periodo evaluado. Este fue el primer informe de circulación del VWN en équidos del Chaco. Para la misma región estudios en humanos mostraron la actividad del virus VESL en un 26% (23/101) en Resistencia en 2007 y entre 2010 y 2012, 40% para VESL y 4,8% para VWN en 124 sueros de Pampa del Indio. Salvando la distancia temporal entre estos estudios, los resultados demuestran la necesidad de mejorar nuestra comprensión de las interacciones entre los factores biológicos y ambientales que mantienen las redes de circulación de los arbovirus.

Palabras Claves: Flavivirus-Mosquitos vectores-Hospedadores

Leishmaniasis y sus vectores: distribución, comportamiento y riesgo en ambientes modificados

Dr. Juan Rosa. Instituto de Medicina Regional. UNNE. REDILA nodo UNNE

La relación entre el cambio climático y la leishmaniasis es un tema central en salud pública y ecoepidemiología. Estudios en América del Sur, especialmente en Brasil, Colombia y Argentina, muestran que las variaciones climáticas vinculadas al fenómeno ENSO influyen en la incidencia y distribución de la leishmaniasis visceral (LV). En Brasil y Colombia, los mayores picos de transmisión se registraron durante El Niño 2015-2016, lo que sugiere una asociación positiva entre anomalías climáticas y aumento de la enfermedad. Factores como temperatura, humedad, altitud, cobertura vegetal y precipitaciones afectan la biología del vector *Lutzomyia longipalpis* y las condiciones de transmisión de *Leishmania infantum*. En Brasil se observó su expansión hacia nuevas áreas, impulsada por cambios en el régimen de lluvias y la urbanización, que favorecen su adaptación a entornos modificados. Pese a las limitaciones metodológicas de los estudios, se resalta la necesidad de incorporar las variaciones climáticas en las políticas de control vectorial mediante vigilancia continua, prevención y mitigación local. Comprender los efectos del cambio climático sobre la leishmaniasis requiere un enfoque multiescalar y transdisciplinario que integre variables ambientales, biológicas y sociales. A nivel global, la literatura coincide en que el cambio climático y las transformaciones socioambientales modifican los patrones de riesgo de las enfermedades transmitidas por vectores. Sin embargo, las evidencias de campo son escasas y suelen vincularse más con la movilidad humana y animal, la deforestación, la urbanización y la gestión inadecuada del agua que con efectos climáticos directos. Los factores socioculturales son esenciales, ya que las percepciones, prácticas y condiciones socioeconómicas determinan la exposición al riesgo. En conclusión, enfrentar el impacto del cambio climático sobre la leishmaniasis requiere pasar del análisis global a la acción local, mediante mapas de riesgo,

monitoreo y estrategias de prevención adaptadas a cada escala, coherentes con el desarrollo sostenible, la biodiversidad y la diversidad cultural.

Palabras claves: cambio climático, globalización, riesgo

MESA REDONDA. VIGILANCIA Y PREVENCIÓN DE INFECCIONES VECTORIALES.

Plan estratégico de prevención, control y contención de dengue en la provincia de Formosa 2024-2025.

Dra. Claudia Rodríguez. Directora de Epidemiología de Formosa.

La incidencia del dengue ha aumentado en las Américas en las últimas cuatro décadas, pasando de 1,5 millones de casos acumulados en la década de 1.980 a 16,2 millones en 2.010 – 2.019. Durante el 2.023 se registró el mayor brote de dengue en la Región de las Américas, registrando más de 4,1 millones de casos, con inusual persistencia de casos durante la temporada invernal. En Argentina y en particular en la provincia de Formosa, se registró el aumento en la frecuencia y magnitud de la epidemia de dengue.

Ante la situación epidemiológica descrita, desde el Ministerio de Desarrollo Humano de la provincia surgió la necesidad de definir estrategias con perspectiva integral, multisectorial, estratégica, complementaria, participativa, sostenible y operacional para fortalecer los procesos de vigilancia epidemiológica, notificación, recolección y análisis de los datos, que orientaron a reforzar las medidas de prevención y control de los casos de dengue y dengue grave a nivel provincial.

La EGI-dengue es el modelo de gestión que se utilizó para dar una respuesta coordinada y multidisciplinaria, con el objetivo de fortalecer los programas provinciales con vistas a reducir la morbimortalidad, carga social y económica generada por los brotes de dengue, buscando modificar la conducta de las personas y de la comunidad para disminuir así los factores de riesgo de transmisión.

Los ejes estratégicos de la EGI-DENGUE son:

VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA: Detección temprana y oportuna de casos sospechosos, fortalecimiento del sistema de notificación y análisis de la situación y vigilancia de los serotipos virales circulantes.

ARTICULACIÓN MULTISECTORIAL Y FORTALECIMIENTO DE LA CAPACIDAD DE LOS SECTORES PARTICIPANTES: Capacitaciones y talleres en toda la provincia dirigidos al personal de salud, docentes, municipales, seguridad, ONG.

ATENCIÓN AL PACIENTE: Revisión, actualización y difusión de protocolos de diagnóstico y tratamiento clínico para todos los niveles de atención, capacitación del personal de salud en el manejo adecuado de casos e implementación de planes de contingencia hospitalaria.

LABORATORIO: Fortalecimiento de la red de laboratorios para el diagnóstico rápido y preciso de dengue y otros arbovirus. asegurando la provisión de insumos y equipos necesarios.

MANEJO INTEGRADO DE VECTORES: Control y eliminación de criaderos del mosquito *Aedes aegypti*, vigilancia y monitoreo entomológico y aplicación de medidas adulticidas en situaciones epidémicas.

COMUNICACIÓN SOCIAL: campañas comunicacionales de recomendaciones.

Para la elaboración del plan estratégico 2.025 – 2.026 se realizó desde una perspectiva “UNA SALUD”, reconociendo que la salud humana está interconectada con la salud animal y la salud del medio ambiente. Un plan estratégico “UNA SALUD” debe ser intersectorial, integrado y colaborativo, con cuatro ejes fundamentales:

Vigilancia Epidemiológica Integrada: salud humana y ambiental

Prevención y control intersectorial

Fortalecimiento del sistema de salud

Investigación e innovación.

Palabras claves: dengue, EGI-DENGUE; Dengue - UNA SALUD

CONVERSATORIO. SOBRE LECCIONES APRENDIDAS.

Dr. Gerardo Deluca. Bioquímico. Docente e Investigador Facultad de Medicina UNNE. Director del (CEM) Chaco.

Cuando hablamos de lecciones aprendidas, inevitablemente miramos hacia atrás, pero con la intención de seguir moviéndonos hacia adelante. En estos años atravesamos desafíos que pusieron a prueba no solo nuestros sistemas de salud, sino también nuestra capacidad de adaptarnos, de crear y de integrar saberes y tecnologías en tiempo real.

El aprendizaje en el cruce entre crisis y tecnología

Las crisis sanitarias —como la pandemia o los brotes de dengue— nos obligaron a usar la tecnología no como un fin, sino como un puente: un puente para conectar equipos, para generar datos útiles en tiempo real y para transformar la información en decisiones concretas. Aprendimos que la tecnología no reemplaza la acción humana, sino que la potencia cuando está bien integrada en los procesos de vigilancia, diagnóstico y gestión.

La transversalidad: la tecnología como hilo conductor

Con el dengue, la tecnología ayuda en la vigilancia epidemiológica, el mapeo vectorial, la detección temprana. Con el COVID-19, fue clave para la comunicación, la bioinformática, la logística, el seguimiento de datos y la resiliencia social frente al aislamiento. Con la RAM, permite trazabilidad, control de antibióticos, automatización de resultados y políticas basadas en evidencia. Lo interesante es que la tecnología aparece como un lenguaje común entre todos estos desafíos: permite mirar el problema en su conjunto y no como compartimentos aislados.

Las lecciones finales: tecnología, personas y gestión

La mayor lección no es tecnológica sino humana:

1. Sin gestión, sin trabajo colaborativo y sin visión estratégica, la tecnología se vuelve ruido o sobrecarga.
2. La innovación real está en cómo se vinculan las personas con los datos y las herramientas.

3. Hoy el reto no es tener más tecnología, sino usarla mejor, con propósito y sentido colectivo.

Quizás la gran lección es que la salud no se transforma por los dispositivos que usamos, sino por la inteligencia con la que los integramos. Y eso requiere gestión, diálogo y confianza.

Si algo aprendimos de estos años, es que la tecnología es parte del tejido de la salud pública. Pero el tejido se sostiene por las personas: por quienes investigan, diagnostican, cuidan y gestionan. La tecnología amplifica lo que somos; por eso el desafío no es solo innovar, sino hacerlo con sentido.

EJE 1

RESISTENCIA

ANTIMICROBIANA

Resistencia antimicrobiana en aislamientos de *Escherichia coli* recuperados de aves de criaderos de Chaco y Corrientes, Argentina

Aguirre J¹, Lösch LS¹, Merino LA¹, Pellegrini JL¹

¹Instituto de Medicina Regional (UNNE), Resistencia, Argentina

Email de contacto: luisantoniomerino@gmail.com

Introducción: La creciente amenaza de la resistencia a los antimicrobianos representa uno de los principales desafíos para la salud pública global. En este contexto, el estudio de Enterobacteriales resistentes en aves de cría adquiere especial relevancia, ya que estos animales pueden actuar como reservorios y vectores de bacterias multirresistentes. Comprender la dinámica de estos microorganismos en sistemas de cría es fundamental para diseñar estrategias de vigilancia, control y uso racional de antimicrobianos, contribuyendo así a mitigar su impacto en la salud humana, animal y ambiental. **Objetivo:** Determinar el perfil de resistencia antimicrobiana en aislamientos de *Escherichia coli* provenientes de aves de cría de Chaco y Corrientes. **Materiales y métodos:** Se estudiaron hisopados de cloacas de gallinas ponedoras provenientes de cuatro establecimientos productivos de Chaco y Corrientes. Las muestras fueron sembradas en agar Mac Conkey y los aislamientos compatibles con *E. coli* fueron identificados mediante pruebas bioquímicas clásicas. La susceptibilidad antibiótica fue evaluada siguiendo las indicaciones del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) 2024 frente a los siguientes antimicrobianos: Cefazolina (CFZ), Meropenem (MEM), Ciprofloxacina (CIP), Gentamicina (GEN), Fosfomicina (FOS), Tetraciclina (TET), Trimetoprima/sufametoxazol (TMS), Cloramfenicol (CMP). Los resultados se expresaron en porcentajes de no sensibilidad por cada antimicrobiano ensayado. **Resultados:** Sobre 250 muestras estudiadas, se obtuvieron 77 aislamientos de *E. coli* con resistencia a algún antimicrobiano. Los resultados de no sensibilidad para cada antibiótico, en número y porcentaje, fueron los siguientes: TET (22 – 28,6%), FOS (11 – 14,3%), CFZ (7 – 9,1%), TMS (5 – 6,5%), CMP (4 – 5,2%), CIP (2 – 2,6%). No se encontró resistencia a MEM ni a GEN. Si bien existieron diferencias significativas entre los perfiles de sensibilidad obtenidos para los diferentes establecimientos, la no sensibilidad frente a TET se presentó como el hallazgo más frecuente entre todos ellos. **Conclusión:** Los resultados obtenidos evidencian la presencia de *Escherichia coli* con resistencia antimicrobiana en aves de cría de Chaco y Corrientes. La ausencia de resistencia a meropenem y gentamicina resulta alentadora, aunque la detección de cepas no sensibles a antimicrobianos de uso común en medicina veterinaria y humana subraya la necesidad de fortalecer las estrategias de vigilancia y uso racional de estos fármacos.

Palabras clave: *Escherichia coli*, Aves, Resistencia antimicrobiana

Módulo de MALDI-TOF para detección rápida de resistencia a colistín en *E.coli*

Albornoz E¹; Marchetti P¹; Rocca F²; Sanz MB¹; Gattoni N¹; Faccone D¹; Prieto M²; Pasteran F¹; Corso A¹

¹Servicio Antimicrobianos, Laboratorio Nacional y Regional de Referencia en Resistencia a los Antimicrobianos (LNRRA).

²Servicio Bacteriología Especial, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán".

Email de contacto: dfaccone@anlis.gob.ar

Introducción: Debido al aumento de la resistencia a múltiples drogas (MDR), colistín se ha convertido en un antimicrobiano de último recurso para tratar infecciones causadas por microorganismos MDR. El lípido A es un componente estructural e integral de los lipopolisacáridos (LPS) de la pared celular bacteriana y es el sitio de unión primario del colistín. El módulo MBT HT LipidART (Lipid A Antibiotic Resistance Test) es una herramienta de análisis e interpretación automatizada basada en espectrometría de masas (MALDI-TOF), para la detección rápida (<1h) de modificaciones en el lípido A relacionadas con la resistencia a colistín de bacterias gram negativas (no intrínsecamente resistentes). Este módulo es una extensión del software MBT Compass HT del equipo MALDI Biotyper Sirius (Bruker Daltonics). La versión vigente sólo es capaz de analizar espectros de extractos lipídicos de *E. coli* y *K. pneumoniae*.

Objetivo: Evaluar el desempeño del Módulo MBT HT LipidART para la detección de resistencia a colistín en *E. coli*. **Materiales y métodos:** se estudiaron 33 aislamientos del repositorio del LNRRA, 27 resistentes a colistín (24 portadores de *mcr-1*, 2 portadores de mutaciones cromosómicas en *pmrA* y/o *pmrB* y 1 portador de *mcr-2*) y 6 sensibles (incluidas las *E. coli* ATCC 25922 y 35218). Para la preparación de las muestras se partió de un cultivo fresco (24hs) en agar sangre y se utilizó el kit MBT Lipid Xtract según las indicaciones del fabricante. Los espectros se obtuvieron en el MALDI Biotyper Sirius, en el modo ion negativo, en un rango de masa de 500-3000 m/z. El análisis se realizó utilizando el módulo Módulo MBT HT LipidART. **Resultados:** Todos los aislamientos resistentes a colistín (27/27) fueron clasificados como Lípido A-Modificado por el módulo MBT HT LipidART y todos los aislamientos sensibles a colistín (6/6) fueron clasificados como Lípido A-Nativo (no modificado). **Conclusiones:** El módulo MBT HT LipidART mostró una sensibilidad y especificidad del 100% para la detección del lípido A modificado y la resistencia fenotípica a colistín. Este módulo constituye una herramienta eficaz para la rápida detección de resistencia a colistín en *E. coli*, con un análisis e interpretación automatizada de los resultados. Sin embargo, hay que tener en cuenta que existen otros mecanismos distintos a la modificación del lípido A que podrían estar involucrados en la resistencia a colistín.

Palabras clave: colistín, módulo MBT HT LipidART, MALDI-TOF

Perfiles de virulencia y resistencia antifúngica en candidiasis vulvovaginal aguda y recurrente

Angiolini, SC¹; Rodriguez, E¹; Manzone-Rodriguez, C¹; Icely, PA¹; Iribarren, P¹ y Sotomayor, CE¹

¹Departamento de Bioquímica Clínica, CIBICI-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba. Córdoba, Argentina.

Email de contacto: sangiolini@unc.edu.ar

La candidiasis Vulvovaginal Aguda (CVVA) es una enfermedad de elevada incidencia que afecta al 75% de las mujeres en edad fértil; un 9% de ellas puede desarrollar la forma Recurrente (CVVR, ≥ 4 episodio/año). *Candida albicans* (Ca) es el agente etiológico principal y, aunque la terapia con azoles es el tratamiento de elección, la creciente resistencia plantea la necesidad de nuevas terapias. Las β -defensinas (BD), péptidos antimicrobianos con funciones microbida, quimiotáctica e inmunomoduladoras, emergen como potenciales alternativas terapéuticas. Nuestro objetivo fue caracterizar el perfil de virulencia y la resistencia antifúngica (RA) de aislamientos clínicos de Ca de pacientes con CVVA (n=25) y con CVVR (n=33), y evaluar el efecto candidicida de la BD1 humana recombinante (rhBD1) sobre aislados resistentes. Ca-SC5314 se utilizó como control. Se estudió la RA a fluconazol, voriconazol, equinocandinas, anfotericina B y flucitosina (VITEK2). Se evaluaron atributos de virulencia como morfogénesis, adherencia, Capacidad Formadora de Biofilm (CFB), actividad de lipasas (LIP) y aspartil proteinasas (SAP). Los resultados indicaron que los aislados Ca-CVVA y Ca-CVVR produjeron hifas más largas que Ca-SC5314 ($p < 0,001$). Las cepas Ca-CVVA presentaron mayor adherencia ($p < 0,05$), CFB ($p < 0,001$) y actividad de LIP ($p < 0,05$) comparadas con las cepas Ca-CVVR. Las cepas Ca-CVVR exhibieron una elevada producción de SAP ($p < 0,05$ vs Ca-CVVA). El estudio de la RA a azoles mostró que 42% de los aislados Ca-CVVA y 20% de Ca-CVVR fueron resistentes a fluconazol; mientras que 50% de Ca-CVVA y 53% de Ca-CVVR fueron resistentes a voriconazol, con predominio de resistencia combinada a azoles en cepas Ca-CVVA. El análisis multivariado de estos perfiles de virulencia clasificó a las cepas de Ca en cuatro clústeres: a) Ca-CVVA puro, b) Ca-CVVR puro y c) dos clústeres mixtos. La rhBD1 mostró alta actividad candidicida frente a Ca-SC5314 (90,46%); sin embargo, en cepas resistentes a azoles, solo fue efectiva frente a un aislado Ca-CVVA (72,81%) e ineficaz frente a un aislado Ca-CVVR. El monitoreo del perfil de virulencia y de la RA permitió identificar fenotipos clínicos asociados a la CVVA y CVVR, aportando información clave para optimizar las terapias y promover nuevas alternativas frente a la resistencia a azoles.

Palabras clave: *Candida albicans*, factores de virulencia, resistencia antifúngica

***Escherichia coli* en perros: vigilancia epidemiológica frente a fosfomicina**

Argüello OA¹; Berecoechea J¹; Lösch LS¹; Merino LA¹

¹ Instituto de Medicina Regional (UNNE), Resistencia, Chaco, Argentina

Email de contacto: arieloarguello@gmail.com

Introducción: La resistencia antimicrobiana (RAM) es un problema acuciante para la salud pública, siendo las enterobacterias multirresistentes una prioridad crítica para su estudio. En este escenario, antimicrobianos de última línea, como colistina (COL) y fosfomicina (FOS), han cobrado relevancia por su rol en el tratamiento de infecciones causadas por dichos agentes. Los animales de compañía pueden actuar como reservorios y diseminadores de bacterias resistentes, con potencial de transmisión hacia los humanos. La vigilancia de RAM en perros a nivel regional resulta fundamental para aportar datos epidemiológicos en el marco de “Una Salud” y contribuir al diseño de políticas públicas sanitarias que promuevan el uso responsable de antimicrobianos.

Objetivos: Evaluar la RAM frente a FOS en *Escherichia coli* recuperados de muestras caninas en Chaco y Corrientes. **Materiales y métodos:** Se estudiaron 122 muestras de materia fecal de perros en distintas localidades de las provincias de Chaco y Corrientes, principalmente en entornos domiciliarios y rurales. Las muestras fueron sembradas en medios sólidos indicadores y selectivos. La presencia de *E. coli* se confirmó usando un medio cromogénico. La susceptibilidad antimicrobiana fue evaluada según criterios del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) 2024 frente a FOS 50 µg y FOS 200 µg. **Resultados:** Se obtuvieron 66 aislamientos de *E. coli*. Los resultados mostraron los siguientes perfiles de susceptibilidad: FOS 50 µg: 65 cepas sensibles (98,5%) y 1 resistente (1,5%), FOS 200 µg: 65 sensibles (98,5%) y 1 intermedia (1,5%). **Conclusiones:** Los hallazgos respaldan la hipótesis de que los aislamientos de enterobacteriales recuperados de muestras caninas presentan una resistencia menor al 10% frente a FOS. Sin embargo, la detección de una cepa resistente a FOS sugiere la presencia de mecanismos de resistencia emergentes con riesgo de diseminación. Los resultados obtenidos constituyen una base de datos regional sobre resistencia a antimicrobianos de última línea en medicina humana, que servirá de sustento para futuros estudios y refuerza la necesidad de sostener la vigilancia epidemiológica en el marco de Una Salud.

Palabras claves: *Escherichia coli*, Vigilancia epidemiológica, Perros.

