

LIBRO DE RESÚMENES

XX JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGIA

Estrategias de diagnóstico
rápido en Microbiología
Clínica.



Filial Cuyo A.A.M.
Argentina
2022



XX JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGÍA

Filial Cuyo



7 y 8 de Septiembre 2022- Modalidad Virtual
Estrategias de diagnóstico rápido en Microbiología



XX JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGÍA

PREJORNADAS 6 DE SEPTIEMBRE 2022

Primer taller de la Subcomisión de Enseñanza y Aprendizaje:
Conversatorio de Docencia y Microbiología: ampliando
nuestra caja de herramientas.

Modalidad virtual



Louis Pasteur (1822-1895)



asociación
argentina de
microbiología

Filial Cuyo. filialcuyo@gmail.com

Asociación Argentina de Microbiología - Filial Cuyo

XX Jornadas Argentinas de Microbiología: estrategias de diagnóstico rápido en microbiología clínica / compilación de Arnaldo Raul Espejo; Adriana Soledad Secotaro; Cintia Veronica Amalric. - 1a ed. - Ciudad Autónoma de Buenos Aires: Asociación Argentina de Microbiología, 2022.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online

ISBN 978-987-48458-1-8

1. Microbiología. I. Espejo, Arnaldo Raul, comp. II. Secotaro, Adriana Soledad, comp. III. Amalric, Cintia Veronica, comp. IV. Título.

CDD 616.9041

ISBN 978-987-48458-1-8



9 7 8 9 8 7 4 8 4 5 8 1 8

ÍNDICE

Contenido

COMISIÓN ORGANIZADORA	5
COMITÉ CIENTÍFICO	5
CARTA DE PRESENTACIÓN Y BIENVENIDA DEL PRESIDENTE	6
SPONSORS	7
AUSPICIANTES	8
PROGRAMA	9
RESÚMENES	12
ANTIMICROBIANOS	13
ENSEÑANZA	42
MICROBIOLOGÍA CLÍNICA	54
MICROBIOLOGÍA GENERAL	87
ÍNDICE ALFABÉTICO DE LOS AUTORES	111

COMISIÓN ORGANIZADORA

Presidente:	Mario Fráncica
Vicepresidente 1°:	Arnaldo Raúl Espejo
Vicepresidente 2°:	Luis Merino
Secretario General:	Silvina Farrando
	Laura de Jong
	Clara Saúl
Secretario de Actas:	Silvina Marsonet
Secretario del Área Científica:	Valeria Chimeno
Secretario del Área de Finanzas:	Cintia Verónica
Secretaria del Área Técnica:	Amalric
	Patricia Ranea
Tesorero:	Ricardo Bucciarelli
Vocales:	Patricia Caballero
	María Laura Sánchez
	Adriana Secotaro
	Verónica Ampuero

COMITÉ CIENTÍFICO

Marsonet Silvina	Ranea Patricia
Amalric Cintia	Caballero Patricia
Bottiglieri Marina	Merino Luis
Saúl Clara	Secotaro Adriana
Quintero Cristián	Sánchez María Laura
Bucciarelli Ricardo	

BIENVENIDOS A LAS XX JORNADAS ARGENTINAS DE MICROBIOLOGÍA

La Filial Cuyo de la Asociación Argentina de Microbiología, tiene el agrado de dejar inaugurada las XX Jornadas Argentinas de Microbiología y les da la más cordial bienvenida.

Estas Jornadas están destinadas a profesionales de la salud del ámbito público y privado, docentes y estudiantes; y tienen como intención generar un espacio donde se brinde capacitación e información especializada y actualizada a cargo de reconocidos expositores internacionales, nacionales y regionales.

La necesidad actual de reducir el tiempo de diagnóstico microbiológico, junto con la aparición de nuevas tecnologías, han favorecido el desarrollo de técnicas rápidas, cuya incorporación al laboratorio de Microbiología Clínica se traduce en un beneficio para el paciente. Todos los laboratorios de Microbiología Clínica, deben continuamente evaluar sus procesos diagnósticos para valorar su eficiencia y costo-efectividad; y así poder adaptarlas a su entorno y complejidad; intentando garantizar un resultado que permita instaurar un tratamiento precoz y dirigido, y tomar las medidas de aislamiento y de salud pública necesarias.