Actividad antimicrobiana: Bacterias Ácido Lácticas aisladas de café frente a *Salmonella enterica*

Arias-Gomez¹, R.J; Ladino-Garzón, W.L²; Cortés-Gaona, M.P²; Amorocho-Cruz, C.M²

¹Programa de Ingeniería Agroindustrial. Universidad Surcolombiana. Sede Central Neiva. Avenida Pastrana – Cra 1, Neiva, Huila, Colombia. C.P. 410001.

Email de contacto: ronaldgomez0708@gmail.com

²Programa de Ingeniería Agrícola. Universidad Surcolombiana. Sede Central Neiva. Avenida Pastrana – Cra 1, Neiva, Huila, Colombia. C.P. 410001.

Introducción: La resistencia a los antibióticos y la búsqueda de alternativas naturales ha inducido el estudio de bacterias ácido lácticas (BAL) como agentes antimicrobianos. **Objetivo:** Así, se propuso evaluar la actividad antimicrobiana de 4 BAL aisladas de café (Huila) frente a *Salmonella Typhimurium* ATCC 13311 en presencia y ausencia de células. Además, se planteó determinar la susceptibilidad de las BAL frente a antibióticos empleados en el control del patógeno. **Materiales y métodos:** En el método de pocillos se usaron filtrados libres de células de BAL (crecimiento de 24 horas), a pH ácido y neutro, adicionando 50 µL con el patógeno previamente inoculado (Escala McFarland 1). Para el método de discos, se cortaron sacabocados estériles de BAL (crecimiento 24 horas), depositándose en placa con el patógeno inoculado. Cada ensayo se realizó por triplicado y las placas se sometieron en aerobiosis (37 °C por 17 horas). Se realizaron antibiogramas para las BAL y el patógeno frente a 7 antibióticos: gentamicina, trimetoprim-sulfametoxazol, ciprofloxacina, tetraciclina, fosfomicina, ceftriaxona y ampicilina. Las BAL se incubaron en anaerobiosis y el patógeno en aerobiosis (37 °C por 24 y 17 horas, respectivamente). Los halos inhibitorios se midieron (mm). Los resultados se calcularon con la fórmula del porcentaje inhibitorio: (halo de extracción – halo blanco/halo control positivo-halo blanco) *100. **Resultados:** En discos, las 4 BAL inhibieron al patógeno, la BAL 9 tuvo los mayores porcentajes inhibidores: 25,7%, 48,0%, 17,0%, 19,0%, 31,3%, 49,5 % y 61,0 % con controles positivos: trimetoprim-sulfametoxazol, gentamicina, ciprofloxacina, fosfomicina, tetraciclina, ceftriaxona y ampicilina, respectivamente. En pocillos a pH ácido, solo la BAL 9 presentó porcentajes inhibitorios de: 3,8%, 7,1%, 2,5%, 2,8%, 4,7%, 7,4% y 9,1%, usando los controles positivos previamente descritos. En cambio, en pocillos a pH neutro, todos los filtrados libres de células de BAL fueron resistentes. Para los antibiogramas, la BAL 1 tuvo el mayor porcentaje inhibidor: 10,5%, 7,5%, 9,83% y 24,67%, contra gentamicina, fosfomicina, ciprofloxacina, tetraciclina, respectivamente. Por otra parte, la mayor inhibición hacia la ampicilina correspondió por la BAL 2 y 9, con 28,67%. Así mismo, para gentamicina y trimetoprim-sulfametoxazol fueron BAL 2 con 28,0 %, y BAL 5 con 17,83%, respectivamente; la BAL 5 tuvo la menor inhibición, 7,83%, ante gentamicina y, 6,17 %, para ceftriaxona. **Conclusiones:** Los resultados muestran que no se evidenció un patrón inhibidor específico de las lácticas con algún fármaco y que su sensibilidad hacia los antibióticos es deseable para evitar transferencia de resistencia entre especies. Por tanto, la terapia médica con BAL es más efectiva contra el patógeno estudiado. Además, las BAL presentan mayor efecto antimicrobiano hacia *Salmonella Typhimurium* en presencia de células que en ausencia de estas, es decir, los ácidos orgánicos, bacteriocinas inhiben menos. **Palabras clave:** probióticos, *Coffea arabica*, antibiograma.

Susceptibilidad antimicrobiana de Enterobacterales aislados en perros del nordeste argentino (NEA)

Argüello OA¹; Berecoechea J¹; Lösch LS¹; Merino LA¹

¹ Instituto de Medicina Regional (UNNE), Resistencia, Chaco, Argentina

Email de contacto: arieloarguello@gmail.com

Introducción: La resistencia antimicrobiana (RAM) constituye una amenaza creciente para la salud pública. Los animales de compañía, particularmente los perros, actúan como reservorios de bacterias resistentes, con potencial de transmisión directa al ser humano o indirecta a través del ambiente. La exposición a antibióticos (ATB) en medicina veterinaria puede favorecer la selección de cepas resistentes, lo que refuerza la necesidad de la generación de conocimiento sobre RAM a nivel regional en el marco de “Una Salud”, contribuyendo al fortalecimiento de políticas públicas sanitarias con base científica. **Objetivos:** Evaluar la susceptibilidad antimicrobiana en aislamientos de *E. coli* obtenidos de muestras caninas en el NEA. **Materiales y métodos:** Se estudiaron 122 muestras de materia fecal de perros en distintas localidades de las provincias de Chaco y Corrientes, principalmente en entornos domiciliarios y rurales. Las muestras fueron sembradas en agar Eosina Azul de Metileno y se seleccionaron colonias compatibles con *E. coli*. La identificación preliminar se realizó en medio cromogénico, logrando el aislamiento de 66 cepas. La susceptibilidad antimicrobiana frente a ATB de uso habitual en medicina humana y veterinaria fue evaluada según criterios del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) 2024 frente a los siguientes ATB: Ampicilina (AMN), Amoxicilina/Ácido Clavulánico (AMC), Cefazolina (CFZ), Gentamicina (GEN), Trimetoprima/Sulfametoxazol (TMS), Levofloxacina (LEV) y Cloranfenicol (CMP). **Resultados:** Se obtuvieron 66 aislamientos de *E. coli*, de ellas, 8 (12%) presentaron resistencia a al menos un ATB ensayado. Los valores de resistencia para cada ATB, en número y porcentaje, fueron: AMN (3 - 4,5%), AMC (2 - 3%), CFZ (1 - 1,5%), GEN (0 - 0%), TMS (3 - 4,5%), LEV (1 - 1,5%), y CMP (3 - 4,5%). La mayor resistencia fue frente a AMN, TMS y CMP. **Conclusiones:** Los hallazgos respaldan la hipótesis de la presencia de cepas de *E. coli* provenientes de materia fecal de perros con resistencia a varios ATB de uso común en salud humana. Sin embargo, la ausencia de resistencia a GEN resulta alentadora. El estudio contribuye a la obtención de datos epidemiológicos regionales sobre la RAM en animales de compañía, reforzando la necesidad de fortalecer los sistemas de vigilancia integrales, con especial atención en el ámbito veterinario y la interacción humano-animal bajo el enfoque de Una Salud.

Palabras claves: Enterobacterales, Resistencia antimicrobiana, Perros.

Distribución de carbapenemasas en un hospital de corrientes

Cubilla M. B.¹; Giménez L. I.¹; Méndez Avalos T. G.¹; Pato A. M.¹.

¹Laboratorio de Microbiología, Hospital “Ángela I. de Llano”, Corrientes, Capital, Argentina.

Email de contacto: bacteriologiallano@gmail.com

Introducción: Las infecciones producidas por enterobacteriales productores de carbapenemasas (EPCs) constituyen una amenaza para la Salud Pública ante las limitadas opciones terapéuticas.

Objetivo: Determinar la frecuencia de los tipos de carbapenemasas en enterobacteriales aislados en un Hospital público de Corrientes. Analizar la distribución según especie y su evolución pre/post pandemia. **Métodos:** Estudio descriptivo y retrospectivo de corte transversal. Se analizaron EPCs aislados de muestras clínicas de pacientes admitidos en el Hospital “Ángela I. de Llano” desde el 01/01/2018 al 31/12/2024. Se utilizaron indicadores fenotípicos para la identificación de especies (pruebas bioquímicas manuales para enterobacterias: TSI, citrato, SIM, urea, fenilalanina, etc.) y se emplearon diferentes métodos que dieron sustento a la presencia de algún tipo de carbapenemasa: pruebas de sensibilidad por método de difusión con discos, métodos colorimétricos (Blue Carba), método de Hodge, método de discos combinados (DCM-Brit), método modificado de inactivación de carbapenemes (mCIM); según correspondiera. Las cepas fueron derivadas para su confirmación molecular al INEI-ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán” y al Laboratorio Central de Redes y Programas de la provincia de Corrientes. La información fue recuperada de la base de datos del programa WHONET del Laboratorio y los datos fueron analizados mediante Microsoft Excel. **Resultados:** Sobre un total de 217 EPCs, *Klebsiella pneumoniae* fue la especie más frecuente (73%, n=159) seguido por *Serratia marcescens* (12%, n=27), otras especies fueron aisladas en menor porcentaje. La distribución de carbapenemasas fue KPC (42%, n=92), MBL (38%, n=82) y OXA-163 (12%, n=26). El 8% (n=17) restante correspondió a doble productoras, donde NDM+OXA-163 fue mayoritaria. A partir del 2022 se observó un aumento del porcentaje anual de MBL (NDM), convirtiéndose en el tipo de carbapenemasa predominante en el período post pandemia. **Conclusión:** Resulta fundamental conocer los tipos de carbapenemasas que circulan localmente para ajustar tratamientos empíricos; ya que el incremento de EPCs es una realidad que no escapa a lo documentado a nivel nacional, sobre todo después de la pandemia.

Palabras claves: enterobacteriales, resistencia, carbapenemasas.

Diseminación de clones de alto riesgo de *Pseudomonas aeruginosa* productores de NDM-1

Gattoni N¹; Rapoport M¹; Lucero C¹; de Mendieta JM¹; Grupo PAE-NDM; Pasterán F¹; Corso A¹; Faccone D^{1,2}

¹Servicio Antimicrobiano, Laboratorio Nacional de Referencia en Resistencia a los Antimicrobianos (LNRRA), Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán"

²CONICET

Email de contacto: dfaccone@anlis.gob.ar

Introducción. *P. aeruginosa* (Pae) resistente a carbapenemes es un patógeno asociado al cuidado de la salud de relevancia a nivel mundial. *bla*_{NDM} es una metalo-β-lactamasa ampliamente distribuida en Enterobacterales, pero reportada sólo en forma esporádica en *P. aeruginosa*.

Objetivos. Describir las características fenotípicas, moleculares y genómicas de los primeros aislamientos de Pae productores de NDM. **Materiales y métodos.** Entre 2018 y 2024 se recibieron en el LNRRA 31 aislamientos de Pae portadores de la metalo-carbapenemasa tipo NDM. Los primeros 19 aislamientos se incluyeron en este estudio, y provenían de nueve hospitales de tres jurisdicciones: CABA, Buenos Aires y Córdoba. La sensibilidad se realizó por difusión en agar o microdilución según normas CLSI. La detección de genes se realizó por PCR multiplex. La relación genética se evaluó por SpeI-PFGE. La secuenciación completa de genoma (WGS) se realizó por las tecnologías de Illumina y Nanopore, y se analizaron los ensamblajes híbridos. **Resultados.** 16/19 Pae presentaron perfil de resistencia de difícil-tratamiento (DTR), incluyendo ceftolozano/tazobactam y ceftazidima/avibactam. Solo dos Pae fueron sensibles a aztreonam. Se diferenciaron en 6 pulsotipos por PFGE, siendo el perfil A (n: 13) el dominante. Se analizó el genoma de nueve Pae, y por MLST se identificó que 6/9 pertenecían al ST308, 2/9 al ST274 y 1/9 ST3243. En las Pae ST308 y ST274, el gen *bla*_{NDM} se encontró insertado en el cromosoma, flanqueado por secuencias de inserción IS91. La Pae ST3243 presentó *bla*_{NDM-1} en un plásmido tipo IncC, ampliamente distribuido en enterobacterias y *Acinetobacter baumannii* de Argentina. Los resistomas de los aislamientos fueron diversos. Los aislamientos ST308 y ST274 eran resistentes a quinolonas y presentaron mutaciones en *gyrA*, *gyrB* y/o *parC*. El aislamiento ST3243 presentó AmpC-plásmidico tipo CMY (*bla*_{CMY-6}). Cinco cepas presentaron la metilasa *rmtD* y una *rmtC*. El análisis filogenético del clon ST308 mostró que las Pae de Argentina se agrupan en una rama distinta de los aislamientos internacionales. **Conclusión.** La emergencia y diseminación de Pae productora de *bla*_{NDM-1} en Argentina se encuentra asociada principalmente a los clones de alto riesgo ST308 y ST274. Esta situación alerta de la urgente necesidad de implementar nuevas estrategias para el manejo terapéutico de infecciones causadas por aislamientos clínicos de *Pseudomonas* DTR.

Palabras clave: *Pseudomonas aeruginosa*; Carbapenemasa; NDM

Caracterización genómica de aislamientos clínicos *mcr-1* positivos de enterobacteriales no *Escherichia coli*

Gattoni N¹; Martino F¹; Rapoport M¹; Corso A¹; Faccone D^{1,2}

¹Servicio Antimicrobiano, Laboratorio Nacional de Referencia en Resistencia a los Antimicrobianos (LNR), Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán" ²CONICET

Email de contacto: dfaccone@anlis.gob.ar

Introducción. El gen *mcr*, que confiere resistencia a colistín, ha sido detectado principalmente en *Escherichia coli*, y en forma esporádica en otros bacilos Gram negativos. Este gen esta ampliamente diseminado y fue descrito en aislamientos de origen humano, animal y ambiental. En este estudio se analizaron 11 aislamientos clínicos de enterobacteriales (ETB) distintos de *E. coli*, resistentes a colistin y positivos para *mcr-1*. **Materiales y métodos.** Se estudiaron 11 ETBs derivados al LNRRA entre 2015 y 2023, de 4 jurisdicciones: CABA, Buenos Aires, Córdoba y Chaco. Las especies se confirmaron por MALDI-TOF: *Klebsiella pneumoniae* (n=5), *Salmonella enterica* (n=2), *Citrobacter amalonaticus* (n=2), *Citrobacter youngae* (n=1) y *Shigella sonnei* (n=1). **Resultados.** 10/11 ETB estuvieron disponibles para secuenciación del genoma completo. Dos cepas fueron resistentes solo a colistín (*S. sonnei*, *S. enterica*), dos presentaron CTX-M (*K. pneumoniae*) y 3 AmpC-plasmidico tipo CMY (*C. amalonaticus*:2; *C. youngae*:1). Cuatro cepas presentaron resistencia a carbapenemes: dos *K. pneumoniae* (NDM:1; KPC:1) y un *C. amalonaticus* (NDM) tenían una carbapenemasa, y un *C. amalonaticus* presentó KPC+NDM. 6/10 aislamientos presentaron la variante *mcr-1.1*, y 4/10 *mcr-1.5*. Los ST de las *K. pneumoniae* fueron ST25(2), ST258(1), ST147(1), las 2 *S. enterica* fueron ST19. En 9/10 aislamientos, el gen *mcr-1* se localizó en plásmidos tipo IncI2 (62-63Kb), mientras que en uno se halló en un plásmido IncX4 (33Kb). Ambos tipos de plásmidos portaban *mcr-1* como único gen de resistencia. El gen *mcr-1* se encontró inserto en el transposón Tn6330, tanto en su forma completa (flanqueado por dos ISAp1) como en variantes remanentes sin dichas secuencias. **Conclusión.** Aunque el gen *mcr-1* es poco frecuente en otros ETB distintos de *E. coli*, el plásmido IncI2 juega un papel central en la diseminación de este mecanismo en aislamientos clínicos de Argentina.

Palabras clave: *mcr*, resistencia transferible a colistin, plásmidos

Incremento del potencial antibacteriano de *Bacillus licheniformis* B6 por modificación de las condiciones de cultivo

Pereira W ¹; Cruz Cedolini M ¹; Alfaro J ¹; Rodríguez R ^{1,2}; Petroselli G³ Audisio CM ^{1,2}; Torres MJ^{1,2}

¹Facultad de Ciencias Exactas, UNSa

² Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI - CONICET), Salta, Argentina

³ CIHIDECAR- CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales UBA.

Email de contacto: mariajuliatorres10@gmail.com

Bacillus licheniformis B6, es una bacteria GRAS productora de lipopéptidos, con comprobada actividad antibacteriana frente a patógenos de interés sanitario. En nuestro grupo de trabajo, previamente se registró la máxima actividad inhibitoria con la fracción cruda de lipopéptidos de B6, la cual se obtuvo de un cultivo de 6 días de incubación en medio Luria Bertani (LB), luego de una precipitación ácida del sobrenadante libre de células (SLC) y posterior extracción de lipopéptidos con metanol. El objetivo del presente trabajo fue mejorar las condiciones de cultivo de B6 para aumentar la inhibición frente a *Salmonella* y *Klebsiella* en el SLC, disminuyendo el tiempo de incubación a 3 días y eliminando etapas de purificación. Se estudiaron 4 variables: glucosa (20 g/L), nitrato de amonio (10 g/L), agitación (200 rpm) y adición de carbón activado, sobre un medio basal de sales y agregado de tripteína (10 g/L). Se realizaron diversas combinaciones entre las variables y de cada una se midió por contacto directo a tiempo 0 y 6 horas la viabilidad de los patógenos bacterianos (ufc/mL). El efecto de inhibición se comparó con el SLC de B6 del medio LB y los medios controles. Además, se estudió la formación de biofilm con la técnica de azul de metileno, por medida de absorbancia a 595 nm. La composición de los SLC fue analizada por MALDI-MS. Los resultados a las 6 horas de contacto entre los SLC y las cepas patógenas, mostraron la máxima actividad antibacteriana con la combinación entre glucosa, nitrato de amonio, con agitación y sin presencia del portador poroso (medio que se denominó MBL), logrando una reducción de la viabilidad de *Salmonella* y de *Klebsiella* de 3 órdenes log comparada a la obtenida con el SLC B6 del medio LB y de 5 órdenes comparado a los controles MBL y LB. La formación de biofilm también se vio inhibida por el SLC proveniente del medio MBL, frente a *Salmonella* se redujo de moderada a no formadora de biofilm y frente a *Klebsiella* se redujo de moderada a débil formadora de biofilm, mientras que ambos patógenos frente al medio LB y al SLC de LB presentaron fuerte capacidad de formación de biofilm. Por MALDI-MS, todas las señales detectadas con mayor intensidad en los SLC de B6 fueron compatibles con homólogos de surfactina. En conclusión, un medio de sales con 10 g/L de tripteína, 20 g/L de glucosa, 10 g/L de nitrato de amonio, agitación 200 rpm y solo 3 días de incubación de *B. licheniformis* B6, incrementa el potencial inhibitorio frente a *Salmonella* y *Klebsiella*.

Palabras claves: *Bacillus licheniformis* B6, lipopéptidos, patógenos bacterianos

Prevalencia de *Enterobacterales* resistente a colistina en granjas piscícolas del Nordeste Argentino.

Pellegrini JL¹; Guidoli MG²; Sal FM³; Lösch LS¹; Merino LA¹

¹Instituto de Medicina Regional. Universidad Nacional del Nordeste, Chaco, Argentina.

²Instituto de Ictiología del Nordeste, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina.

³Centro Nacional de Desarrollo Acuícola. Secretaría de Bioeconomía, Corrientes, Argentina.

Email de contacto: juancypelle@gmail.com

Introducción: La aparición y diseminación de bacterias multirresistentes (MDR) en animales de producción se ha consolidado como un fenómeno emergente, con implicancias directas en la seguridad alimentaria y la salud pública mundial. **Objetivos:** Determinar la prevalencia de *Enterobacterales* resistentes a colistina en granjas piscícolas, identificar la presencia de los genes *mcr* y *mgrB*, y evaluar el perfil de sensibilidad frente a otros antimicrobianos. **Materiales y Métodos:** Se llevó a cabo un estudio prospectivo, observacional y transversal entre diciembre de 2021 y abril de 2023 en siete establecimientos piscícolas de las provincias de Chaco, Corrientes y Misiones. Se recolectaron 125 muestras de contenido intestinal de *Piaractus mesopotamicus* (pacú), distribuidas en categorías de alevinaje (n=15), pre-engorde (n=50) y engorde (n=60). Las muestras se preincubaron en agua peptonada bufferada (pH 7,2 ± 0,2) durante 12 h a 37 °C y posteriormente se sembraron en agar MacConkey suplementado con colistina (3 µg/mL). La sensibilidad a colistina se evaluó mediante el método Colistin Agar-Spot (COLTEST®) y la concentración inhibitoria mínima (CIM) de otros antimicrobianos se determinó por microdilución en caldo (Sensititre®), siguiendo recomendaciones CLSI y EUCAST. La detección de los genes *mcr-1* a *mcr-5* y *mgrB* se realizó por reacción en cadena de la polimerasa. Se utilizó el programa SPSS versión 9.0 para el análisis estadístico de las variables de estudio. **Resultados:** Se obtuvieron 16 (12,8%) aislamientos de *Enterobacterales* resistente a colistina, de los cuales 9 se identificaron como *K. pneumoniae*, 3 como *Enterobacter cloacae*, 2 como *Citrobacter koseri*, uno como *Enterobacter sakazakii* y uno como *Klebsiella aerogenes*. De estos, 2 correspondieron a la categoría pre-engorde y 14 a engorde. Todos presentaron una prueba de COLTEST® positiva con un valor de CIM de colistina >4 µg/ mL. No se detectaron genes *mcr-1* a *mcr-5*; en cambio, todos los aislamientos de *K. pneumoniae* fueron positivos para *mgrB*. El perfil de sensibilidad a otros antimicrobianos mostró resistencia a ampicilina-sulbactam (25%), cloranfenicol (69%), ciprofloxacina (19%), levofloxacina (19%), gentamicina (6%), trimetoprima-sulfametoxazol (19%). Todos los aislamientos fueron sensibles a ceftazidima, cefotaxima, amikacina, imipenem y fosfomicina. Se observó que el 69% (11/16) de los aislamientos fueron categorizados como MDR. **Conclusiones:** Nuestros hallazgos demuestran una tasa de resistencia a colistina del 12,8% en los aislamientos de *Enterobacterales* MDR provenientes de granjas de producción de pacú del nordeste argentino y según nuestro conocimiento, este es el primer reporte que describe la epidemiología estos microorganismos en la República Argentina. Estos resultados aportan información clave sobre el fenotipo de resistencia y podrían orientar futuras estrategias de control y prevención de la resistencia antimicrobiana en la producción piscícola de la región.

Palabras claves: resistencia antimicrobiana, colistina, producción piscícola.

Caracterización fenotípica de *Escherichia coli* productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) aisladas de *Musca doméstica* en la ciudad de Lima, Perú

Pineda Castillo, Carlos¹; Villafaña Gómez, Lorena²; Carhuallanqui Pérez, Andrea²; Gómez Marín, Germany¹; Ramos Delgado, Daphne²

¹Laboratorio de Parasitología Veterinaria. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional Hermilio Valdizan, Huánuco, Perú

²Laboratorio de Salud Pública y Salud Ambiental. Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

Email de contacto: cpineda@unheval.edu.pe

La complejidad de la resistencia antimicrobiana (RAM) exige un enfrentamiento de manera integral, donde todos los componentes de la triada epidemiológica estén debidamente atendidos; es así, que el objeto del presente estudio devela el rol que cumplen los insectos sinantropicos, como la *Musca doméstica*, en el mantenimiento de la RAM. En la ciudad de Lima Metropolitana, Perú, se seleccionaron tres distritos de acuerdo con las deficiencias en el servicio de limpieza pública, y en cada uno de ellos se fijaron dos puntos de recolección, uno correspondiente a un establecimiento de salud, y otro correspondiente a un mercado. Alrededor del mediodía, se recolectaron moscas de cada lugar, y en el laboratorio se seleccionó solo *M. doméstica*, mediante claves entomológicas, hasta alcanzar 50 moscas por cada lugar de muestreo; luego de ello se las desinfectó con alcohol 70% y se las trituroó en una suspensión de agua peptonada bufereada, para luego incubarlas por 24 horas a 37 °C; seguidamente se procedió a sembrar e incubar sucesivamente en agar Mac Conkey, agar eosina-azul de metileno y agar cromogénico para coliformes; además de realizar la tinción de Gram y las reacciones bioquímicas en tubo. Para detectar la RAM se aplicó las pruebas de susceptibilidad antimicrobiana y de detección fenotípica de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), según los estándares del Clinical & Laboratory Standards Institute. De 300 moscas analizadas, 153 (51%) fueron portadoras de *E. coli*; de las cuales, 60 (39,2%) fueron productoras de BLEE (EC-BLEE). No hubo diferencia estadística significativa entre lugares de recolección ($p>0.05$). La prevalencia de cepas EC-BLEE del presente estudio reveló un 50% de resistencia a cuatro betalactamicos (3 cefalosporinas de tercera generación y aztreonam). Desde el punto de vista de la ecología de la RAM, la *M. domestica* es un agente que se debería tomar en cuenta en el plan de vigilancia.

Palabras clave: RAM, EC-BLEE, *Musca domestica*

EJE 2

SALUD
AMBIENTAL

Determinación de *Salmonella enterica* en gallinas de sistemas de agricultura familiar en localidades de Formosa

Arbizu Bissaro, Julia⁽¹⁾; Arrieta, Patricia⁽¹⁾; Sajama, marcos⁽¹⁾

¹Universidad de la Cuenca del Plata, Formosa - Argentina

Email de contacto: flacarbizu@gmail.com

La salmonelosis es una enfermedad transmitida por alimentos, causada por bacterias del género *Salmonella*, las cuales pueden colonizar el tracto digestivo y reproductivo de las gallinas, actuando como reservorios del patógeno. Se realizó un estudio cuantitativo, descriptivo y observacional, con el objetivo de determinar la presencia de *Salmonella entérica* en gallinas criadas en sistemas de agricultura familiar en las localidades de Laguna Naineck, Tatané y Riacho He Hé de la Provincia de Formosa. Para ello, se tomaron hisopados en muestras de cáscaras de huevo (12), cloacas (12) y camas (8) de estas aves. El procesamiento se realizó en un laboratorio privado en tres etapas: pre enriquecimiento en agua peptonada, enriquecimiento en caldos Rappaport-Vassiliadis y medio MSRV, aislamiento en agar XLD, SS y MacConkey, seguido de la identificación bioquímica de colonias sospechosas mediante sistema Vitek 2 Compact. El análisis microbiológico no reveló presencia de *S. Enteritidis* ni *S. Typhimurium*, sin embargo, debido al tamaño muestral reducido, no es posible establecer conclusiones definitivas sobre la presencia de *Salmonella entérica* en estos establecimientos, por lo que se sugiere realizar estudios con un mayor número de muestras. Asimismo, es necesario que los consumidores estén conscientes de los riesgos asociados al consumo y manejo de huevos.

Palabras Clave: *Salmonella*, gallinas, huevos

Screening enzimático de proteasas y lipasas en hongos filamentosos

Bojanich MV^{1,2}; López MA^{1,2}; Bravo LI¹; Morales LC¹; Castro MC¹; Sosa MA²

¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste. Corrientes, Argentina

²Instituto de Medicina Regional, Universidad Nacional del Nordeste. Resistencia, Chaco, Argentina

Email de contacto: vivianabojanich@exa.unne.edu.ar

Los hongos filamentosos constituyen una fuente importante de enzimas extracelulares de interés biotecnológico y en procesos naturales de degradación, por lo cual resulta relevante caracterizar su perfil enzimático. El objetivo de este trabajo fue determinar la actividad proteolítica y lipolítica de cepas fúngicas, mediante un *screening* enzimático en cultivo sólido. Se emplearon como sustratos caseína, gelatina y Tween 80, utilizando la metodología de difusión radial en placas. Se sembraron por triplicado los hongos *Chrysosporium indicum*, *Chrysosporium keratinophylum*, *Curvularia lunata* y *Trichophyton ajelloi* en placas de Petri de 9 cm de diámetro, incubadas a 28 °C durante 14 días, evaluándose la formación de halos de hidrólisis o precipitación y clasificándose los resultados en una escala de 0 a 4 según la relación halo/colonia. Los resultados mostraron actividad proteolítica en los cuatro hongos evaluados, siendo más intensa en *C. indicum* (grado 4 en caseína y 3 en gelatina) y *Ch. keratinophylum* (grado 3 en caseína y 4 en gelatina). Para *C. lunata*, la lectura del halo de hidrólisis de caseína se vio dificultada por el tamaño de la colonia, en tanto que, el halo de hidrólisis de gelatina indicó grado 2. *T. ajelloi* presentó halos menores (grado 1–2) para ambas hidrólisis. La actividad lipolítica fue elevada en *C. indicum* (grado 4) y *Ch. keratinophylum* (grado 3), intermedia en *C. lunata* (grado 3) y ausente en *T. ajelloi*. En conclusión, aunque el cultivo en medio sólido presentó limitaciones técnicas para la determinación precisa, este ensayo permitió establecer que las cepas ensayadas secretan principalmente proteasas y lipasas, lo que aporta información relevante para comprender su rol en procesos de degradación biológica.

Palabras clave: enzimas extracelulares, hongos filamentosos, screening enzimático.

Quitinasas de hongos queratinofílicos como alternativa de control frente a huevos de *Toxocara canis*

Bojanich MV^{1,2}; López MA^{1,2}; Bravo LI¹; Morales LC¹; Castro MC¹; Giusiano GE²

¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste. Corrientes, Argentina

²Instituto de Medicina Regional, Universidad Nacional del Nordeste. Resistencia, Chaco, Argentina

Email de contacto: vivianabojanich@exa.unne.edu.ar

La toxocariosis es una zoonosis causada por larvas de *Toxocara canis*, cuyo control ambiental resulta complejo debido a la resistencia de sus huevos, provistos de cubiertas ricas en quitina. El objetivo de este trabajo fue evaluar la producción de quitinasas por hongos queratinofílicos (*Chrysosporium indicum*, *Chrysosporium keratinophylum*, *Curvularia lunata* y *Trichophyton ajelloi*) y su efecto ovicida *in vitro*. Los hongos se cultivaron en medios líquidos suplementados con quitina coloidal, obteniéndose extractos enzimáticos crudos concentrados y dializados. Los huevos embrionados de *T. canis* se incubaron en placas de 96 pocillos con los extractos de quitinasa (25 µl de extracto + 25 µl de suspensión de huevos) y se evaluaron a los 7 y 14 días mediante microscopía invertida, considerando el grado de embrionamiento, formación larvaria y afectación de la cubierta. El grupo control mostró un 73% de huevos larvados viables al día 14, con mínima afectación. En contraste, los extractos fúngicos produjeron alteraciones como adelgazamiento y aumento de permeabilidad de la cubierta, vacuolización del embrión, desorganización interna y larvas inmóviles. En particular, *C. indicum* alcanzó un promedio del 65% de huevos afectados, considerado un nivel alto de actividad ovicida. Estos hallazgos confirman la capacidad de los hongos queratinofílicos para secretar enzimas con acción ovicida y sugieren su potencial como herramienta biotecnológica, representando una alternativa innovadora y sustentable para reducir la viabilidad de huevos de *T. canis* en el ambiente.

Palabras clave: *Toxocara canis*; quitinasas; actividad ovicida

Presencia de *Vibrio cholerae* no O1 no O139 en ambientes acuáticos de la ciudad de Resistencia, Chaco

Carpio Díaz JE¹; Quiroga MP¹, Centrón D¹, Pellegrini, JL², Lösch LS², Merino LA²

¹Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica, Facultad de Medicina (UBA-CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Medicina Regional (UNNE), Resistencia, Chaco, Argentina

Email de contacto: luisantoniomerino@gmail.com

Introducción: El cólera es causada por los serogrupos O1 y O139 de *Vibrio cholerae*, sin embargo, otros serogrupos de *V. cholerae* que no producen toxina colérica son agentes etiológicos de gastroenteritis menos graves y otras patologías no gastrointestinales. *V. cholerae* no toxigénicos se encuentran habitualmente en ambientes acuáticos y los humanos pueden infectarse al beber agua o ingerir alimentos contaminados por la bacteria. **Objetivo:** Detectar la presencia de *Vibrio cholerae* en ambientes acuáticos en la ciudad de Resistencia, Argentina. **Materiales y Métodos:** Durante el mes de noviembre de 2024 se recolectaron 5 litros de agua de los siguientes sitios: Río Negro (-27.4367, -58.9794), Laguna Argüello (-27.4535, -58.9735), Laguna Francia (-27.4399, -58.9660) y Laguna Seitor (-27.4366, -59.0059). Para cada muestreo se registraron pH y turbidez. Un litro de cada muestra fue filtrado a través de membranas de nitrocelulosa de 0,45. Luego de la filtración, las membranas fueron colocadas en Agua Peptonada Alcalina y se incubaron a 35±2°C durante 24 hs. Para el aislamiento de *Vibrio*, el caldo de enriquecimiento fue subcultivado en agar Tiosulfato Citrato Bilis Sacarosa (TCBS) durante 24 horas a 35±2°C. Las colonias amarillas compatibles con *Vibrio* en medio TCBS se repicaron en agar Agar Tripteína Soya. A las 24 horas de incubación se realizaron pruebas de identificación bioquímica mediante el sistema semiautomatizado Sensitrite®. El género, la especie y el serotipo fueron determinados mediante secuenciación utilizando la plataforma Illumina®. **Resultados:** Se obtuvieron tres aislamientos de *V. cholerae* no-O1 no-O139, dos de ellos recuperados de la Laguna Seitor (-27.4365, -59.0059) y uno del Río Negro (-27.4367, -58.9794). El promedio de pH fue de 7,3 (7,00-7,60). La media de temperatura fue de 26,4°C (26,4-26,8°C). Mediante secuenciación se constató que los tres aislamientos no poseían relación clonal. Las cepas mostraron diferencias en algunas pruebas bioquímicas. **Conclusión:** Es llamativo el aislamiento de dos cepas diferentes en el mismo cuerpo de agua. La detección de *V. cholerae* en aguas de uso recreacional en áreas urbanas sugiere que estos ecosistemas poseen condiciones propicias para constituirse en un reservorio para esta especie, lo que favorecería el resurgimiento del cólera o la emergencia de enfermedades relacionadas con esta bacteria.

Palabras clave: *Vibrio cholerae*, ambientes acuáticos, Resistencia

Inhibición del crecimiento del hongo fitopatógeno *Cylindrocladium* sp. por aceites esenciales

Ortiz, N.L.^{1,2}; Prieto, M.C.³; Duarte, M.J.^{1,2}; Sansberro, P.^{1,2}; Galdeano, E.^{1,2}

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina.

²Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET–UNNE), Corrientes, Argentina.

³Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

Email de contacto: ernesgaldeano@gmail.com

El género *Cylindrocladium* (Cy) incluye numerosas especies de hongos fitopatógenos, que afectan más de 350 especies vegetales de regiones tropicales y subtropicales. En Argentina se encuentra como patógeno de *Ilex paraguariensis*, produciendo la mancha negra de la yerba mate (YM). Esta enfermedad está asociada a la defoliación, provocando importantes pérdidas de rendimiento. En búsqueda de alternativas naturales de control, para disminuir el uso de agroquímicos y sostener la salud de los agroecosistemas, el objetivo de este trabajo fue evaluar *in vitro* la actividad inhibitoria del crecimiento de los aceites esenciales (AEs) de las plantas aromáticas Lavanda (*Lavandula angustifolia*: LA), Laurel (*Laurus nobilis*: LN), Ruda (*Ruta graveolens*: RG) y Aguaribay (*Schinus molle*: SM) contra el hongo fitopatógeno *Cylindrocladium* sp. Los AEs fueron obtenidos mediante hidrodestilación, y su composición química fue determinada por CG-EM. Para evaluar la inhibición del crecimiento se utilizó como inóculo un cultivo de 14 días de Cy, del cual se obtuvieron discos de 4 mm de diámetro, y se colocó en una placa de Petri conteniendo medio formulado con YM. En cada tratamiento, dos discos de papel filtro embebidos en el AE fueron colocados opuestos entre sí, cerca del borde de la placa. En el control los discos fueron embebidos con agua destilada. El diámetro de colonia se midió a lo largo de 15 días. Los principales compuestos de los AEs fueron: LA (39% linalol, 15% alcanfor, 13% eucaliptol), LN (61% eucaliptol, 9% beta-terpinil acetato, 8% sabineno, 7% cis-sabineno hidrato). RG (41% 2-undecanona y 39% 2-nonanona). SA (29% α -feladreno, 11% limonene y 8% camfeno). Se realizó un ANOVA y prueba de comparaciones múltiples de Tukey ($\alpha = 0,05$) evidenciando que LA presentó el mayor efecto inhibitorio ($52 \pm 1,15$ mm), presentando diferencias significativas en relación con el control ($78,33 \pm 0,88$ mm) y los otros AE. En contraste, los aceites de LN y SM registraron una menor inhibición del crecimiento fúngico, mientras que SM no se diferenció del control. Los resultados mostraron que LA expresó mayor actividad fungistática contra Cy, constituyendo potenciales herramientas para el control de la mancha negra de la yerba mate.

Palabras clave: Control natural - Bioactividad – Yerba mate

Niveles de ocratoxina A en pacientes dializados de la ciudad de Posadas

Velázquez, E¹; Weller, B¹; Klein, AA¹; Almada AC¹; Sosa, VME¹; Mereles Rodríguez, BE¹; Vedoya, MC¹

¹Aislamientos Fúngicos de Interés Médico. Programa de Micología. Laboratorio "Dra. Martha Gladys Medvedeff".

Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones.

Email de contacto: ernestovelazquez@fcegyn.unam.edu.ar

Las micotoxinas son compuestos químicos tóxicos, producidas por cepas toxigénicas de hongos filamentosos como metabolitos secundarios. Son contaminantes naturales de los alimentos y la presencia a niveles superiores a los establecidos representa un riesgo para la seguridad alimentaria. En la actualidad, es la toxicidad producida por exposiciones repetidas a bajas concentraciones las que producen los efectos crónicos más preocupantes. Las ocratoxinas constituyen un grupo de compuestos derivados de isocumarina unida a L-β-fenilalanina. La ocratoxina A (OTA) la más importante respecto a la salud humana. Los de hongos productores de OTA pertenecen a los géneros *Aspergillus* y *Penicillium*, entre los más importantes. Ocratoxina A tiene un potente efecto nefrotóxico y es, además, hepatotóxica, inmunotóxica, mielotóxica, carcinogénica y teratogénica, afecta al corazón e interfiere con los factores de la coagulación. Poco se sabe sobre los niveles de ocratoxina A en la población.

Los objetivos de este trabajo fueron evaluar los niveles de ocratoxina A en sangre de pacientes dializados de la Ciudad de Posadas, Misiones, Argentina por una técnica de ELISA y conocer los hábitos alimenticios de los pacientes dializados de dos servicios de diálisis de la ciudad. Las muestras fueron analizadas método comercial de ELISA competitivo. Cada muestra fue sometida a un proceso de extracción, descripta para suero porcino, adaptada a suero humano.

Se procesaron 39 muestras de pacientes de dos centros de diálisis de la ciudad de Posadas, de ambos sexos: 10 femeninos y 29 masculinos, entre 17 y 84 años. Todas las muestras analizadas presentaron niveles detectables de OTA con una mediana de 1,250 ng mL⁻¹. No se observaron diferencias estadísticas significativas entre los niveles de OTA, sexo ni edad. El 94,9% de los participantes consignó que consumir semanalmente productos con harina, almidón, arroz y yerba mate; la totalidad, declaró consumir semanalmente fideos y maíz. No se observaron diferencias estadísticas significativas entre el tipo de alimento consumido y los niveles de OTA en sangre. Se logró evaluar los niveles de OTA en pacientes dializados. Se pudo conocer los hábitos alimenticios de los pacientes a través de una pequeña encuesta considerando los alimentos más frecuentes asociados a OTA.

Palabras clave: ocratoxina A, suero, alimentos.

EJE 3

INFECCIONES
VECTORIALES

Caninos domésticos de ambientes rurales infectados con hemopatógenos de Salta, Argentina

García Ríos, I.J.M.^{1,2}; Sebastián, P.S.³; Trova G.B.¹; Binda, J.A.¹; Sánchez Negrette, O.¹; Nava, S.³

¹Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Universidad Católica de Salta. Campus Castañares s/n, Salta (4400), Argentina.

²Centro Científico Tecnológico (CCT) CONICET Salta-Jujuy, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Salta (4400), Argentina.

³Laboratorio de Inmunología y Parasitología, Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL), Estación Experimental Agropecuaria Rafaela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ruta 34 km 227, Rafaela, CP 2300, Santa Fe, Argentina.