Es por esto que elegimos como eje central de estas jornadas las Estrategias de Diagnóstico Rápido en Microbiología Clínica, en las cuales se abordarán desde esta perspectiva diferentes contenidos de Enfermedades de Transmisión Alimentaria, Sepsis y meningoencefalitis, Infecciones Respiratorias, Resistencia a los Antimicrobianos y Control de infecciones.

La Comisión Organizadora agradece a la Comisión Directiva de la Asociación Argentina de Microbiología y a la filial Noroeste por la contribución y el acompañamiento en el arduo trabajo que tiene como resultado este evento.

Un especial reconocimiento a cada uno de los disertantes, coordinadores y evaluadores de trabajos científicos por su disposición a brindarnos desinteresadamente su saber y experiencia y, de esa forma, jerarquizar con su presencia las Jornadas. De la misma manera agradecemos a los autores de los trabajos libres, que hemos recibido en gran cantidad, y que reflejan el esfuerzo y el trabajo que se está llevando a cabo en Microbiología.

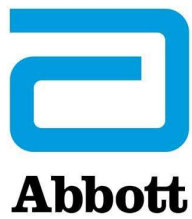
Por último, damos las gracias a los Sponsors y Auspiciantes por su colaboración.

Esperamos disfruten de estas XX Jornadas Argentinas de Microbiología.

Mario Fráncica

Presidente de la Comisión Organizadora

SPONSORS



Colegio Bioquímico de San Juan
Asociación Civil

AUSPICIANTES



ASOCIACIÓN
BIOQUÍMICA DE MENDOZA



Universidad
Nacional de
San Luis



UNCUYO
UNIVERSIDAD
NACIONAL DE CUYO



FACULTAD DE
CIENCIAS MÉDICAS



**MENDOZA
GOBIERNO**
Ministerio de Salud,
Desarrollo Social y Deportes



**AMERICAN
SOCIETY FOR
MICROBIOLOGY**

FACULTAD DE
FARMACIA
Y BIOQUÍMICA

UNIVERSIDAD
MAZA



PROGRAMA

6 DE SEPTIEMBRE

16.00-19.00 Pre jornadas: Enseñanza y Aprendizaje de la Microbiología.
Conversatorio sobre Docencia y Microbiología: ampliando nuestra caja de herramientas.

7 DE SEPTIEMBRE

8.45-9.00 Palabras de bienvenida a las JAM XX

9.00-10.00 Conferencia de apertura

- **Nuevas Moléculas para el Tratamiento de Cepas Multirresistentes**
Dr. Jordi Vila. Barcelona, España.

10.00-11.30 Micro conferencias:

- **Enfermedades de Transmisión Alimentaria: Diagnóstico Clásico y Molecular.**
Dr. Paulo Cortes. Hospital Pediátrico del Niño Jesús de Córdoba
- **Gastroenteritis Virales: Diagnóstico de Laboratorio.**
Dra. M. Beatriz Isa. Clínica Universitaria Reina Fabiola de Córdoba
- **Actualización para el Diagnóstico Oportuno de las Infecciones por STEC en casos de SUH y Diarreas.**
Dra. Isabel Chinen. Instituto Malbrán. Buenos Aires.

11.30-12.15 Conferencia:

- **Botulismo: Formas Fisiopatogénicas Prevalentes en Argentina; Diagnóstico in Vivo e in Vitro.**
Dra. Patricia Caballero. FCM, UNCuyo. Mendoza.

12.15-13.15 Simposio BioMérieux

- **Un aliado del microbiólogo frente a las resistencias emergentes pospandemia.**
Dra. Alejandra Corso. Instituto Malbrán. Buenos Aires

13.15-13.45 Presentación Oral de Posters Seleccionados

13.45-14.00 Entrega de Premio American Society for Microbiology al mejor Póster

14.00-14.30 Receso

14.30-15.30 Micro conferencia:

- **Rol del Bacteriólogo Clínico en la Era de la Automatización. Meningoencefalitis.**
Dr. Rolando Soloaga. BioMérieux Argentina. USAL. Buenos Aires.