Email de contacto: nachog360@gmail.com - ijmgarcia@ucasal.edu.ar

Anaplasma platys, *Babesia vogeli* y *Ehrlichia canis* son hemopatógenos transmitidos por garrapatas del complejo *Rhipicephalus sanguineus*. *Ehrlichia canis* y *A. platys* pertenecen a la familia Anaplasmataceae. *Ehrlichia canis* es causante de la ehrlichiosis monocítica canina afectando principalmente a los leucocitos mononucleares, mientras que *A. platys* es el agente etiológico de la trombocitopenia cíclica canina afectando a las plaquetas circulantes. *Babesia vogeli* es un parásito protozoario del orden Piroplasmida, causante de la Babesiosis Canina. El objetivo del trabajo es determinar la presencia de los hemopatógenos parásitos mediante la técnica molecular de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en caninos en Unidades Productoras Familiares del este de la provincia de Salta, Argentina. El estudio se llevó a cabo en las localidades de Rivadavia Banda Sur (24°11'00"S 62° 53'00"O), Rivadavia Banda Norte (23°28'00"S 62°53'00"O) y Pichanal (23°19'24"S 34°13'29"O) de la provincia de Salta, Argentina entre los años 2021 al 2024. Se muestrearon, al azar, perros domésticos (*Canis familiaris*). Las muestras de sangre se conservaron en tubos con anticoagulante (EDTA) y luego a -20°C hasta su análisis. Se hizo la extracción de ADN con el Kit comercial High Pure PCR Template Preparation Kit (Roche Life Science) siguiendo el protocolo descrito de fábrica. Para determinar la presencia de los microorganismos, utilizamos el gen 16S rRNA para la familia Anaplasmataceae para los géneros *Anaplasma* y *Ehrlichia* y para el orden Piroplasmida utilizamos el gen 18S rRNA para los géneros *Babesia* y *Theileria*. Los productos obtenidos fueron corridos en gel de agarosa 1,5% y observados por un transiluminador. Las muestras positivas fueron purificadas (QIAquick PCR Purificación Kit - QIAGEN, Valencia, California) y posteriormente secuenciados en la Unidad de Genómica del Instituto de Biotecnología del INTA Castelar. A fin de identificar las especies de los microorganismos, se analizaron las secuencias mediante herramientas de software filogenética (MEGA 5.05). Se muestrearon un total de 78 caninos seleccionados al azar. Se realizaron PCR a 77 muestras resultando 21 (27%) positivas: once a *E. canis*, seis a *A. platys*, dos a *Anaplasma* sp. y dos a *B. vogeli*. No se pudo detectar coinfecciones. En Argentina se han realizado investigaciones en las regiones del nordeste, litoral y centro del país sobre diversos microorganismos transmitidos por garrapatas en caninos. No obstante, en el noroeste argentino la información disponible es limitada. En este contexto, el presente estudio contribuye al conocimiento epidemiológico de hemopatógenos transmitidos por garrapatas que afectan a caninos en ambientes rurales de la provincia de Salta, Argentina.

Palabras claves: caninos; hemopatógenos; Salt

Control biológico de *Rhipicephalus microplus* con *Beauveria bassiana* en vehículo oleoso

Matwiejuk, Y.M.¹; Taube, S.²; Gimenez, J.²; Vera, D.²; Ibarra, M.²; Romero, A.²; Salinas, N.²; Lozina, L.²

¹Ministerio de Economía Hacienda y Finanzas (MEHyF), Formosa, Argentina. ²Centro de Investigación y Transferencia (CIT), Formosa, Argentina.

Email de contacto: yeniamicol@gmail.com

La garrapata del ganado, *Rhipicephalus microplus*, es una especie de huésped único que causa grandes pérdidas económicas y transmite patógenos en el ganado a nivel mundial. La dependencia del control químico ha provocado el surgimiento de cepas resistentes y problemas de residuos, incentivando la búsqueda de alternativas sostenibles, como los hongos entomopatógenos. El uso de *Beauveria bassiana* se destaca como una estrategia prometedora, aunque su aplicación contra *R. microplus* requiere mayor investigación. El objetivo de este estudio fue evaluar la patogenicidad y el efecto sobre los parámetros reproductivos de un producto a base de *B. bassiana* proporcionado por la empresa Fitoquímica, con y sin vehículo oleoso, sobre teleoginas (hembras ingurgitadas) de *R. microplus* bajo condiciones controladas de laboratorio. Fueron utilizadas 120 teleoginas ingurgitadas en n=10, sometidas a cuatro tratamientos por triplicado: control con agua, control oleoso (30% aceite mineral Ewe®), producto puro y la combinación del producto con un 30% del vehículo oleoso. La concentración inicial del producto fue de $1,82 \times 10^7$ conidios/mL determinado por conteo en cámara de Neubauer, y una viabilidad del 85%. El uso del vehículo oleoso fue crucial para mejorar la adhesión de los conidios a la cutícula de las teleoginas, optimizando la interacción entre el hongo y el parásito. Las hembras ingurgitadas fueron sumergidas por dos minutos a los diferentes tratamientos e incubadas a 27°C y HR≥80% para evaluar la mortalidad y los índices reproductivos durante 39 días. Los resultados demostraron que el tratamiento combinado del producto con *B. bassiana* y el vehículo oleoso fue el más eficaz. Este tratamiento logró una inhibición de la ovoposición de hasta un 90% en comparación con el control, además de reducir drásticamente el peso promedio de la masa de huevos (una diferencia de -1,41 g respecto al testigo) y el porcentaje de eclosión fue solo de un 10%. El análisis estadístico confirmó que todos los tratamientos mostraron una diferencia significativa respecto a los controles. En conclusión, el producto comercial de *Beauveria bassiana* en combinación con un vehículo oleoso es altamente eficaz para inhibir el ciclo extraparasitario de *R. microplus* afectando significativamente su capacidad reproductiva y confirmando su potencial como una herramienta biológica para el control de la garrapata del ganado.

Palabras clave: *Beauveria bassiana*, *Rhipicephalus microplus*, hongos entomopatógenos.

EJE 4

ENFERMEDADES
ZOONÓTICAS
EMERGENTES

Epidemiología, reservorios y clínica del síndrome pulmonar por hantavirus, el litoral argentino

Bellomo, C.¹; Alonso, D.¹; Kehl, S.¹; Gíslak, J.¹; Periolo, N.¹; Martínez, V.P.¹

¹Laboratorio Nacional de Referencia para Hantavirus. Departamento de Virología. INEI-ANLIS "Dr. C. G. Malbrán", Buenos Aires, Argentina.

Email de contacto: cbellomo@anlis.gob.ar

El síndrome pulmonar por hantavirus (SPH) es una zoonosis emergente, transmitida por roedores sigmodontinos, sus reservorios naturales. En Argentina, la mayor carga de casos se concentra en norte, sin embargo, en el Litoral (Chaco, Corrientes, Entre Ríos, Formosa, Misiones y Santa Fe) se han registrado casos aislados. Esta región comparte características ecológicas con Brasil y Paraguay, donde se ha documentado presencia de reservorios y variantes virales similares. Nuestra hipótesis es que el estudio de indicadores epidemiológicos permite evaluar un posible subregistro de casos y aporta información crítica para la vigilancia del SPH y la respuesta sanitaria. El objetivo es comparar las características de los roedores silvestres y de casos de SPH registrados en el Litoral argentino, con las de regiones endémicas que presenten escenarios ecológicos semejantes y obtener información para sugerir medias de acción. Se compiló una serie retrospectiva de 106 casos de SPH (según definición de caso confirmado de MinSal), provenientes del Litoral argentino (1996–2025), obtenidos de los registros oficiales del Laboratorio Nacional de Referencia para Hantavirus y sus principales características epidemiológicas se compararon con las demás regiones. Observando la severidad del SPH, se contrastó la distribución de grados I–IV, según García (2017) y la proporción de casos graves (III–IV) del Litoral frente a los porcentajes nacionales (chi-cuadrado). Para los días de evolución promedio, se utilizó prueba t de Welch. Se determinó el genotipo viral infectante por medio de extracción de RNA total, amplificación por RT-PCR y secuenciación (Bellomo, 2015). La comparación con secuencias virales publicadas en GenBank y la reconstrucción filogenética (Máxima verosimilitud, MEGA XI, IQ-Tree) permitió la identificación de los genotipos virales. Asimismo, se revisó la literatura sobre ecología de roedores y caracterización molecular de hantavirus en Brasil y Paraguay. Los 106 casos de SPH representan el 6,3% del total nacional. Entre Ríos y Santa Fe concentraron más del 90% de los registros, siendo la cantidad de casos por provincia: Chaco, 1; Corrientes, 2; Entre Ríos, 59; Formosa, 2; Misiones, 5 y Santa Fe, 37. La edad promedio fue de 34 años, con predominio masculino (80%). La mayor frecuencia de casos se observó en verano y otoño. Se detectaron múltiples genotipos virales (1 caso infectado con virus Andes, 15 con Lechiguana, 2 con Alto Paraguay, 1 con Jujutiba y 1 con Laguna Negra), coherentes con reservorios sigmodontinos reportados en el Litoral, Paraguay y Brasil. En este último, desde 1993 se notificaron más de 2.000 casos, con letalidad del 30–40%. Los reservorios predominantes son *Oligoryzomys nigripes* y *Akodon montensis*, (virus Jujutiba y Araraquara). En Paraguay, brotes esporádicos en la región oriental, mostraron circulación de Laguna Negra y Jujutiba en *O. nigripes* y *Akodon spp.*, y letalidad cercana al 40%. Estas evidencias muestran un corredor ecológico de circulación viral en toda la ecorregión. El Litoral presenta una carga relativamente baja de SPH, con un perfil con mayor proporción de casos leves–moderados ($\chi^2=17,95$; $df=4$; $p<0,001$) y una proporción de graves similar al promedio nacional ($\chi^2=2,15$; $p=0,14$). Esto sugiere que los cuadros graves, tendrían más posibilidades de ser detectados como SPH, mientras que los leves podrían estar subrepresentados. En sintonía, el lapso entre la fecha de inicio de síntomas y toma de muestra promedio en el litoral fue de 7,3 días; significativamente mayor al nacional (5,9; $p<0,05$), lo que sugiere detección más tardía y contribuye a la hipótesis de sub diagnóstico por la falta de sospecha clínica. La convergencia de reservorios y diversos genotipos virales, con los descritos en los países limítrofes, junto a otros factores socio-ecológicos que favorecen el contacto humano con roedores infectados sugiere un escenario dinámico de circulación viral, con potencial de brotes. La comparación regional resalta la necesidad de fortalecer la vigilancia integrada.

Palabras claves: síndrome pulmonar por hantavirus; litoral argentino; zoonosis

Prevalencia y manifestaciones clínicas de onicomicosis en adultos residentes en Encarnación, Paraguay

Verónica López Sánchez; Marina Marlene Martínez Silvero

Universidad del Norte Sede Encarnación.

Email de contacto: lopezsanchezveronica990724@gmail.com

La onicomicosis es una infección ungueal causada principalmente por dermatofitos y levaduras, que constituye un desafío diagnóstico y terapéutico en la población adulta. El objetivo de la investigación fue describir la prevalencia y las manifestaciones clínicas de onicomicosis en adultos residentes en el casco urbano de la ciudad de Encarnación, Paraguay, entre agosto y octubre de 2024. El estudio fue descriptivo, con enfoque mixto y diseño de triangulación concurrente (DITRIAC). El muestreo fue no probabilístico por conveniencia e incluyó a 26 participantes que cumplieron criterios de inclusión, como edad mayor a 18 años, residencia en el área de estudio y consentimiento informado, excluyéndose a quienes recibían tratamiento antifúngico o presentaban patologías que alteraran la lámina ungueal. El área de trabajo correspondió al Laboratorio de Microbiología de la Facultad de Medicina de la Universidad del Norte de Encarnación, donde se recolectaron las muestras de láminas ungueales. Estas fueron procesadas mediante examen directo con KOH al 10% y cultivo en agar Sabouraud glucosado y Sabouraud con actidiona. De las 26 muestras, 19 (73%) presentaron cultivos positivos: 12 correspondieron a *Trichophyton spp.* (46%), 4 a *Candida spp.* (15%) y 3 a coinfecciones de ambos géneros (12%). Las 7 muestras restantes (27%) resultaron negativas. En cuanto a las manifestaciones clínicas, se observaron engrosamiento ungueal en 17 casos (65%), decoloración amarillenta en 15 (58%) y onicolisis en 11 (42%). Los resultados confirman la alta prevalencia de onicomicosis en la población estudiada y resaltan la necesidad de fortalecer estrategias de prevención, diagnóstico temprano y tratamiento oportuno.

Palabras clave: Onicomicosis; Dermatófito; Población adulta.

***Trichophyton benhamiae*: caso clínico de una dermatofitosis zoonótica emergente en Argentina**

Rey, M.¹; Cerrina, C.¹; Wendorff M.¹; Medina W.¹; Ingolotti S.¹; Maggi L.¹; Sollosqui L.¹

¹Laboratorio Centro Rossi, Sector Microbiología II, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

Email de contacto: reymicaela.mr@gmail.com / mrey@cdrossi.com

Trichophyton benhamiae es un dermatofito zoofílico emergente asociado principalmente a cobayos (*Cavia porcellus*) y responsable de dermatofitosis humanas de variada expresión clínica, desde formas inflamatorias que requieren tratamiento sistémico hasta lesiones leves tratables con antifúngicos tópicos. En los últimos años se ha registrado un incremento sostenido de casos en Europa y Sudamérica, con reportes en Argentina desde 2020. El objetivo del presente trabajo es presentar un caso clínico de dermatofitosis por *T. benhamiae* y destacar la importancia del nexo epidemiológico en el diagnóstico, tratamiento y control de esta zoonosis. Se describe un paciente masculino de 51 años con lesión eritematodescamativa en antebrazo, muñeca y mano de ocho meses de evolución, con antecedente de contacto con un cobayo enfermo. Las muestras clínicas se procesaron con examen directo en KOH 20%, que evidenció hifas hialinas septadas compatibles con dermatofitos, y cultivo en medios agar específicos que mostró colonias blanquecinas con reverso amarillento. El examen microscópico con azul de lactofenol reveló microconidios globosos en racimos compatibles con el complejo *T. interdigitale*, y la identificación definitiva se obtuvo mediante MALDI-TOF, que confirmó *T. benhamiae* (99,9%). El paciente recibió tratamiento con itraconazol oral (200 mg/día por 15 días) y terapia tópica combinada con betametasona y clotrimazol, presentando evolución favorable y curación completa a las tres semanas. Paralelamente, el cobayo afectado recibió atención veterinaria y tratamiento, junto con medidas de higiene y desinfección ambiental para la familia. En conclusión, este caso clínico documenta la emergencia de *T. benhamiae* en Argentina y subraya la necesidad de incorporar técnicas moleculares para un diagnóstico certero y vigilancia epidemiológica eficaz; asimismo, pone en relieve el valor del nexo epidemiológico humano–animal para orientar la sospecha diagnóstica y establecer medidas de control que prevengan la diseminación de este hongo tanto en humanos como en animales.

Palabras clave: Dermatitis, Zoonosis, Cobayos

Validación preliminar de las condiciones químicas y térmicas para la detección de *Ehrlichia spp* a través de biología molecular

Vega LE¹; Busellato MV¹; Montesi AM¹; De Biasio MB¹; Cardozo RO¹; Cainzos RP¹; Maruñak SL¹

¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste. Sargento Cabral 2139. (3400).

Corrientes, Argentina

Email de contacto: silvana.marunak@vet.unne.edu.ar

El género *Ehrlichia spp.* comprende bacterias gram negativas, intracelulares, responsables de enfermedades en animales y el hombre. Es necesario un diagnóstico rápido y preciso, para el manejo clínico y control de la enfermedad. El objetivo del trabajo fue determinar las condiciones químicas y térmicas para la detección del género *Ehrlichia* a través de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Se evaluaron 2 pares de oligonucleótidos cebadores (groEL y DSB-dsb) obtenidos mediante análisis de PCR in Silico utilizando el sistema Bioinformático BLAST (herramienta básica de búsqueda de alineación local). Se optimizaron las condiciones químicas y físicas para una PCR de punto final dirigida a un fragmento específico del genoma de *Ehrlichia spp.* Los productos obtenidos fueron separados mediante electroforesis en gel de agarosa al 2% teñido con bromuro de etidio y posteriormente visualizados por medio de transiluminación UV. El par de cebadores groEL, no generó un producto de amplificación visible, mientras que el par DSB-dsb generó un producto de amplificación específico de 409 pb compatible con *Ehrlichia spp.* La evaluación de especificidad de los cebadores DSB-dsb no generó bandas de amplificación de 409 pb. específicas con ADN de *Anaplasma spp.*, *Hepatozoon spp.* y *Leishmania spp.*, obteniéndose resultados negativos.

Palabras claves: PCR, ADN, Ehrlichia

EJE 5

PARASITOSIS
ENDÉMICAS

Límite de detección de una reacción de PCR para *Trypanosoma evansi*

Busellato, María Victoria¹, Montesi Alicia¹, Maruñak Silvana¹; Esquivel Graciela¹; De Biasio María Bárbara¹

¹Servicio Veterinario de Biología Molecular. Sargento Cabral 2139, (3400) Corrientes - Facultad de Ciencias Veterinarias, (U.N.N.E).

Email de contacto: victoriabusellato@gmail.com

La tripanosomiasis es una enfermedad parasitaria, de alta prevalencia en hábitats de humedales con abundante presencia de animales portadores y vectores transmisores, pudiendo afectar a diferentes especies animales tanto domésticas como salvajes. En algunos equinos, las manifestaciones clínicas pueden ser inespecíficas dificultando el diagnóstico, manejo profiláctico poblacional y el tratamiento apropiado. La PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) es una herramienta sensible y específica para la detección de genoma de *T. evansi* en distintas muestras de pacientes. Sin embargo, la eficacia diagnóstica depende de la capacidad de la técnica para detectar cantidades mínimas de ADN parasitario en el huésped, es por ello que resulta importante determinar su límite de detección. Existen múltiples estudios referidos a cebadores para la detección molecular de *T. evansi*, algunos de ellos utilizan como secuencias blanco el gen de la RoTat 1.2 VSG, el ADN cinetoplástico (kDNA) o la región ITS, cuyos límites de detección varían ampliamente dependiendo del protocolo, la calidad del ADN y las condiciones térmicas del ensayo. El objetivo del presente estudio fue determinar el límite de detección de genoma de *T. evansi* de una PCR utilizando oligonucleótidos específicos ESAG 6/7. Como materiales y métodos se utilizaron seis diluciones seriadas (1/10) de ADN específico del parásito, cuantificado (6.55ug/ul) cedido por el Laboratorio de Biología Molecular INTA-Mercedes. La amplificación se realizó en un volumen final de 25ul con Buffer de PCR, 0.5uM de cada cebador; 0,2mM de una mezcla equimolecular de dNTPs, 0,75U de Taq ADN polimerasa y 1,5mM MgCl₂. Las condiciones térmicas fueron: desnaturalización inicial: 94°C por 4min, luego 35 ciclos de desnaturalización a 94°C por 60 s; pegado de primer: 57°C por 60 s; extensión: 72°C por 60 s y una extensión final: 72°C por 5min. Cada corrida incluyó un control negativo (agua). El producto obtenido fue separado por electroforesis en gel de agarosa 2% en TBE, teñido con bromuro de etidio y visualizado por transiluminación UV. El resultado observado fueron bandas de amplificación específicas en las cuatro primeras diluciones. En conclusión, quedó establecido un límite de detección de 0.65ng/ul para dicha técnica, respaldando la alta sensibilidad de los cebadores utilizados como también la importancia de la implementación de metodologías claves para mejorar la detección temprana, el control epidemiológico y la aplicación de estrategias terapéuticas más eficaces en contextos donde la enfermedad representa un desafío sanitario y productivo.

Palabras claves: PCR, ADN, *Trypanosoma*

Optimización de condiciones experimentales para la identificación de ADN de *Trypanosoma evansi* en equinos

Busellato, María Victoria¹, Montesi Alicia¹, Maruñak Silvana¹; Esquivel Graciela¹; De Biasio María Bárbara¹.

¹Servicio Veterinario de Biología Molecular. Sargento Cabral 2139, (3400) Corrientes - Facultad de Ciencias Veterinarias, (U.N.N.E).

Email de contacto: victoriabusellato@gmail.com

La Trypanosomiasis equina es una enfermedad de alta prevalencia en zona de humedales donde habitan animales que actúan como reservorios. En la mayoría de los hospedadores *T. evansi* puede inducir infecciones clínicas leves o un estado subclínico de portador con baja parasitemia en el que resulta difícil poner de manifiesto los parásitos. Su curso agudo, paresiente o crónico, anemizante ponen en riesgo la vida del paciente. Los signos clínicos son orientativos, pero no lo suficientemente patognomónicos, por lo que el diagnóstico debe confirmarse mediante pruebas de laboratorio. La detección del genoma parasitario mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) constituye un método sensible y específico, útil para la implementación temprana de medidas profilácticas y terapéuticas apropiadas. El objetivo del presente trabajo fue optimizar una técnica molecular para la detección de ADN de *T. evansi* en muestras de equinos. En el Servicio Veterinario de Biología Molecular se ensayaron diferentes condiciones para la amplificación de un fragmento de ADN repetitivo de minicromosomas del parásito por reacción en cadena de la polimerasa (PCR), conteniendo en un volumen final de 25ul: 1X de Buffer de PCR, 0.001mM de cada cebador (TBR1/2 Fw y TBR1/2 Rew); 0,2mM de una mezcla equimolecular de dNTPs, 1.5U de Taq ADN polimerasa y 1,5mM MgCl₂. Se utilizó como control positivo muestras ADN parasitario cedidas por el Laboratorio de Biología Molecular del INTA-Mercedes. Las condiciones de amplificación ensayadas fueron: desnaturalización inicial: 94°C por 3 min, luego 30 ciclos de desnaturalización a 94°C por 60 s; pegado de primer: 60°C-61°C-62°C por 60 s; extensión: 72°C por 60 s y una extensión final a 72°C por 5min. El producto de amplificación específico de 164 pb fue separado por electroforesis en agarosa 2% en TBE 1X, teñido con bromuro de etidio y visualizado por transiluminación UV. El análisis mostró bandas de amplificación detectables del tamaño esperado en los controles positivos cuando la temperatura de pegado de los oligonucleótidos fue de 60°C, siendo no detectable a 61°C o 62°C. Inicialmente, se utilizó una reacción a 60°C, observándose tanto la banda específica de 164 pb, como bandas inespecíficas. Por ello, se evaluaron temperaturas mayores de pegado para incrementar la especificidad, sin lograr amplificar la secuencia diana. Se propone que la mayor especificidad podría alcanzarse ajustando las condiciones de concentración de magnesio. El uso de oligonucleótidos que reconocen secuencias repetidas en el genoma parasitario mejora la sensibilidad de la técnica, permitiendo detectar menores cantidades de parásitos en la muestra. La detección de ADN parasitario mediante una PCR sensible y específica, en combinación con técnicas parasitológicas podría contribuir al diagnóstico y facilitar la implementación de estrategias de control de la enfermedad.

Palabras claves: PCR, ADN, *Trypanosoma*

Signos neurológicos causados por *Babesia bovis* en bovinos jóvenes del NEA

Cabaña Norma¹, Segovia Stefani Lautaro¹, Mansilla Fernandez, Silvia L.¹, Delgado María B¹, Rossner María Victoria¹

¹Estación Experimental INTA Colonia Benítez.

Email de contacto: rossner.mariav@inta.gob.ar

La babesiosis bovina es una enfermedad hemoparasitaria causada por protozoos del phylum *Apicomplexa*, principalmente *Babesia bovis* y *Babesia bigemina*, transmitidos por la garrapata común del bovino (*Rhipicephalus microplus*). Junto con la anaplasmosis, producida por *Anaplasma marginale*, integran el complejo conocido como “tristeza bovina”, una de las principales limitantes sanitarias de la ganadería bovina en el nordeste argentino. En esta región, la babesiosis es frecuente, con mayor incidencia durante el otoño, manifestándose generalmente como brotes esporádicos en bovinos mayores de un año, dado que la inmunidad adquirida por exposición temprana o calostrada persiste hasta los ocho a nueve meses de edad. La infección por *B. bovis* se caracteriza por un período de prepatencia de aproximadamente siete días. Clínicamente, cursa con hipertermia, anemia hemolítica, ictericia y hemoglobinuria. En casos severos, puede presentarse compromiso neurológico asociado a la adhesión y secuestro de eritrocitos parasitados en capilares cerebrales, lo que produce signos como depresión, ataxia, temblores musculares, opistótonos, movimientos de pedaleo en decúbito y muerte súbita. A la necropsia pueden observarse meninges, cerebro y cerebelo congestivos. El objetivo de este trabajo es describir un caso clínico de babesiosis cerebral en una ternera de siete meses de edad y detallar el procedimiento diagnóstico que permitió confirmar el agente etiológico. El caso ocurrió en un rodeo de cría de la Estación Experimental Agropecuaria INTA Colonia Benítez en el otoño, post destete de los terneros. Durante el arreo, una ternera mostró debilidad progresiva y reticencia a la marcha. Al examen clínico se encontró en decúbito esternal, con disnea y temperatura corporal elevada. Minutos después, desarrolló signos neurológicos agudos: pedaleo en decúbito lateral, movimientos bruscos de cabeza y cuello, y convulsiones, culminando con la muerte del animal. En la necropsia se observó leve congestión meningoencefálica. Se realizaron improntas de cerebro, hígado, bazo y riñón, además de frotis sanguíneos. Las preparaciones fijadas y teñidas con Giemsa fueron observadas al microscopio (100×). En la impronta de cerebro se evidenciaron capilares con eritrocitos parasitados por *B. bovis*, mientras que las muestras de otros órganos resultaron negativas. Este hallazgo en un animal joven resalta la importancia de considerar la babesiosis como diagnóstico diferencial en casos de sintomatología nerviosa en bovinos menores de un año y tomar muestras cerebrales. El reconocimiento y confirmación oportuna de estos casos son fundamentales para la toma de decisiones terapéuticas y epidemiológicas adecuadas en los rodeos de la región.

Palabras claves: Bovinos, *Rhipicephalus microplus*, babesiosis cerebral.

Relevamiento entomológico y caracterización del hábitat de *Lutzomyia* en Corrientes, 2023

Lensina Serracani AY¹; Mierez ML^{1,2}; Encina RR^{1,2}; Mosqueda L².

¹Cátedra de Parasitología-UNNE

²Centro Nacional de Parasitología y Enfermedades Tropicales.

Email de contacto: aguslensina@gmail.com

La leishmaniasis es una zoonosis causada por diversas especies de protozoos del género *Leishmania*. Su transmisión está mediada por insectos de la subfamilia Phlebotominae, predominantes en regiones tropicales y subtropicales. En la provincia de Corrientes se han reportado varios géneros, favorecidos por condiciones climáticas propicias para su desarrollo biológico. El objetivo de este estudio fue identificar la fauna flebotomínica y caracterizar el hábitat junto con las condiciones ambientales del peridomicilio de viviendas de la ciudad de Corrientes durante el año 2023. Se realizó un estudio observacional, descriptivo y transversal. Se evaluó una vivienda por barrio, seleccionados al azar (B° Centro, B° Esperanza, B° Sur, B° San Benito, B° Bañado Norte y B° La Cruz), durante los meses de abril y mayo. En cada domicilio se emplearon dos métodos de captura: una trampa luminosa tipo mini CDC, activa durante 12 horas (desde las 19h) por tres noches consecutivas, y trampas pegajosas (método de Rioux) expuestas durante 15 días consecutivos. Los factores ambientales evaluados incluyeron variables abióticas (temperatura, humedad relativa y precipitaciones) y bióticas (tipo de vegetación y presencia de animales domésticos). Se capturaron 61 flebótomos en el peridomicilio de una de las viviendas evaluadas, de los cuales el 95% (n=58) fueron identificados como *Lutzomyia longipalpis*, mientras que el 5% restante (n=3) no pudo ser identificado a nivel de especie. La temperatura media registrada fue de 18.7°C en abril y 21.1°C en mayo, con una humedad relativa promedio de 80.8% y 73.8%, respectivamente, y precipitaciones acumuladas de 50.04mm y 98.31mm. La mayoría de las viviendas presentaban vegetación (árboles, plantas ornamentales, arbustos) y animales domésticos (perros, gatos, conejos). Previo al periodo de captura, en el domicilio donde se registró presencia de flebótomos, cinco perros resultaron positivos para leishmaniasis canina mediante test rápido rK39. Se registró *Lutzomyia longipalpis* como la especie predominante en el peridomicilio de viviendas urbanas de Corrientes, asociada a condiciones ambientales favorables como alta humedad, vegetación y presencia de animales domésticos. La detección de perros positivos en el sitio de captura refuerza la relevancia epidemiológica de esta especie en la transmisión de leishmaniasis.

Palabras claves: flebótomos, entomología, vectores

Caracterización antigénica de proteínas de *Babesia bovis* con potencial diagnóstico e inmunogénico

Salinas, N.^{1,2,3}; Taube, S.^{1,2}; Gimenez, J.¹; Vera, D.¹; Ibarra, M.¹; Romero, A.¹;

Matwiejuk, Y.¹; Jacobsen, M.^{1,2}; Lozina, L.^{1,2}

¹Centro de Investigaciones y Transferencia Formosa, Argentina (CIT).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

³Universidad Nacional de Formosa (UNaF).

Email de contacto: salinasnestoralejandro95@gmail.com

Babesia bovis y *Babesia bigemina* son protozoarios hemoparásitos del phylum *Apicomplexa* que infectan eritrocitos de ganado bovino, provocando babesiosis bovina, una enfermedad de alto impacto económico en regiones endémicas (Vignau, 2005). En este contexto, el presente trabajo tuvo como objetivo analizar las proteínas secretadas al medio extracelular por *Babesia bovis* durante su cultivo in vitro, con especial interés en aquellas con posible actividad inmunoproláctica. Para ello, se emplearon cultivos in vitro de *B. bovis* (cepa vacunal R1A) en eritrocitos bovinos, mantenidos bajo condiciones estandarizadas según protocolos previamente establecidos (Ristic & Levy, 1980). Diariamente se determinó el (%) de eritrocitos parasitados mediante la observación de frotis teñidos con Giemsa al 10%, los sobrenadantes (SN) de cultivos fueron recolectados cuando la parasitemia alcanzó el 10%, y se incluyeron cultivos paralelos de eritrocitos no infectados como control negativo. Los SN fueron tratados con polietilenglicol 8.000 y sulfato de amonio para precipitar proteínas y, posteriormente, analizados mediante electroforesis en gel de poliacrilamida con SDS (SDS-PAGE), empleando geles al 12% de acrilamida (Laemmli, 1970). El contenido de proteínas fue cuantificado y se utilizaron 30 ug de proteína por carril. Los geles obtenidos siguieron dos vías analíticas: la tinción con Azul de Coomassie para visualizar bandas proteicas, y la utilización ensayos de inmunoblot. Para esto, las proteínas fueron transferidas a membranas de nitrocelulosa y enfrentadas a sueros bovinos anti-*B. bovis* (positivos) y sueros negativos. Se emplearon anticuerpos secundarios marcados con peroxidasa y se utilizó DAB como sustrato cromógeno. Resultados; los perfiles proteicos de los SN revelaron una variedad de polipéptidos, de los cuales varios fueron reconocidos específicamente por los sueros positivos en los ensayos de inmunoblot. Entre ellos, destacaron bandas inmunorreactivas con pesos moleculares estimados entre 37 y 50 kDa. En conclusión, este trabajo permitió iniciar la caracterización antigénica de exoantígenos por *Babesia bovis* en condiciones in vitro, aportando evidencia preliminar sobre su inmunorreactividad. Estos antígenos podrían ser buenos candidatos para el desarrollo de nuevas estrategias de inmunización o diagnóstico contra la babesiosis bovina.

Palabras Clave: *Babesias*, exosomas, bovinos

Eficacia del isometamidium en el tratamiento de la tripanosomiasis bubalina en Formosa

Taube, S.^{1,2}; Salinas, N.^{1,2}; Giménez, J.¹; Vera, D.¹; Ibarra, M.¹; Romero, A.¹; Matwiejuk, Y.¹;
Bontempi I.^{2,3}; Lozina, L.^{1,2}

¹Centro de Investigaciones y Transferencia Formosa (CIT).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); ³-Facultad de bioquímica y ciencias
biológicas - Universidad Nacional del Litoral

Email de contacto: sindyannettaube@gmail.com

Resumen: El género *Trypanosoma* comprende protozoos flagelados que parasitan la sangre y tejidos de vertebrados, siendo responsables de enfermedades de gran impacto en la salud humana y animal. A partir de un brote de tripanosomiasis bubalina, donde se produjo una mortandad de algunos becerros, con síntomas que incluían pérdida de peso, disminución de la condición corporal, pelo hirsuto, entre otros, en un establecimiento ubicado en el este de la provincia de Formosa. Se realizó el diagnóstico directo por la técnica de Woo, detectando la presencia de *Trypanosoma* spp. Recientemente se aprobó un producto comercial conteniendo Isometamidium en Argentina, con indicación en bovinos, no existiendo antecedentes sobre la eficacia tripanosomicida en búfalos. Por lo que, el objetivo del presente trabajo fue detectar la presencia de *Trypanosoma* spp. y evaluar la eficacia del tratamiento en esta especie, para ello se tomaron muestras de sangre con y sin anticoagulante (EDTA) para análisis parasitológico (Woo y extendido), serológico (ELISA), molecular (PCR) y se realizó el seguimiento clínico (Temperatura, porcentaje de Hematocrito) en n=20 animales. Se trataron un total de 300 bubalinos. Los resultados confirmaron la presencia *Trypanosoma vivax* por observación directa, PCR y ELISA. Los animales fueron tratados con Isometamidium (1 mg/kg pv), por vía IM. El seguimiento clínico y parasitológico a los 0, 7, 14 y 28 días pos-tratamiento mostro una eficacia a los 7 días con negativización parasitológica (confirmada por PCR) y mejoría clínica. La temperatura corporal se encontró en el rango considerado normal para la especie en todos los muestreos y el % Hematocrito oscilo en el rango de 20-35 %, los que se incrementaron luego del tratamiento. En el presente trabajo se confirma la circulación activa de *Trypanosoma* spp. y la eficacia del Isometamidium en búfalos en las dosis indicadas para bovinos. Estos resultados serán utilizados para la inclusión de la indicación para la especie bubalina en el membrete del producto comercial.

Palabras clave: *Trypanosoma* spp., búfalos, tratamiento

Parásitos intestinales patógenos en vegetales de hoja cultivados en Caazapá, Paraguay

Laura Rocío Maciel Benítez; Rosa Carolina Romero Franco

Universidad del Norte Sede Encarnación.

Email de contacto: jazminbenitezaqui@gmail.com

Las parasitosis intestinales transmitidas por alimentos constituyen un problema relevante de salud pública, especialmente en países en desarrollo, debido a la contaminación de vegetales consumidos en estado fresco. El presente estudio tuvo como objetivo describir la presencia de parásitos intestinales patógenos en vegetales de hoja sembrados en suelo en la zona rural de la ciudad de Caazapá, Paraguay, durante el periodo abril-junio de 2025. Se realizó una investigación de tipo descriptiva, con enfoque mixto (cuantitativo-cualitativo), carácter prospectivo y corte transversal. La muestra, seleccionada mediante muestreo no probabilístico por conveniencia, estuvo conformada por 70 vegetales de hoja (lechuga, perejil, acelga y cebollita de hoja) recolectados en 25 huertas familiares. Las muestras fueron procesadas por dos técnicas: el método de concentración y el método de Takayanagui con modificaciones según Devera. Los resultados revelaron que el 72% de las huertas presentaron al menos un vegetal parasitado y que el 41% de los vegetales analizados contenía formas parasitarias, siendo la cebollita de hoja la especie más afectada (43%). Entre los helmintos se identificaron larvas rabditoides y filariformes de *Strongyloides spp.*, huevos de *Uncinaria spp.* y *Áscaris spp.*; mientras que entre los protozoos se observó *Blastocystis spp.* El método de Takayanagui modificado mostró mayor eficacia diagnóstica que el método de concentración. Estos hallazgos evidencian la necesidad de reforzar medidas de bioseguridad y educación sanitaria en la manipulación de vegetales frescos en zonas rurales de Caazapá, Paraguay.

Palabras clave: Parásito intestinal; Vegetal de hoja; Método Takayanagui

EJE 6

EPIDEMIOLOGÍA,
VIGILANCIA Y
PREVENCIÓN

***Salmonella* spp. en población pediátrica y adulta: vigilancia, sensibilidad y serotipificación**

Agüero, M.¹; Ortiz, F.^{1,2}; Zubeldía, A.¹; Ortellado, J.1; Almada, P.1; Argüello, R.1; Vera, G.¹; Lird, G.1; Cuevas, A.1; Casco, M.1; Pérez, H.¹; Giménez, F.¹; Martínez, C.¹; Ferreira, C.¹ González, R.¹; Álvarez, M.²

¹ Laboratorio Central – Unidad de Microbiología, Hospital de Clínicas FCM – UNA. San Lorenzo Paraguay.

² Laboratorio Central de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social. Asunción Paraguay.

Email de contacto: fabiolaquero@gmail.com

Salmonella spp. continúa siendo una de las principales causas de infecciones entéricas y extraintestinales en Paraguay, con impacto clínico relevante en hospitales de referencia. La vigilancia microbiológica permite detectar tendencias de resistencia antimicrobiana y circulación de serotipos, información esencial para orientar políticas terapéuticas y de control. **Objetivo** describir la distribución clínica, los patrones de sensibilidad y los resultados de serotipificación de aislamientos de *Salmonella* spp. obtenidos de pacientes pediátricos y adultos internados en un hospital universitario entre 2015 y 2025. **Materiales y métodos**, estudio descriptivo, retrospectivo, observacional analizaron 130 aislamientos confirmados mediante el sistema automatizado VITEK 2, pruebas bioquímicas y serológicas convencionales, según grupo etario, tipo de muestra, localización y sensibilidad antimicrobiana. El análisis descriptivo se realizó con los programas WHONET y REAL, y los resultados de serotipificación fueron obtenidos del Laboratorio Central de Salud Pública (LCSP). **Resultados**, de los 130 aislamientos, 58 (44,6%), correspondieron a pacientes pediátricos y 72 (55,4%), a adultos. Predominaron las infecciones extraintestinales (52,3%), principalmente en hemocultivos. En pediatría, los internados representaron el 57% de los casos, y en adultos predominó el grupo ambulatorio (63%). La sensibilidad a meropenem se mantuvo en 100% durante todo el periodo, la sensibilidad a ciprofloxacina disminuyó de 100% en 2015 a 67% en 2024. Se observó variabilidad en ampicilina y ampicilina/sulbactam, y la resistencia a C3G se asoció a mecanismos transferibles por plásmidos, principalmente β -lactamasas de espectro extendido (BLEE). Los serotipos más frecuentes de *Salmonella entérica* spp *entérica*, fueron Typhimurium (33/87), Newport (9/87), Muenchen (8/87), Saintpaul (8/87), con menos frecuencia, Braenderup, Dublin, Schwarzengrud, Oranienburg, Enteritidis, Agona, Hesarek, Rissen, Panamá, Heidelberg, Sandiego, y 9/87 con fórmulas antigénicas incompleta. **Conclusión**, estos hallazgos evidencian la relevancia de la vigilancia continua de *Salmonella* spp. en hospitales de referencia y destacan la necesidad de integrar datos clínicos, microbiológicos y epidemiológicos para fortalecer las estrategias nacionales de control y prevención de infecciones.

Palabras claves: *Salmonella* spp, serotipificación

Flavivirus insecto específicos en *Aedes aegypti* en el Chaco húmedo

Formichelli L.B.¹; Oria G.I.¹; Sandoval I.¹; Stechina O.S.¹;

¹ Instituto Medicina Regional, UNNE. Resistencia, Chaco, Argentina.²

E-mail: lauraformichelli@hotmail.com

Los *Flavivirus* son transmitidos por artrópodos hematófagos como los mosquitos y pueden causar enfermedades graves en humanos (OMS., 2024). Este género está compuesto por más de 50 especies que se diferencian en sus rangos de hospedadores y transmisibilidad (Simmonds et al., 2017), se organizan en cuatro 4 grupos: *Flavivirus* transmitidos por garrapatas (Tick-borne Flaviviruses, TBFVs), *Flavivirus* transmitidos por mosquitos (mosquito-borne Flaviviruses, MBFVs), *Flavivirus* específicos de insectos (insect specific Flaviviruses, ISFV), y un grupo sin vector conocido (no known vector Flaviviruses, NKV) (Rathore & St. John, 2020; Blitvich, B. J., & Firth, A. E. 2015). Los ISFV replican únicamente en células de insectos y no de vertebrados (Simmonds et al. 2017) no son considerados patógenos y su importancia radica en hallazgos que sugieren que pueden alterar la competencia de los insectos vectores mediante la modulación de las respuestas inmunitarias del hospedador, compitiendo con otros arbovirus por recursos y secretar factores anti-virales (Jupatanakul et al. 2014). Así mismo se les atribuye una supresión temprana de la replicación de arbovirus por la infección persistente, denominada fenómeno de exclusión por superinfección o interferencia viral homóloga (Farfán-Ale et al. 2009). Es conocido el potencial de *Aedes aegypti* (*Ae aegypti*) para mantener la infección natural por ISFV y por MBFVs como el dengue. En este contexto y mediante detección molecular y análisis bioinformático, nos propusimos como objetivo detectar a nivel específico, *Flavivirus* en poblaciones naturales de *Ae aegypti* colectados en ambientes urbanos y rurales de Resistencia y Pampa del Indio. Se seleccionaron 11 secuencias genómicas del Gen E obtenidas luego de amplificación por RT-PCR de fragmentos positivos de pools de mosquitos *Ae. aegypti* las que fueron editadas con el software BioEdit v7.7.1 y comparadas contra la base de datos del NCBI utilizando el algoritmo BLASTn para corroborar su identidad. Se identificaron 4 secuencias de ISFV con homología específica para Cell fusing agent virus (CFAV, 36,36%), 3 correspondientes a *Culex flavivirus* (CxFV, 25%), y 4 sin identificar. Estos resultados reflejan la presencia de ISFV sin hallazgos de *Flavivirus* patógenos, en concordancia con reportes previos de otros autores (Díaz et al., 2009; Jupatanakul et al., 2014; Goenaga et al., 2014; Blitvich B.J. & Firth A. 2015; Oria 2019) y destacan la necesidad de profundizar en el conocimiento de la distribución y actividad de los ISFV en la región, contribuyendo al fortalecimiento de los sistemas de vigilancia.