15.30-16.30 Conferencia:

- **Diagnóstico de Meningitis Bacterianas en Laboratorios de Mediana Complejidad.**
Dr. Sebastián Caliva, Hospital de Niños Santísima Trinidad y Hospital Municipal Infantil, Ciudad de Córdoba.

16.30-17.45 Mesa redonda:

- **Experiencia en el uso de Métodos Rápidos para el Diagnóstico de Sepsis y Meningitis.**

Dra. Myrna Cabral. Hospital Central de Mendoza.

Dra. Marisa Turco. Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez. Buenos Aires.

Dra. Ximena Juárez. Hospital General de Niños Pedro de Elizalde. Buenos Aires.

8 DE SEPTIEMBRE

8.30-9.30 Conferencia:

- **TBC: Diagnóstico Molecular e Interpretación de los Resultados.**

Dr. Mario Matteo. Hospital Muñiz. Buenos Aires.

9.30-10.30 Conferencia:

- **Diagnóstico Microbiológico de Neumonías Atípicas.**

Dra. María Estela Cadario. Instituto Malbrán. Buenos Aires.

10.30-11.15 Micro conferencias:

- **Micosis Respiratorias: Herramientas para Diagnóstico de las Micosis Sistémicas Endémicas.**

Dr. Gustavo Giusiano. UNNE. Chaco.

- **Aspergilosis.**

Dr. Guillermo García Efrón. UNL. Santa Fe

11.15-12.15 Simposio Abbott

12.15-13.00 Receso

13.00-14.30 Mesa redonda:

- **Estrategias de Vigilancia y Control de Infecciones por Métodos Rápidos.**

Dr. Mario Vilaró. Hospital Privado Universitario de Córdoba.

- **El Dilema del Diagnóstico de Clostridioides difficile ¿Qué Método Usamos?**

Dra. Liliana Fernández Canigia. Hospital Alemán. Buenos Aires.

- **Costo-efectividad de los Métodos Diagnósticos en la Prevención de la Resistencia Bacteriana.**

Dra. Marina Bottiglieri. Clínica Universitaria Reina Fabiola. Córdoba.

14.30-16.30 Conferencia:

- **Detección de Mecanismos de Resistencia a los Antibióticos en la Era post COVID: ¿Rápido es Mejor?**

Dr. Fernando Pasterán. Instituto Malbrán. Buenos Aires

16.30-17.30 Conferencia de cierre:

- **Aporte del Laboratorio de Microbiología en los Programas de Uso Apropriado de Antimicrobianos (PROAs).**

Dra. Elizabeth Palavecino M.D. Director Clinical Microbiology Wake Forest Baptist Medical Center, Winston Salem, NC, USA.

17.30-17.45 Palabras de Cierre

RESÚMENES

ANTIMICROBIANOS

A1 DESAFIO TERAPEUTICO DE *Providencia stuartii* MULTIRRESISTENTE

ALCAZAR Gabriela ⁽¹⁾, BOLEAS Mariana ⁽¹⁾, BREHM Jesica de los Milagros ⁽¹⁾, CÁCERES Carolina Andrea ⁽¹⁾, CALGARO Ileana Maillen⁽¹⁾, PIEDRABUENA Milagros ⁽¹⁾, PRESTIFILIPPO Ana María⁽¹⁾, VALENTI María Eugenia ⁽¹⁾

(1) Sección Microbiología Hospital San Martín de la ciudad de Paraná. alcazar.gc@gmail.com