Palabras clave: Vigilancia virológica, Flavivirus, Secuencias

Análisis inicial de SARS-CoV-2 en aguas residuales de una región patagónica.

Manrique, JM.¹; Jones LR. ¹.

¹ Laboratorio de Virología y Genética Molecular, Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. Sede Trelew. Trelew, Chubut, Argentina.

Email de contacto: jmanrique@conicet.gov.ar

La vigilancia molecular de casos compatibles con la clínica de SARS CoV-2 y sus contactos, desempeñó un papel fundamental durante la pandemia. No obstante, esta estrategia resulta costosa como herramienta de monitoreo continuo a nivel poblacional. Enmarcado en el enfoque de “Una Salud”, que reconoce la interconexión entre la salud humana y ambiental, la evaluación microbiológica de aguas residuales surge como una estrategia eficaz y económica para el monitoreo comunitario continuo de patógenos, como así también para evaluar la calidad del agua. Contar con datos proveniente de diversas áreas geográficas permitirá tener un enfoque completo y certero del estado poblacional. El objetivo de nuestro trabajo fue realizar un estudio inicial del virus SARS-CoV-2, en agua residual cruda de una ciudad aislada de la Patagonia. Las muestras fueron tomadas mensualmente entre mayo de 2020 y enero de 2022. Las mismas fueron tratadas con un protocolo de concentración viral de alta pureza, y los concentrados obtenidos se usaron para extraer ácidos nucleicos virales, los cuales fueron evaluados mediante espectrofotometría. Las purificaciones se usaron para realizar reacciones de transcripción reversa seguidas de PCR de punto final y tiempo real, utilizando oligonucleótidos específicos para SARS-CoV-2. En todos los casos, se incluyeron los controles correspondientes. Además, se purificaron muestras diarias de las semanas 41/2020 (primera ola de linajes ancestrales) y 01/2022 (tercera ola dominada por Omicron), se combinaron las muestras de cada semana, y se secuenciaron mediante tecnología Illumina (2X150), con el fin de estudiar las variantes presentes en estas fases contrastantes de la pandemia. Los SNV identificados fueron comparados con datos clínicos moleculares del mismo período, en el marco del programa de monitoreo de la Dirección Provincial de Patologías Prevalentes de la Provincia. La detección en agua residual se correlacionó significativamente con los reportes epidemiológicos. Asimismo, los SNVs de las fases contrastantes reflejaron tanto la dinámica de los linajes circulantes como la dinámica inmunitaria de la población. Nuestros estudios refuerzan el valor de la vigilancia ambiental como componente clave de estrategias de salud pública, demostrando el valor de esta en la preparación y respuesta ante amenazas sanitarias emergentes.

Palabras claves: SARS-CoV-2; Aguas residuales; Patagonia

Vigilancia de enterobacteriales productores de carbapenemasas en pacientes neonatales y pediátricos

Robles L.A.¹; Castro M.E.¹; Méndez A.¹; Fernández Stepa A.L.²; Jacome J.³

¹Hospital Zonal Caleta Olivia "Padre Pedro Tardivo" Caleta Olivia Santa Cruz, Argentina.

²Hospital de Infecciosas "Francisco Javier Muñiz" CABA, Argentina

³Instructor de Especialista en Bacteriología CoBiCo, Córdoba, Córdoba, Argentina.

Email de contacto: lucenarobles@gmail.com

Introducción: Las EPC, son un grupo de bacterias consideradas de prioridad crítica por la OMS, responsables de infecciones graves y alta tasa de morbilidad a nivel mundial. La colonización y su diseminación puede generar una situación incontrolable e infecciones con elevada morbilidad en nosocomios. A partir del brote de MBL acontecido en Neonatología se propuso comenzar la vigilancia activa de EPC. **Objetivo:** Realizar vigilancia de EPC y describir el perfil de resistencia de las cepas aisladas en hisopados rectales de Neonatología y Pediatría del Hospital Zonal Caleta Olivia. **Materiales y Métodos:** Estudio descriptivo, transversal. Se analizaron 76 hisopados rectales recolectados en un período de 3 meses en Neonatología y Pediatría. Las EPC recuperadas, se clasificaron según género, especie y mecanismo de resistencia implicado. Para su identificación se utilizaron pruebas bioquímicas manuales y automatizadas; pruebas estandarizadas de difusión antibiótica, estudios microbiológicos (THT), colorimétricos (BC), DCMBrit, sinergia para detección enzimática y paneles Phoenix BD AST CPO 501 de Becton Dickinson. **Resultados:** De 76 hisopados se recuperaron 11 bacterias resistentes a carbapenemes, siendo 9 EPC y 2 BGNNF. Las EPC fueron: 5 *Escherichia coli*, 3 *Klebsiella pneumoniae* y 1 *Klebsiella oxytoca*. Todas resultaron productoras MBL, caracterizándose la primera con inmunocromatografía como NDM, clasificadas como clase B por paneles CPO 501, sinergia negativa con AMC-ATM y positiva con IMI-EDTA-MER, la prueba DCMBrit mostro una diferencia de halo de EDTA-MER y MER mayor a 9mm, se evidenció diferencia de halo con CLOXA-MER y MER mayor a 5mm. Presentaron Sensibilidad a Colistina, Aztreonam, Fosfomicina y Nitrofurantoina, dos fueron resistentes a Gentamicina y Amikacina. **Discusión/Conclusión:** La carbapenemasa detectada fue NDM, siendo el primer reporte de vigilancia en Neonatología mostrando perfiles de MBL pura. Resulta de gran importancia conocer la epidemiología de las EPC local, para implementar rápidamente medidas de control de infecciones, evitar la diseminación, enfermedad documentada y para la implementación de estrategias terapéuticas empíricas y dirigidas adecuadas.

Palabras claves: Vigilancia, Neonatología, MBL

EJE 7

INNOVACIÓN EN
MICROBIOLOGÍA

Aislamiento de *Streptomyces* sp. con actividad antibacteriana y antibiofilm.

Centeno C.K.¹; Batista C.E.²; Stachuk M.A.^{1,2}; Ferreras J.A.^{1,2}; Martina P.F.^{1,2}

¹ Instituto de Biología Subtropical (CONICET–UNaM), Posadas, Misiones, Argentina.

² Cátedra de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. Posadas, Misiones, Argentina.

Email de contacto: pablofranciscomartina@gmail.com

La resistencia antimicrobiana es una amenaza creciente para la salud pública. A pesar de los avances tecnológicos, la naturaleza continúa siendo un reservorio estratégico de metabolitos bioactivos. En este trabajo se aisló una bacteria a partir de suelos de Misiones, Argentina, identificada por secuenciación completa del gen 16S rRNA (98% de similitud) como *Streptomyces* sp., designada cepa A1. Se realizó su caracterización macroscópica y la evaluación preliminar de la actividad antimicrobiana (overlay assay) en medios sólidos ALA, ISP-2, ISP-3 y metabolito, observándose inhibición variable del crecimiento de *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 y *Escherichia coli* ATCC 25922. Con el objetivo de explorar su potencial como productora de metabolitos, la cepa A1 fue cultivada en medio líquido ALA durante 5 días a 28 °C bajo condiciones estáticas, y se realizó la extracción con acetato de etilo. Los extractos crudos fueron resuspendidos (DMSO 1%) y ensayados (0,75 a 6 mg/ml) en cultivos de *S. aureus* y *E. coli* en medio LB durante 48 h, evaluándose la actividad antibiofilm mediante el método de cristal violeta (0,1%). Asimismo, se realizó una caracterización preliminar de los extractos por cromatografía en capa delgada (CCD). Los resultados obtenidos indican que la cepa A1 produce metabolitos con actividad inhibitoria y capacidad moduladora de la formación de biofilm en *S. aureus* y *E. coli*. En conclusión, estos hallazgos refuerzan el valor de la biodiversidad microbiana del suelo misionero como fuente promisoría de nuevos compuestos antimicrobianos, con potencial aplicación en la lucha contra bacterias resistentes.

Palabras clave: *Streptomyces*; antibiofilm; productos naturales

Selección de levaduras como starter de vinificación salteños

Di Carlo, BM¹; Pérez, NP¹; Flores, DA.¹

¹Universidad Nacional de Salta, CIUNSa, Salta, Argentina

Email de contacto: bertadcar@yahoo.com.ar

Los productores vitivinícolas prefieren controlar la biota del mosto mediante el uso de levaduras seleccionadas, por lo que es de interés seleccionar como starter a levaduras indígenas de los Valles Calchaquíes en Salta, de uvas tintas variedad *Malbec* y *Cabernet Sauvignon*. Se aislaron 94 cepas provenientes de Cafayate, Angastaco, Cachi y Animaná. Se estudió taxonómicamente las cepas aisladas según técnicas de Yarrow (1998) de acuerdo a sus caracteres morfológicos de cultivo y bioquímicas, identificando 15 cepas como *Sacharomyces cerevisiae*. La selección enológica de las cepas starters se llevó a cabo evaluando sus características fermentativas a temperaturas de 5 y 12°C, resistencia a concentraciones de 8 al 12 % v/v y al anhídrido sulfuroso (25 a 300 ppm), además de su acción killer sobre otras cepas por método de Sommers y Bevan (1969). Se evaluó el poder fermentativo de las cepas killer según técnica de Delfini-çciolfi (1979). Las tres mejores cepas autóctonas fueron de *Malbec* (Cafayate) y *Cabernet* (Angastaco) con fenotipo killer de 5,15; 4,78 y 4,27 $\pm 0,05$ mm con producción alcohólica de 13,5; 10,25 y 14,83 $\pm 0,9$ % v/v, con tres repeticiones, evaluado por test de Tukey ($p \leq 0,05$). Estas cepas se seleccionan como posibles starters de fermentación alcohólica, siendo sus velocidades fermentativas mayores a 1,5 g/L/día.

Palabras claves: levaduras, starter, vinificación.

Selección de starters malolácticos autóctonos de Cachi en Salta

Pérez, NP¹; Di Carlo, BM.¹; Marquez, AN¹

¹Universidad Nacional de Salta, CIUNSa, Salta, Argentina

Email de contacto: bertadcar@yahoo.com.ar

Los Valles Calchaquíes, es una región vitivinícola que produce vinos tintos de altura, siendo de interés aislar y seleccionar bacterias lácticas autóctonas como iniciadoras de la fermentación maloláctica. Se aislaron en medios MRS y MLO, 37 cepas de bacterias lácticas de uvas *Malbec* y *Cabernet Sauvignon* procedentes de Cachi en Salta. Las cepas aisladas se identificaron taxonómicamente de acuerdo a sus caracteres morfológicos de cultivo, reacción de Gram y catalasa, 14 cepas aisladas de uvas *Malbec*, como cocos heterofermentativos pertenecientes al género *Leuconostoc* según el Manual Bergey (1994), siendo las otras 23 cepas aisladas de *Cabernet* del género *Pediococcus*. La fermentación de carbohidratos (rafinosa, maltosa, sacarosa, lactosa, trehalosa, manitol y fructosa) determinó que 9 de las cepas heterofermentativas se identificaran como *Oenococcus oenos*. Se estudió la actividad enzimática de estas cepas en MRS adicionado con 0,33 % de ácido málico, de acuerdo a Lafon-Lafourcade (1970) midiendo la acidez. Se seleccionaron dos cepas que fermentaron el 53 y 45 % el ácido málico a los cuatro días, evaluando su crecimiento con 8, 10 y 12 % de alcohol, que resultó positivo. Se concluye que estas cepas de *Oenococcus oenos* pueden ser utilizadas como starter malolácticos para vinos tintos.

Palabras claves: starter, maloláctica, Salta.

Abatimiento de la citotoxicidad de aguas contaminadas con metales pesados mediante bioprecipitación

Padilla, C¹; Deride, M¹; Valdebenito, H¹; Ormazábal, Y²; Aguayo, P³; Hernández, V⁴; Campos, V¹.

¹Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

²Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

³Instituto de Ciencias Naturales, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Universidad de Las Américas, Concepción, Chile.

⁴Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Email de contacto: cpadilla2018@udec.cl

La contaminación por metales pesados representa una amenaza crítica a la salud pública, animales y ecosistemas. Estos contaminantes están presentes de forma natural en la corteza terrestre, pero se han acumulado en la superficie producto de la actividad humana. Actualmente, los métodos convencionales de descontaminación presentan limitaciones importantes: altos costos, impacto ambiental, entre otros. Ante tal problemática, el objetivo de este trabajo fue desarrollar un sistema de tratamiento para aguas contaminadas mediante precipitación de carbonatos inducida microbiológicamente (MICP), usando como modelo el plomo (Pb) y arsénico (As). Para ello, se aislaron cepas bacterianas a partir de una muestra de sedimento proveniente del Río Camarones, ubicado en el Desierto de Atacama, Chile. La selección se realizó mediante cultivo en agar Christensen (para actividad ureolítica), ensayos de tolerancia en agar LB con concentraciones crecientes de metales (0.2-10.0 mM), y evaluación de la capacidad calcificante en un medio químicamente definido incubado a 30°C durante 48-72 horas. Se seleccionó una cepa bacteriana ureolítica calcificante, denominada IIIA2, la cual es tolerante a Pb(II) (4 mM), As(III) (2 mM), Cu(II) y Ni(II) (1 mM), y Se(IV) (10 mM); pero no a Cd(II) ni Ag(II). La bioprecipitación de Pb y As fue evaluada con la implementación de un biorreactor Batch con los parámetros estándares para MICP. El proceso de remoción desde el sobrenadante fue evaluado por espectroscopía de absorción atómica (AAS) y ensayos de citotoxicidad por colorimetría: ensayo SRB (sulforodamida B) y MTT (bromuro de 3-(4,5-dimetiltiazol-2-il)-2,5,-difetil tetrazolio) en líneas celulares. Todos los ensayos se realizaron por triplicado. Los resultados indican que el tratamiento con MICP mejoró estadísticamente ($p < 0.05$) la viabilidad celular en comparación con el control no tratado, lo que se relacionó con una disminución en las concentraciones de Pb y As en el medio inoculado con IIIA2. Como conclusión, se desarrolló un sistema de biorremediación basado en MICP que, empleando la cepa IIIA2, logró remover eficientemente Pb y As de un efluente contaminado y revertir significativamente su citotoxicidad. Estos hallazgos demuestran el potencial de la tecnología MICP para su futura aplicación *in situ* en zonas afectadas por la contaminación de metales pesados.

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt Regular N° 1251397.

Palabras claves: Biorremediación; Metales pesados; Citotoxicidad

EJE 8

DIAGNÓSTICO
MICROBIOLÓGICO

Mucormicosis cutánea primaria: importancia del diagnóstico temprano

Alvarez C^{1,2}; Noblega LM^{1,2}; Colombres MS^{1,2}; Coronel M^{1,2}; Orellana N¹; Marquez NE¹; Dennet C¹;

Ledesma Piga, VA³

¹Laboratorio de Salud Pública. Mendoza 128 - 4º piso. Tucumán-Argentina.

²Cátedra de Micología de la Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia (UNT)-Argentina.

³ Sanatorio Norte y Laboratorio Norte de Santiago del Estero-Argentina.

Email de contacto: christian.alvarez@fbqf.unt.edu.ar

La mucormicosis cutánea es una infección oportunista grave, producida por hongos saprófitos que pertenecen al subphylum Mucoromycotina, y afecta con mayor frecuencia a pacientes inmunodeprimidos y diabéticos. Se reconocen dos formas: la primaria, con puerta de entrada exclusivamente cutánea, que representa alrededor del 10% de los casos y se desarrolla tras la pérdida de la integridad de la barrera epidérmica (picadura de insecto, quemadura, inyección, cirugía, entre otros); y la secundaria, originada por la diseminación metastásica de una mucormicosis rinocerebral, pulmonar o gastrointestinal. El objetivo de este trabajo fue describir un caso clínico de mucormicosis cutánea primaria y enfatizar la importancia del diagnóstico temprano. Se trató de un paciente masculino de 72 años, con antecedentes de hipertensión arterial y diabetes mellitus, que consultó en un sanatorio privado por una lesión necrótica de 5 cm de diámetro en el cuádriceps derecho, de 2 días de evolución, secundaria a una picadura de insecto. Los estudios microbiológicos de la biopsia revelaron hifas hialinas no tabicadas compatibles con mucormicosis, hallazgo que fue informado de inmediato al equipo médico, iniciándose tratamiento con anfotericina B liposomal (50 mg/día) y desbridamiento quirúrgico. Por cultivo a 28°C y 37°C se observó desarrollo de colonias vellosas grisáceas a las 72 horas. La identificación a nivel de género se basó en características macro y micromorfológicas y la identificación definitiva tardó aproximadamente 1 mes, la cual se realizó en el Instituto Malbrán por secuenciación encontrándose *Saksenaea loutrophoriformis*. A pesar del manejo agresivo por progresión de necrosis mediante múltiples desbridamientos quirúrgicos debido a nuevos hallazgos de hifas no tabicadas, el paciente presentó progresión e inestabilidad hemodinámica y óbito. Este caso resalta que la sospecha clínica inmediata, apoyada en el examen directo, resulta decisiva para iniciar un tratamiento oportuno, aún antes de la confirmación por cultivo. Si bien la evolución fue desfavorable, se implementaron todas las estrategias terapéuticas disponibles, subrayando la agresividad de estas infecciones.

Palabras clave: mucormicosis; cutánea; diagnóstico

Hemocultivos tradicionales. Uso del panel FilmArray BCID2 en la detección de bacteriemias

Carol Rey MC¹; Andriani ME¹; Gariboglio Vázquez ML¹; Tracogna MF¹; Cattana ME¹; Fernández MS¹

¹ Servicio de Microbiología Clínica. Hospital J.C. Perrando. Resistencia, Chaco. Argentina. E-mail: Email de contacto: microbiologiaperrando19@gmail.com

Los ensayos moleculares realizados a partir de hemocultivos positivos proporcionan resultados de identificación microbiana y detección de genes de resistencia en tiempos menores que las técnicas convencionales, permitiendo optimizar la terapia antimicrobiana durante las primeras horas del episodio de bacteriemia. El sistema FilmArray™ (FA) con panel BCID2 permite la detección simultánea de 43 blancos moleculares en una hora a partir de hemocultivos positivos. Sin embargo, su rendimiento diagnóstico ha sido evaluado únicamente con sistemas automatizados. El objetivo fue determinar el rendimiento del panel BCID2 para identificación microbiana y detección de genes de resistencia a partir de hemocultivos tradicionales positivos, comparando resultados con metodología convencional en pacientes del Hospital Julio C. Perrando de Resistencia, Chaco. Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo y transversal entre septiembre 2021 y junio 2025. Se emplearon frascos tradicionales de diferentes proveedores (Britania, Brizuela, Laboratorios Chaqueños). De hemocultivos positivos se preparó un pool para procesamiento con FA. La identificación definitiva y sensibilidad antibiótica se realizaron mediante sistema Phoenix BD y métodos convencionales. Para mecanismos de resistencia se siguieron recomendaciones del ANLIS Malbrán. Se estudiaron 346 episodios de bacteriemias. Se incluyeron solo los hemocultivos tradicionales (314) cuyos microorganismos estaban incluidos en la base de datos de FA. Los hallazgos demuestran rendimiento satisfactorio del BCID2 con concordancia total del 91% y global del 100% incluyendo concordancias parciales. Se obtuvo concordancia del 100% en detección de mecanismos de resistencia, evidenciando alta precisión para genes clínicamente relevantes. Las discordancias parciales (9%) fueron más frecuentes en bacteriemias polimicrobianas, reflejando diferencias metodológicas más que errores diagnósticos. Este estudio representa la primera evaluación sistemática del BCID2 con hemocultivos no automatizados, expandiendo significativamente su aplicabilidad a laboratorios que carecen de sistemas automatizados y validando su utilidad independientemente de la infraestructura disponible.