Providencia stuartii es un bacilo gram negativo formador de biofilms considerado un patógeno oportunista involucrado en infecciones intrahospitalarias. La capacidad de formación de biofilm se debe a una proteína de adenosina manosa resistente, que favorece la adherencia a las superficies, explicando su mayor incidencia en infecciones asociadas a catéteres, sondas y respiradores. Sin embargo, también se puede aislar en otro tipo de infecciones como meningitis, endocarditis e infecciones de piel y partes blandas. En el presente estudio retrospectivo, que se realizó por un periodo de 2 años en el contexto de la pandemia SARS CoV 2, se analizaron 35 cepas de *Providencia stuartii* multirresistentes, aisladas de 24 pacientes internados en la unidad de terapia intensiva del hospital San Martín de Paraná. Las muestras en las que se recuperaron fueron: urocultivos (17), hemocultivos (9), puntas de catéter (2), aspirado traqueal (3), materiales varios (3) y líquido cefalorraquídeo (1). La identificación y antibiograma de los aislamientos se realizaron por métodos manuales y por sistema automatizado Vitek 2C. Todos ellos fueron resistentes a los antimicrobianos ensayados, excepto a fosfomicina y aztreonam. Se realizaron pruebas fenotípicas para detección de carbapenemasas y betalactamasas de espectro extendido. En las mismas se observó sinergia positiva con EDTA, negativa con ácido borónico y en algunas, presencia de sinergia aztreonam - ácido clavulánico. Se enviaron 3 de estas cepas al Servicio de Antimicrobianos del Instituto Malbrán a las que se realizaron PCR Carbapenemasa multiplex y PCR multiplex BLEE/CMY. Los resultados fueron: PCR carbapenemasa positiva para New Delhi metalobetalactamasa (NDM) y PCR multiplex BLEE/CMY positiva para CTX- M en 2 de ellas y CMY positiva en la restante. Se aislaron dos fenotipos distintos de *Providencia stuartii*: una productora de carbapenemasa tipo NDM con BLEE tipo CTX-M sensible solo a fosfomicina y la otra carbapenemasa tipo NDM con AmpC tipo CMY sensible a fosfomicina y aztreonam. De acuerdo a la bibliografía, NDM es el mecanismo de resistencia a los carbapenemes más común en especies de *Providencia*. Estas cepas de *Providencia stuartii* representan una amenaza clínica grave y desafiante al ser intrínsecamente resistentes a colistina y tigeciclina. La opción de tratamiento queda restringida solo a fosfomicina en los casos de presencia de betalactamasa de espectro extendido, la cual no es útil para todos los sitios de infección mencionados. Se resalta la importancia de descartar la presencia de BLEE para contar con aztreonam como alternativa de tratamiento. En los casos de presencia de BLEE, la asociación clavulánico – aztreonam es una posible opción de tratamiento. Para analizar si la utilización de esta combinación es factible, se debe usar la última estrategia propuesta por el instituto Malbrán que es la predifusión rápida aztreonam-clavulánico.

Dada la importancia de establecer un tratamiento antibiótico empírico inicial adecuado en pacientes críticos, la detección y comunicación precoz de estas cepas en muestras clínicamente significativas, definiría la instauración temprana de un tratamiento efectivo, disminuyendo así la morbimortalidad.

Palabras clave: *Providencia stuartii*, multirresistencia, desafío terapéutico

A2	RESISTENCIA ANTIMICROBIANA Y FACTORES DE VIRULENCIA EN CEPAS DE <i>ENTEROCOCCUS</i> spp. AISLADAS DE AVES
-----------	--

ANDORO, Débora⁽¹⁾, VALLEJO, Marisol⁽¹⁾, SOSA, Franco^(1,2), PARADA, Romina^(1,2), MARGUET, Emilio⁽¹⁾

1 Laboratorio de Biotecnología Bacteriana, Facultad de Ciencias Naturales y Cs. de la Salud (Sede Trelew), Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. 2 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). debi.andoro@hotmail.com

Los enterococos son microorganismos ubicuos y comprenden una parte de la microbiota intestinal normal de la mayoría de los mamíferos y de una amplia variedad de animales, incluidas las aves. Aunque son generalmente bacterias comensales, algunas especies son consideradas patógenas oportunistas, causando diferentes tipos de infecciones en humanos (tracto urinario, intraabdominal, heridas, etc.) como así también, pueden ser agentes causales de bacteriemias, endocarditis y meningitis. El objetivo de este trabajo fue determinar la resistencia antimicrobiana y factores de virulencia en cepas del género *Enterococcus* aisladas de aves silvestres y de cría del Valle Inferior del Río Chubut y Península Valdés (Comarca VIRCh-Valdés), Chubut. Se recolectó de forma aleatoria materia fecal de aves, tanto de cría como silvestres y se conservaron en medio de transporte Stuart. Las muestras se sembraron en medios selectivos y diferenciales para el aislamiento de *Enterococcus* spp.; se incubaron a 37 °C durante 24-48 h y se realizaron repiques sucesivos con el objetivo de obtener aislamientos puros. La evaluación de factores de virulencia se determinó mediante la actividad gelatinasa, hemolítica, DNasa, producción de capa S y de exopolisacáridos. La resistencia a antibióticos se determinó mediante la concentración inhibitoria mínima (CIM) para ampicilina, estreptomycin, gentamicina, tetraciclina y vancomicina utilizando el método de las diluciones seriadas, según las recomendaciones del Clinical and Laboratory Standards Institute para antimicrobianos de uso humano y/o veterinario. Se aislaron un total de 163 cepas pertenecientes al género *Enterococcus*, de las cuales 32 corresponden a aves de cría (gallinas) de zonas rurales, mientras que el resto de los aislamientos provienen de aves salvajes de zonas costeras, urbanas y rurales. La mayor prevalencia de los factores de virulencia corresponde a la producción de exopolisacáridos, detectada en 143 cepas, luego la presencia de capa S en 91, actividad gelatinasa en 56, actividad DNasa en 47, mientras que la actividad hemolítica se detectó solo en 18 aislamientos. La gentamicina y vancomicina resultaron los antimicrobianos más efectivos si los comparamos con el resto, solo dos cepas exhibieron resistencia en ambos casos. Del total de microorganismos evaluados, se observó resistencia a ampicilina en 158 cepas (CIM ≥ 16 g/mL), 81 presentaron resistencia a estreptomycin (CIM ≥ 1024 g/mL), mientras que 40 resultaron resistentes a tetraciclina (CIM ≥ 16 g/mL) y solo cinco exhibieron un fenotipo de resistencia intermedia (CIM=8 g/mL). En ambos ensayos, se observó una mayor frecuencia en cepas aisladas de aves silvestres que resultaron positivas para los factores de virulencia y resistencia antibiótica evaluados. Estos resultados demuestran que las aves pueden considerarse como un reservorio y dispersor de *Enterococcus* spp. potencialmente patógenos.

Palabras clave: bioindicadores, ambiente, aves silvestres, aves de cría.

A3 **AISLAMIENTO SIMULTÁNEO DE DOS ENTEROBACTERIAS PRODUCTORAS DE METALOBETALACTAMASA EN UN HISOPADO RECTAL****BUCCIARELLI Ricardo¹, SAÚL CLARA², MANNINO LEONARDO^{31,2,3}***Hospital Alexander Fleming. Mendoza. rabucciarelli@yahoo.com.ar*