Palabras clave: Film array, hemocultivos tradicionales, mecanismos de resistencia

Usos previstos del método PCR múltiple FilmArray™ y su aplicabilidad en otras muestras estériles no estandarizadas

Cattana ME¹; Fernández MS¹; Carol Rey MC¹; Andriani ME¹; Gariboglio ML¹.

¹ Servicio de Microbiología Clínica. Hospital J.C. Perrando. Resistencia, Chaco. Argentina.

Email de contacto: microbiologiaperrando19@gmail.com

La PCR múltiple ha demostrado ser una herramienta rápida y fiable para el diagnóstico etiológico de infecciones, reduciendo la morbi-mortalidad asociada. El objetivo de este trabajo fue analizar la frecuencia de gérmenes detectados con el panel Meningitis/Encefalitis FilmArray™ (FAME) en líquido cefalorraquídeo (LCR) y evaluar su aplicabilidad y la del panel BCID2 FilmArray™ en muestras no estandarizadas. Se analizaron todos los líquidos pleural (LP), articular (LA) y LCR de pacientes adultos atendidos en el Hospital Dr. Julio Perrando entre enero de 2022 y julio de 2025. De 2254 muestras, 111 (5%) fueron procesadas con PCR múltiple FilmArray™: 91 con el panel FAME y 20 con el panel BCID2. El 95,6% de los paneles FAME (87), se utilizaron en LCR, dando 69% de concordancia entre PCR y cultivo, con 52 negativos y 8 positivos. De estos últimos, se detectaron 5 *Streptococcus pneumoniae*, 1 *Streptococcus agalactiae* y 2 *Cryptococcus neoformans/gattii*. En 18,4% de casos (16), la PCR fue la única herramienta diagnóstica de meningitis, 3 *Virus Herpes simple 1/2*, 8 *S. pneumoniae*, 2 *Neisseria meningitidis*, 2 *S. agalactiae* y 1 *Listeria monocytogenes*. En 11 casos (12,6%), el panel FAME fue negativo y cultivo positivo, todos ellos con gérmenes nosocomiales no incluidos en dicho panel. El 4,4% de FAME (4), fueron usados en LP, donde 2 fueron PCR y cultivo negativos, 1 PCR negativo y cultivo positivo a *Streptococcus grupo viridans*, no incluido en el panel y 1 PCR y cultivo positivo con *S. pneumoniae* y Citomegalovirus, sumando la detección de la coinfección a la velocidad del diagnóstico y toma de decisiones. De los paneles BCID2, 16 se usaron en LCR (80%) con 100% de concordancia entre PCR y cultivo, 6 negativos y 10 positivos. De estos últimos, 7 provenían de pacientes internados con gérmenes intranosocomiales. Los 3 LCR restantes provenían de pacientes ingresados por guardia y en 2 de ellos previamente se había realizado FAME que fueron negativos con gérmenes no incluidos en dicho panel. El BCID2 se usó en 1 LP que fue positivo para *S. pneumoniae* y cultivo negativo, y 3 en LA, 1 negativo por PCR y cultivo, 1 PCR positiva para *Staphylococcus aureus* y cultivo negativo, y 1 PCR negativa con cultivo positivo para *Klebsiella oxytoca* no incluida en el panel. Todos fueron inoculados en forma directa en el tampón de extracción, sin paso previo por caldo. Aunque el panel BCID2 está indicado para hemocultivos, se ha evaluado su uso en otras muestras estériles, como en casos de artritis séptica o empiema pleural con alta carga leucocitaria, y en LCR, mostrando utilidad diagnóstica. Tanto los paneles BCID2 como Meningitis/Encefalitis de FilmArray® podrían ser útiles fuera de sus indicaciones oficiales, especialmente cuando se requiere iniciar tratamiento antibiótico precoz. No obstante, se necesitan más estudios y validaciones para respaldar su uso en estos contextos.

Palabras claves: Meningitis/Encefalitis FilmArray™, BCID2 FilmArray™, meningoencefalitis

Experiencia diagnóstica de diarreas con BDMAX en un hospital pediátrico

García Saitó V.¹; Sucin G.¹; Capará L.¹; Contreras F.¹; Luque D.¹; Aguirre D.¹

¹Hospital Pediátrico Dr. Avelino Lorenzo Castelán. Resistencia. Chaco. Argentina.

Email de contacto: garciasaito@yahoo.com.ar

BDMAX es un sistema automatizado que detecta ácidos nucleicos de patógenos mediante PCR - tiempo real realizando todos los pasos de la PCR en una sola plataforma, en 3 horas. Buscamos comparar retrospectivamente dos métodos, el panel Bacteriano Entérico Extendido BDMAX y el cultivo tradicional, utilizados para el diagnóstico de diarreas, y exponer situaciones observadas con el uso del BD max. Se evaluaron 767 muestras de materia fecal procesadas simultáneamente con ambos métodos en el Hospital Pediátrico Dr. Castelán durante mayo/2021 a febrero/2024. Los datos fueron obtenidos de carpetas de trabajo diario, y los valores de CT (umbral de ciclo) y UF (unidades de fluorescencia), del BDMAX. Se utilizaron paneles entéricos BD max desde mayo/21 y paneles entéricos extendidos desde abril/23. El cultivo se realizó en EMB Levine, Mc Sorbitol, SS, Skirrow, TCBS, XLD. La tipificación y antibiograma de las bacterias aisladas se realizó según métodos convencionales. Por ambos métodos, 87 muestras (11,3%) fueron negativas y 680 (88,7%) positivas, y 329 (43%) fueron positivas sólo por BD max. En 58 muestras (8,6 % de las positivos) se detectó más de 1 patógeno al ser procesadas por ambos métodos, y sólo en 7 (1%) por cultivo. En cuanto a *E. coli* enterohemorrágica, 26 casos fueron detectados por los dos métodos, y sólo 6 mediante el cultivo. El rango de CT de las toxinas SHIGA detectadas varió entre 16-40 ciclos, y el de UF entre 300-5000 unidades, siendo que valores de CT mayores a 30 serían considerados como falsos positivos. Todos los casos de toxina SHIGA (+) fueron confirmados por el instituto Malbrán. El 100% de *Yersinia sp*, *Plesiomonas sp* y *E. coli* enterotoxigénicas se detectaron sólo por BDMAX. El porcentaje de positividad aumentó con la implementación del BDMAX. Se observó un cambio en la prevalencia bacteriana al detectar gérmenes de difícil desarrollo. Se detectaron con mayor frecuencia muestras positivas para más de 1 germen. La rapidez y eficacia en la obtención de resultados permiten tomar medidas epidemiológicas en patologías graves como el Síndrome Urémico Hemolítico. Los casos de toxina Shiga con resultados anómalos de CT y UF deben ser confirmados por el Instituto Malbrán antes de ser considerados como falsos positivos. Como desventajas, mencionamos el elevado costo de los paneles y la detección de falsos positivos, por lo que sugerimos analizar cuidadosamente el aspecto de las curvas, los valores de CT y UF.

Palabras claves: BD MAX, diarreas, coprocultivos.

Infecciones extraintestinales de *Campylobacter jejuni*: reporte de un caso de bacteriemia

Luque, DE.¹; Sucin, MG.¹; Gómez Capará, LG.¹

¹Hospital Pediátrico "Dr. Avelino Castellán". Resistencia. Chaco. Argentina.

Email de contacto: dailuque7@gmail.com

Introducción: La infección por *Campylobacter spp.* representa una de las mayores causas de gastroenteritis en seres humanos, siendo *Campylobacter coli* y *C. jejuni* los mayormente reportados. Raramente producen bacteriemia, excepto en individuos de edad avanzada o inmunocomprometidos. **Objetivos:** Describir un caso de bacteremia por *C. jejuni* en un paciente pediátrico oncológico, destacando la importancia de aplicar técnicas de cultivo e identificación adecuadas para un diagnóstico etiológico acertado. **Materiales y métodos:** Se reporta el caso de un paciente de 6 años con Leucemia Linfocítica Aguda tipo B, en protocolo de mantenimiento, que se presentó a la consulta con fiebre y diarrea de 5 días de evolución. Se tomaron urocultivo, coprocultivo, hemocultivos y retrocultivo en BACTEC. Se observó desarrollo de bacilos Gram negativos compatibles con *Campylobacter* en hemocultivo y retrocultivo (tiempo diferencial menor a 70 minutos), lo que derivó en su siembra en medio Skirrow e incubación a 42°C en condiciones de microaerofilia. **Resultados:** Se obtuvo desarrollo de *Campylobacter jejuni* en hemocultivo, retrocultivo y coprocultivo. **Conclusiones:** Se presentó el caso de un paciente pediátrico oncológico con bacteremia por *C. jejuni* a foco gastrointestinal y retrocolonizado. La prevalencia de bacteremia por *Campylobacter* es muy baja aproximadamente de un 2%, pudiendo ocurrir un subdiagnóstico ya que su visualización en la tinción de Gram es muy difícil y no desarrollan en medios y atmósferas convencionales. Por lo tanto, es necesario tener en cuenta este tipo de microorganismos ante posibles infecciones previas o presencia de sintomatología gastrointestinal.

Palabras clave: *Campylobacter jejuni*, bacteremia, oncológico

Uso de la PCR como técnica confirmatoria del diagnóstico de Ehrlichiosis monocítica canina

Mansilla, S.L.^{1,2,3,4}; Delgado, M.B.^{1,2,3}; Merino L.A.⁴; Rossner, M.V.¹

¹Estación Experimental Agropecuaria (EEA) del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Colonia Benítez, Chaco. Argentina.

²Catedra de Patología Médica. Departamento de Clínicas. Facultad Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina.

³Consejo Nacional Investigación Científica y Técnica. (CONICET), Argentina.

⁴Laboratorio de Bacteriología, Instituto de Medicina Regional (UNNE), Resistencia, Chaco. Argentina.

Email de contacto: mansilla.silvia@inta.gob.ar

La ehrlichiosis monocítica canina (EMC), una zoonosis emergente transmitida por vectores (ETV) de relevancia en caninos y humanos, es causada por *Ehrlichia spp.*, una bacteria Gramnegativa e intracelular obligada que infecta monocitos. Su diagnóstico es complejo debido a la sintomatología febril inespecífica que se superpone con otras patologías transmitidas por la garrapata *Rhipicephalus sanguineus*. Existen diversos métodos entre los que se encuentran los citológicos (frotis de sangre) que evalúan la morfología de los monocitos en búsqueda de inclusiones intracitoplasmática “mórulas”, las pruebas de inmunocromatográfica que detectan anticuerpos anti-*Ehrlichia* y la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) que amplifica segmentos de ADN de la bacteria a partir de cebadores género-específicos o especie-específicos. El objetivo de este trabajo es confirmar el diagnóstico de EMC por PCR a partir de muestras positivas por frotis e inmunocromatográfica. Se recolectaron, procesaron y analizaron 14 muestras de caninos de ambos sexos sin distinción de raza y edad de las ciudades de Resistencia y Corrientes que al momento de la consulta veterinaria presentaban sintomatología clínica compatible de la enfermedad. Se diagnosticó EMC por frotis y test rápido en siete muestras por cada técnica. Posteriormente se realizó el diagnóstico molecular al 100% de las muestras (14), observándose un amplificado del segmento de gen *dsb* analizado de 409 pares de bases en cinco de las 14 muestras en estudio. De las cinco muestras positivas, solo dos correspondían al diagnóstico inicial por frotis y tres a los positivos previamente a la prueba rápida de inmunocromatografía. Al analizar los resultados obtenidos por PCR de las 7 muestras donde se observaron estructuras compatibles con mórulas de *Ehrlichia sp* se confirmó el diagnóstico en dos. En cuanto a la detección de anticuerpos anti- *Ehrlichia sp* de las siete muestras iniciales se confirmó el diagnóstico en tres por PCR convencional. El diagnóstico por PCR demostró ser más sensible y específico en comparación con el examen de hemoparásitos por microscopía debido a que la técnica es operador dependiente, y la inclusión observada puede ser un defecto de coloración. A su vez las pruebas rápidas de inmunocromatografía presentan reacción cruzada con especies dentro del género *Ehrlichia sp.* y con *Anaplasma platys* en menor medida, las cuales son ETV que comparten el mismo vector en nuestro país. La selección e implementación de técnicas diagnósticas idóneas es crucial para confirmar la EMC y evitar el sobrediagnóstico en la población canina que lleva a tratamientos innecesarios que promueven la resistencia antibiótica y desvían la atención de la enfermedad real del paciente. En este contexto, se concluye que la PCR se posiciona como el método de elección debido a su alta sensibilidad y especificidad, permitiendo la detección y amplificación del ADN de *Ehrlichia sp.* en distintas fases de la enfermedad. Se recomienda integrar la PCR con las técnicas de cribado inicial, más accesibles, para un diagnóstico definitivo.

Palabras clave: EMC, PCR, *Rhipicephalus sanguineus*

Hallazgo de un caso de *Paracoccidioides brasiliensis* en Laguna Blanca

Orbegozo, J. A. ¹; Arroyo, M. ¹

¹Hospital Distrital de Laguna Blanca, Provincia de Formosa, Argentina

Email de contacto: orbegozo87@gmail.com

La paracoccidioidomicosis es una micosis sistémica de evolución crónica, endémica en regiones de América Latina, causada principalmente por *Paracoccidioides brasiliensis*. Este hongo dimórfico se caracteriza por su capacidad de crecer en forma micelial a temperaturas ambientales y en forma levaduriforme a 37 °C. Una de sus características diagnósticas más relevantes es la presencia de levaduras multibrotantes que adoptan la clásica morfología en “rueda de timón”. La transmisión se produce principalmente por inhalación de conidios en la fase de micelio, alojándose en pulmones y transformándose a su fase de levadura; aunque la enfermedad puede permanecer latente durante años hasta manifestarse clínicamente. Se presenta el caso clínico de un paciente masculino de 60 años, residente en la localidad de Laguna Blanca, Formosa, que consultó por lesiones dolorosas a nivel de la cavidad bucal, específicamente en la lengua y la región sublingual. La presentación clínica inicial generó sospecha de lesiones tumorales malignas, por lo que se realizó un diagnóstico diferencial con carcinoma de lengua y otros tipos de neoplasias orales. El examen físico general del paciente no evidenció alteraciones sistémicas, destacando la ausencia de síntomas respiratorios. Se procedió al diagnóstico micológico mediante la utilización de hidróxido de potasio (KOH) y tinción con azul de lactofenol, observándose en microscopía óptica las características levaduras multibrotantes en forma de rueda de timón, confirmando *Paracoccidioides brasiliensis*. Estudios complementarios de imágenes fueron realizados para descartar compromiso en otras localizaciones sistémicas. El tratamiento se inició con anfotericina B, el cual produjo una evolución clínica favorable con mejoría del estado general del paciente. Actualmente, el mismo se encuentra en seguimiento, sin complicaciones asociadas. Asimismo, subraya la necesidad aumentar la difusión y capacitación al respecto, en regiones del nordeste argentino, donde probablemente se encuentre subdiagnosticada. La presentación de este caso de *Paracoccidioides brasiliensis* pone en evidencia la necesidad constante de realizar estudios microbiológicos para un diagnóstico temprano de este tipo de enfermedades. Así mismo, la experiencia, refuerza la necesidad de capacitación en micosis sistémicas en regiones endémicas y de una vigilancia epidemiológica activa para identificar nuevos casos.

Palabras claves: Paracoccidioidomicosis – Micosis – Levaduras

Diagnóstico de *Gordonia bronchialis* post esternotomía: reporte de casos

Pérez, CE¹; Badaracco ME¹; Scaramellini, MS¹; Calza, MY¹; Armitano, R²; Prieto, M²; Villamandos, S¹; Peña, L¹.

¹Instituto de Cardiología de Corrientes “Juana Francisca Cabral”, Corrientes, Argentina.

²Servicio de Bacteriología Especial, INEI-ANLIS “Carlos G. Malbrán”, Buenos Aires, Argentina.

Email de contacto: camila.evelynp96@gmail.com.ar

Introducción: las bacterias del género *Gordonia*, perteneciente a la familia Nocardiaceae, son actinomicetos aerobios ampliamente distribuidos en la naturaleza. La mayoría de las especies han sido aisladas de fuentes ambientales como suelos, donde juegan un papel importante en la biodegradación de materiales orgánicos de alto peso molecular. *Gordonia bronchialis*, previamente conocida como *Rhodococcus bronchialis*, es un patógeno emergente que afecta principalmente a pacientes inmunodeprimidos, pero se ha reportado su rol como agente causal de infecciones de herida esternal pos cirugía, infecciones pleurales, entre otras. **Objetivos:** reportar 5 casos de infección de herida quirúrgica post esternotomía ocurridos en el período 2022 – 2025. **Materiales y métodos:** se procesaron muestras de punción de esternón (PES) y tejido celular subcutáneo (TCS) que fueron sembradas en agar chocolate, sangre y CLDE e incubadas en microaerofilia a 37°C. **Resultados:** en todos los casos, al examen directo, se observó abundante reacción inflamatoria y en la coloración de Gram, bacilos positivos ramificados, lo que llevó a realizar coloraciones de Ziehl-Nielsen que fue negativo y Kinyoun positivo. Se obtuvo desarrollo de colonias secas, amarillas-naranjas y rugosas en los medios de cultivo mencionados después de 4 días de incubación, presentando las mismas características en las coloraciones mencionadas. Mediante pruebas de tipificación fenotípica para bacilos gram positivos se arribó a la identificación de *Gordonia sp.* Para su confirmación e identificación a nivel especie, se derivaron las cepas al Laboratorio Nacional de Referencia “Dr. Carlos G. Malbrán” donde se confirmó la identificación por MALDITOF-MS y secuenciación 16srARN como *Gordonia bronchialis*. La sensibilidad antibiótica se estudió aplicando los criterios del CLSI M24 Ed3 2018. **Conclusiones:** el hallazgo de este microorganismo emergente presenta un desafío en aquellos laboratorios de microbiología no automatizados, por lo que la microscopía en el examen directo es crucial para el aislamiento debido a su lento crecimiento. La correcta identificación radica en orientar la terapéutica adecuada y su relevancia como agente causal en este tipo de infecciones.

Palabras claves: esternotomía, infección, *Gordonia bronchialis*.

Bacteriemias comunitarias por *Pseudomonas aeruginosa* en niños de un hospital de Corrientes

Rausch AL¹; Pellegrini JL¹; Altamirano LB¹; Lovera LM¹

1.Hospital Pediátrico "Juan Pablo" II, Corrientes, Argentina

Contacto: lucianarausch94@gmail.com

Introducción: *Pseudomonas aeruginosa* es considerado un patógeno nosocomial oportunista. Sin embargo, la bibliografía reporta algunos casos de bacteriemias en pacientes de la comunidad. El tratamiento empírico para pacientes con sepsis adquirida en la comunidad no suele contemplar antibióticos con eficacia frente a este microorganismo. El objetivo de este estudio fue describir las características clínicas y microbiológicas de las bacteriemias por *P. aeruginosa* en pacientes pediátricos de la comunidad. **Materiales y métodos:** Estudio descriptivo, retrospectivo y de corte transversal. Se revisaron todos los aislamientos clínicos de *P. aeruginosa* (N=18) obtenidos de hemocultivos de pacientes internados en el Hospital Pediátrico de la Ciudad de Corrientes (2022-2024). De los cuales, se analizaron los aislamientos provenientes de pacientes de la comunidad (n=7), definido como aquellos con menos de 48 hs de internación. Se evaluaron las siguientes variables: enfermedad de base, síntomas y signos iniciales, otros sitios de aislamientos distintos a sangre, perfil de sensibilidad antimicrobiana, tratamiento antibiótico empírico y desenlace fatal. **Resultados:** De los siete pacientes incluidos, uno presentaba meduloblastoma, uno una tumoración laterocervical y 5 no tenían enfermedad de base conocida. El síntoma y signo inicial más frecuente fue fiebre (4), seguido de vómitos (3). Se registraron además dificultad respiratoria (2), cefalea (1), diarrea (1), dolor abdominal (1), odinofagia (1) y un caso con hematoma vulvar. En un paciente también se aisló *P. aeruginosa* en otros sitios: orina y biopsia de piel. Todos los aislamientos resultaron sensibles a ceftazidima, carbapenemes, gentamicina, amikacina, y solo un aislado resultó ser resistente a ciprofloxacina. El tratamiento antibiótico inicial no resultó efectivo en 6 pacientes, quienes recibieron ceftriaxona y/o amoxicilina-ácido clavulánico. 5 pacientes fallecieron. **Conclusiones:** Las bacteriemias por *P. aeruginosa* adquiridas en la comunidad en niños se asociaron a una elevada mortalidad, lo que pone de manifiesto la severidad de este tipo de infecciones. La mayoría de los pacientes no presentaron enfermedad de base conocida. Los signos y síntomas iniciales fueron inespecíficos, y sólo en un caso fue posible identificar el probable foco de ingreso. La sensibilidad antimicrobiana se conservó frente a la mayoría de los antibióticos. Estos hallazgos resaltan la importancia de considerar a este patógeno dentro del abordaje de la bacteriemia comunitaria y la necesidad de optimizar estrategias que favorezcan la identificación precoz de los pacientes en riesgo.

Palabras claves: bacteriemia, *Pseudomonas aeruginosa*, pediatría

Histoplasmosis en un felino: Presentación de un caso

¹ Sosa, VME; ¹Velazquez, E; Salerno, F; ²Barella, S; ²Vassiliades C, ¹Mereles Rodriguez, B.

¹Catedra de Micología. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones.

²Laboratorio Veterinario Misiones, Posadas, Misiones, Argentina.

Email de contacto: vanesasosa@fceqyn.unam.edu.ar

La histoplasmosis es una micosis endémica, causada por el hongo dimórfico *Histoplasma capsulatum*, en zonas tropicales, subtropicales y templadas del mundo. Suelos con abundante materia orgánica, excremento de aves y guano de murciélagos constituyen el nicho ecológico de este microorganismo. El objetivo de este trabajo es presentar un caso de infección diseminada por *Histoplasma capsulatum* en un gato doméstico. Felino de 2 años se presenta con un cuadro clínico caracterizado por lesiones cutáneas nodulares y ulcerativas multifocales localizadas en la región perinasal y la cavidad oral (mucosa bucal y encías). Estos signos se acompañaban de pérdida de peso progresiva y signos respiratorios moderados. Ingresaron al servicio de Micología de la FCEQyN-UNaM, muestras clínicas del felino hisopado de lesiones y sangre entera. El estudio micológico de laboratorio se realizó mediante el examen microscópico directo: coloración de May Grünwald- Giemsa, cultivos en agar Sabouraud dextrosa a dos temperaturas (25°C y 37°C). La identificación a nivel de género y especie de los aislamientos fúngicos, se realizó por métodos fenotípicos, micromorfología de la fase filamentosa y presencia de dimorfismo. En la citología se evidenció la presencia de levaduras intracelulares compatibles con *Histoplasma capsulatum*. El cultivo fue positivo con desarrollo fúngico a las dos temperaturas, la identificación fenotípica fue correspondiente con el género *Histoplasma*. Considerando la epidemiología en nuestra región, se planteó la posibilidad de esporotricosis o histoplasmosis. Es importante tener en cuenta estos diagnósticos diferenciales fúngicos y hacer el diagnóstico correcto, ya que estas estructuras fúngicas se ven muy parecidas en el tejido animal felino, donde la esporotricosis es hoy en día, una zoonosis con un importante aumento de casos en el mundo.

Palabras claves: Histoplasmosis, felinos, diagnóstico micológico.

Análisis retrospectivo de 7 años de Candidiasis Invasiva en el Hospital Madariaga

¹Pires, P; ¹ Almada, AC; ²Martin, V; ²Niveyro C; ¹ Sosa, VME

¹Servicio de micología. Laboratorio de Alta Complejidad de Misiones.

²Servicio de Infectología. Hospital Escuela de Agudos. Dr. Ramon Madariaga, Posadas, Misiones, Argentina.

Email de contacto: vanesasosa@fcegyn.unam.edu.ar

La candidemia es una infección frecuente asociada a la atención médica, siendo una causa importante de morbilidad y mortalidad en todo el mundo. Las infecciones graves causadas por estos organismos se denominan candidiasis invasiva (CI). La epidemiología ha cambiado en las últimas décadas, dependiendo del área geográfica, especie de *Candida* y población de pacientes involucrados. El objetivo de este trabajo fue describir características clínicas, epidemiológicas en pacientes adultos internados en hospital de tercer nivel, de la ciudad de Posadas, Misiones. Entre los años 2017-2024. Estudio retrospectivo, descriptivo en pacientes con candidemias confirmadas, a través del desarrollo de levaduras en hemocultivos. La identificación del agente etiológico se realizó por métodos automatizados (Vitek® 2 Compac) Se utilizaron historias clínicas electrónicas para obtención de los datos. Identificamos 83 pacientes con CI, la mediana de edad fue de 52 años; el 59% eran varones. Dentro de los factores riesgo asociados a CI observamos la terapia de remplazo renal (TRR) 66%, uso de catéter venoso central (CVC) 63%, internación previa 60% y el uso previo de antibióticos en un 59%, las comorbilidades asociadas fallo renal (31.5%) y diabetes (21.5%). El 40% estaban internados en la unidad de cuidados intensivos (UCI) en el momento del diagnóstico, 55 % desarrolló shock séptico, a foco endovascular 59% y 34 % abdominal, con control del mismo en un 69%. El 86% recibió tratamiento antifúngico (TAF), la respuesta al tratamiento valorada por presencia de hemocultivos negativos fue del 79%.

La frecuencia de especies en la población de estudio fue: *C. albicans* (42%) seguida de *C. parapsilosis* sp. complex (20%) *C. tropicalis* (16%) y *Nakaseomyces glabratus* (16%). Otras levaduras No *Candida* (6%). Nuestro estudio arrojó una mortalidad global del 62% y asociada a CI 29%. La mortalidad de los pacientes graves con candidemia es alta y está determinada principalmente por la gravedad de la enfermedad, factores de riesgo asociados, la disfunción multiorgánica y el tratamiento antifúngico, más que por la distribución y la susceptibilidad de las especies. Nuestros resultados subrayan la importancia de un adecuado control de foco y tratamiento oportuno de la candidemia.

Palabras claves: Candidemia, epidemiología, diagnóstico micológico.

Criptococosis en felinos: presentación de casos

Velázquez, E¹, Sosa, VME¹, Almada AC¹, Klein AA¹, Barella, SN², Vassiliades C², Mereles Rodriguez, BE¹.

¹Catedra de Micología. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones.

²Laboratorio Veterinario Misiones, Posadas, Misiones.

Email de contacto: ernestovelazquez@fceqyn.unam.edu.ar

Los complejos de especies patógenas del género *Cryptococcus* para animales y el hombre, son el complejo de especies *C. neoformans* y el complejo *C. gattii*, pueden producir infecciones de tipo respiratoria y diseminada en huéspedes susceptibles. El objetivo de este trabajo es presentar dos casos de infección diseminada por levaduras del género *Cryptococcus* en gatos domésticos. Ingresaron al servicio de Micología de la FCEQyN-UNaM, muestras clínicas de dos felinos. Del primero de ellos, se procesaron punción de ganglio y suero; y del segundo ejemplar, punción de líquido libre en región torácica. El estudio micológico de laboratorio se realizó mediante el examen microscópico directo y cultivos en agar Sabouraud dextrosa. Además, se realizó la búsqueda de antígeno capsular en el suero del primer felino, a través de la técnica de aglutinación con partículas de látex. La identificación a nivel de género y complejo de especies de los aislamientos fúngicos, se realizaron por métodos bioquímicos fenotípicos. Los exámenes directos de las muestras procesadas arrojaron resultados positivos, observándose las levaduras capsuladas características del género *Cryptococcus*. Los cultivos permitieron el aislamiento fúngico y su identificación como pertenecientes al complejo de especies *C. neoformans*. La criptococosis no es la primera sospecha diagnóstica en estos pacientes, por lo que llegan con varios síntomas tanto respiratorios como de diseminación a la hora del diagnóstico. En humanos, esta infección se asocia a patologías inmunosupresoras; de manera similar, los casos de criptococosis felina reportados suelen relacionarse con enfermedades de base que comprometen el sistema inmune, por lo que es imperativo realizar los estudios correspondientes. En ambos casos se arribó al diagnóstico de criptococosis, aunque ambos fallecieron debido al avanzado estado de la infección. Es importante llegar al diagnóstico de certeza en estos casos, ya que estos animales conviven con nosotros y pueden llegar a ser reservorios de estos patógenos oportunistas. En concordancia con el enfoque, “Una Salud” promovido por la Organización Mundial de la Salud (OMS) es fundamental mantener la salud de los animales y del ambiente para garantizar la salud humana.

Palabras claves: Criptococosis, felinos, diagnóstico micológico.

Características microbiológicas vaginales en mujeres privadas de libertad en una Penitenciaría, Paraguay (2025)

Martínez M¹; Melgarejo N¹; Solís D¹; Talavera A¹; [Yoshizaki A](#)¹.

¹ Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Médicas, Cátedra de Microbiología, Asunción, Paraguay.

Email de contacto: anatalavera2025@gmail.com

Introducción: La microbiota vaginal constituye un ecosistema esencial para la salud ginecológica. En mujeres sanas predominan especies de *Lactobacillus*, que mantienen un ambiente ácido protector. Su alteración, especialmente por incremento de *Gardnerella vaginalis*, se asocia a vaginosis bacteriana, candidiasis, tricomoniasis e infecciones de transmisión sexual. En contextos de vulnerabilidad, como el encarcelamiento, estos desequilibrios pueden intensificarse. **Objetivos:** Describir las características microbiológicas vaginales de mujeres privadas de libertad en una penitenciaría de Paraguay (2025) e identificar los agentes presentes en las secreciones vaginales. **Materiales y métodos:** Estudio observacional, prospectivo y de corte transversal en 31 participantes que otorgaron consentimiento informado. Se obtuvieron muestras vaginales mediante hisopos estériles, destinadas a cultivo microbiológico (agar-sangre, agar-chocolate, agar-Sabouraud) y examen directo del material obtenido en lugar de toma de las muestras. **Resultados:** En el 74% de las muestras se aislaron microorganismos patógenos. *Trichomonas vaginalis* se identificó en 12 participantes (38,7%), frecuentemente asociada a bacterias causantes de vaginosis bacteriana. Se observó un caso de coinfección múltiple con *T. vaginalis*, *Candida* sp. y *G. vaginalis*. **Conclusiones:** Este estudio identificó una alta frecuencia de alteraciones en la microbiota vaginal y de infecciones ginecológicas en mujeres privadas de libertad, grupo históricamente desatendido en salud pública. Los hallazgos subrayan la necesidad de implementar programas penitenciarios de prevención, educación en salud sexual, diagnóstico precoz y tratamiento oportuno, contribuyendo a reducir la vulnerabilidad ginecológica en este contexto.

Palabras clave: Microbiota vaginal, prisión, Paraguay

Paracoccidioidomicosis Juvenil Diseminada en el Hospital Pablo Soria de la provincia de Jujuy- Reporte de caso clínico

Córdoba LD¹; Arjona FL¹; Erazo M¹; Miranda C¹; Cabral M¹

¹Hospital Pablo Soria, Servicio de MICOLOGÍA Güemes 1345, Jujuy, Argentina.

Email de contacto: lucordoba001@gmail.com

INTRODUCCIÓN: La paracoccidioidomicosis (PCM) es una de las micosis profundas endémicas más prevalentes en Latinoamérica, causada por especies del género *Paracoccidioides* spp. Afecta principalmente a adultos, especialmente trabajadores rurales, pero también puede presentarse de forma aguda en niños y jóvenes. En Argentina, se han identificado áreas endémicas en el noreste y en el noroeste del país en Salta y Jujuy. Por la ausencia de notificación obligatoria y la escasez de estudios locales no se cuenta con datos sobre la incidencia y distribución de esta enfermedad. En Jujuy, la información disponible es muy limitada. **OBJETIVO:** Presentar un caso de Paracoccidioidomicosis en un paciente inmunocompetente en el Hospital Pablo Soria de la provincia de Jujuy. **MATERIALES Y MÉTODOS:** Paciente masculino de 20 años de edad oriundo de Yuto, provincia de Jujuy, trabajador rural, fumador y etilista. Consultó por dolor abdominal de 1 mes de evolución, náuseas, vómitos, diarrea, fiebre, y pérdida de peso (20 kg en 4 meses). Al examen físico se evidenció tumoración palpable en epigastrio. Se realizó diagnóstico por imágenes y laboratorio general. A los 10 días presentó adenopatías cervicales dolorosas con secreción purulenta y se procesó biopsia de ganglio cervical. **RESULTADOS:** En la ecografía y tomografía abdominal se observaron imágenes nodulares, sólidas y bien delimitadas en hígado por lo que se sospechó de tumor hepático. Resultados de laboratorio: GB 8900/mm³, Hto 39%, Eo 23%, GOT 59 UI/L, GPT 76 UI/L, FAL 496 UI/L, PCR 78,7 mg/l. Serología para VIH, HVB, HVC: no reactivas. El cultivo bacteriológico y BAAR resultaron negativos. En el examen en fresco y coloraciones (Giemsa y Grocott) se observaron levaduras multibrotantes compatibles con *Paracoccidioides* spp. En los cultivos a 28°C y 37°C en BHI desarrollaron colonias cremosas, blanco amarillentas, de aspecto cerebriforme y en SAB no se obtuvo desarrollo. La serología dio reacción de identidad con antígeno específico de *Paracoccidioides*. Suero y muestra se derivaron al Dep. Micología del ANLIS "Carlos Malbrán". Se obtuvo serología con título de 1/128 y la PCR anidada informó una banda de amplificación compatible con el fragmento específico del gen gp43 de *Paracoccidioides* spp. El paciente inició tratamiento ambulatorio con Itraconazol 100 mg/12 hs durante 12 meses presentando evolución clínica satisfactoria. **CONCLUSIÓN:** La PCM es una enfermedad endémica en Jujuy, con subregistro y subdiagnóstico por falta de conciencia clínica. El diagnóstico diferencial es amplio con síntomas respiratorios que semejan otras enfermedades infecciosas y no infecciosas. El diagnóstico precoz y la instauración a tiempo del tratamiento es fundamental para prevenir la mortalidad o las secuelas invalidantes. Para esto es esencial fortalecer la capacitación del personal de salud en todos los niveles de atención y así lograr un abordaje eficaz de la enfermedad. Este caso de PCM juvenil reafirma a Jujuy como zona endémica, resalta la necesidad de la vigilancia epidemiológica con el registro y seguimiento de casos y de concientizar de la ocurrencia de la PCM en la región.

Palabras clave: *Paracoccidioides* spp., micosis sistémica, hongo dimórfico.

EJE 9

EDUCACIÓN Y
SENSIBILIZACIÓN
EN UNA SALUD

Obtención de bioetanol por estudiantes de Ingeniería Industrial con residuos de arroz

Ortiz, N. L.¹; Alegre, C.¹; Cardozo, M. C.¹

¹Facultad de Ciencias Agrarias – Universidad Nacional del Nordeste. Ctes – Argentina.

Email de contacto: nicolas.ortiz8875@gmail.com

Producción de Alcohol es una reciente propuesta formativa para los cursantes de Ingeniería Industrial – UNNE, optativa desde 2023. Planteada por el equipo docente de Microbiología Industrial en colaboración con docentes de otras cátedras. Ante la necesidad de promover prácticas de sostenibilidad energética en la formación de ingenieros, el objetivo de este trabajo fue fomentar el aprendizaje activo comparando procesos y productos finales de la producción de bioetanol obtenidos por estudiantes en el laboratorio a partir de cascarilla de arroz —subproducto que representa alrededor del 20% de la producción total en Corrientes, principal provincia productora del país—, caña de azúcar y almidón de maíz. Los estudiantes en grupos de trabajo, sometieron las materias primas a distintos tratamientos: eliminación de lignina e hidrólisis ácida conjunta; trituración y extracción de jugos azucarados; e hidrólisis ácida, respectivamente. Con refractómetro manual se midió los ° Brix de los jarabes obtenidos. Se inoculó con *Saccharomyces cerevisiae* y se dejó fermentar durante 10 días. El etanol obtenido se separó por destilación simple. Finalmente, se determinó densidad, viscosidad, tensión superficial e inflamabilidad de los destilados a fin de caracterizarlos. Se compararon y discutieron los resultados obtenidos y se sacaron diferentes conclusiones. Luego, los estudiantes elaboraron un trabajo de investigación que vinculó la teoría con sus resultados y conclusiones alcanzadas en las prácticas de laboratorio. Los resultados mostraron que la cascarilla, pese a requerir mayor tratamiento previo, constituye una fuente viable de bioetanol, lo que refuerza la posibilidad de revalorizar residuos agrícolas en verdaderos recursos con fines energéticos, promoviendo la economía circular y la sostenibilidad ambiental. Asimismo, el desarrollo de esta propuesta permitió fortalecer la comprensión integral de los procesos industriales, integrando saberes de Microbiología, Química y Mecánica de Fluidos. La articulación intercátedra favoreció la construcción de aprendizajes significativos y la reflexión sobre la responsabilidad ambiental como componente esencial del ejercicio profesional en ingeniería. Siendo el laboratorio un espacio de aprendizaje activo y colaborativo que potencia la formación científica, técnica y ética de los estudiantes al tener contacto directo con un proyecto real. El enfoque en la producción sostenible de biocombustibles fomenta la adquisición de habilidades cognitivas y experimentales, también promueve una conciencia orientada hacia la salud ambiental y la sustentabilidad de los procesos industriales.

Palabras clave: Aprendizaje activo - Responsabilidad ambiental - Fermentación

Hablemos de psitacosis en la escuela

Mariño, B¹; Sciabarrasi, A^{1,2}; Marengo, R¹; Sosa, F¹; Koch, M¹; Armúa, V¹; Ferrer, F¹; Cortéz, M³

¹Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional del Litoral. Esperanza, Santa Fe. Argentina.

² Centro de Rescate e Interpretación de la Fauna “La Esmeralda”.

Ministerio de Ambiente y Cambio Climático de Santa Fe. Argentina.

³Guía turística. Villa Guillermina. Santa Fe. Argentina.

Email de contacto: betinamarino71@gmail.com

En el marco de actividades de extensión, estudiantes y docentes de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional del Litoral, trabajan con la comunidad de Villa Guillermina en la provincia de Santa Fe en torno a una especie nativa, *Amazona aestiva*, popularmente conocida como loro hablador o chaqueño. En Argentina, su comercialización con fines de venta como mascota es frecuente a pesar que, al ser extraídos de la vida silvestre representa una actividad ilegal. El objetivo de este trabajo es compartir una experiencia socioeducativa vinculada a la promoción del patrimonio biocultural, bajo el enfoque de Una Salud. La idea surge a partir de un proyecto más amplio que contempla acciones de rescate, rehabilitación y liberación de loros a cargo del Ministerio de Ambiente de Santa Fe. A fines de instalar la problemática del tráfico ilegal y su impacto negativo desde el punto de vista de la conservación, bienestar animal y salud pública se trabaja en la construcción y fortalecimiento de una red en la que intervienen activamente los guillerminenses. El enfoque, Una Salud nos invita a trabajar en las interacciones entre ambiente, salud animal y humana, desde una mirada holística donde conocimientos, prácticas y percepciones contribuyan a abordar problemáticas y resoluciones complejas. Para que los loros ingresen al circuito de comercialización ilegal, deben ser capturados de los nidos, acopiados y trasladados hasta los lugares de destino. Estas acciones representan un factor de riesgo de infección con *Chlamydia psittaci*, causante de enfermedad respiratoria en humanos, cuya detección y tratamiento puede ser dificultosa y tener consecuencias graves para la salud. Con el fin de abordar la temática, bajo el lema “Loro hablador en la naturaleza es mejor” se realizan intervenciones socioeducativas mediante propuestas artísticas, tecnológicas, lúdicas, que combinan salidas a campo para conocer, comprender, proteger y resguardar a estas emblemáticas aves junto a miembros de las escuelas técnica n° 662 y n° 6002 en las que ya han participado más de 400 personas. La escuela representa un espacio de encuentro e intercambio de miradas, saberes, costumbres, es una aliada fundamental y brinda una gran oportunidad para trabajar hoy, en la prevención zoonosis bajo las tendencias del futuro.

Palabras clave: Tráfico ilegal, loros, *Chlamydia psittaci*