El hisopado rectal es uno de los cultivos de vigilancia más importantes. Inicialmente establecido para detectar portadores de Enterococos Vancomicina Resistentes (EVR), incorporó luego la búsqueda de bacilos Gram negativos resistentes a Carbapenemes (CP), principalmente productores de carbapenemasas plasmídicas de impacto clínico como KPC(Klebsiella pneumoniae carbapenemase) o Metalobetactamasas como la NDM (New Delhi Metalobetactamase). Presentamos una paciente de 2 años, que ingresa a nuestro hospital para continuar con su recuperación luego de una intervención quirúrgica por una valvulopatía mitral en una institución privada en la provincia de Córdoba. A su ingreso, como es de rutina, se le solicitaron hisopados nasal y rectal, todos sembrados en medios cromogénicos. El primero resultó negativo para Staphylococcus aureus Meticilino Resistente (SAMR) y en el segundo, que fue negativo para EVR, se aislaron 2 bacilos Gram negativos resistentes a CP. La identificación de los mismos se realizó por sistema automatizado (Phoenix BD), que arrojando un Enterobacter del complejo cloacae y una Escherichia coli respectivamente. Los antibiogramas correspondientes, realizados por difusión y también por método automatizado (Phoenix BD) confirmaron la resistencia no solo a los CP, sino también a Ceftazidima/Avibactam en ambos aislamientos, lo que llamó atención porque no era una resistencia inusual en nuestro medio. Posteriormente, nuevamente en ambos casos, se estableció la presencia de una carbapenemasa por Rapid Carb Blue-Kit (ROSCO), obteniendo viraje del indicador antes de los 20 minutos y finalmente se confirmó que se trataba de una Metalobetactamasa (MBL) (clase B Ambler), por la sinergia entre los Carbapenemes y el disco de EDTA, discos combinados (ROSCO) obteniéndose solo inhibición solo con Ácido lo que explicó la resistencia a Cefazidima/Avibactam. Las cepas fueron derivadas al Servicio de Antimicrobianos del INEI-ANLIS "Dr. Carlos G Malbrán "que nos confirmó por PCR Carbapenemasa multiplex (KPC, NDM, OXA-48like, IMP, VIM): New Delhi Metalobetactamasa (NDM) positiva y por PCR multiplex BLEE/CMY (CTX-M, PER, CMY): CTX-M positiva en el Enterobacter cloacae, una de las Betactamasas de espectro extendido (BLEE) más frecuentes en nuestro país, lo que explicó la Resistencia a Aztreonam de este aislamiento. Para terminar, consideramos importante este reporte por dos motivos: en primer lugar porque son los primeras NDM detectadas en nuestra institución y en segundo, lo más llamativo, ambos aislamientos portaban el mismo gen (bla-NDM), lo que no lleva a inferir la posible transferencia del plásmido que lo contiene desde el Enterobacter cloacae hacia la Escherichia coli (huésped inusual del mismo).

Palabras claves: CP, KPC, MBL, NDM, BLEE

A4	AISLAMIENTO DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PRODUCTORA DE METALOBETALACTAMASA EN EL HOSPITAL ESPAÑOL DE MENDOZA
-----------	---

BUCCIARELLI Ricardo⁽¹⁾, **MARSONETSilvina**⁽²⁾, **SAVINASilvana**⁽³⁾, **ARMADA María Emilia**⁽⁴⁾

Servicio de Bacteriología del Hospital Español de Mendoza^(1,2,3). *Hospital Militar Regional Mendoza*⁽⁴⁾. rabucciarelli@yahoo.com.ar

Presentamos un aislamiento de un Lavado broncoalveolar (BAL) de un paciente masculino de 24 con el antecedente de un trasplante bipulmonar, realizado en un Hospital Privado de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires en agosto de 2021. Ingresó a nuestro hospital por guardia en el mes de abril del presente año con un cuadro de neumonía, cetoacidosis y deshidratación moderada, quedando internado en el Servicio de Clínica Médica. Se le realizaron hemocultivos que resultaron negativos y una vez estabilizado una Fibrobroncoscopia de donde se aisló esta cepa de *Klebsiella pneumoniae* con un recuento superior a 10000 UFC. La identificación se realizó por pruebas convencionales y posteriormente por sistema automatizado (Phoenix BD). El antibiograma se realizó inicialmente por difusión y en segunda instancia también por métodos automatizados (Phoenix BD). Resultando solo sensible a Tigeciclina, Fosfomicina y Colistin (la sensibilidad a este último se realizó por el método de elución propuesto por el Servicio de Antimicrobianos del INEI-ANLIS "Dr. Carlos G Malbrán"). Siendo llamativa la Resistente a Ceftazidima/Avibactam. Se estableció la presencia de una carbapenemasa (CP) por Rapid Carb Blue-Kit (ROSCO), obteniendo viraje del indicador antes de los 20 minutos y finalmente se confirmó que se trataba de una Metalobetalactamasa (MBL) (clase B Ambler), por la sinergia entre los Carbapenemes y el disco de EDTA, discos combinados (ROSCO) obteniéndose solo inhibición solo con Ácido Dipicolínico y con sistema automatizado (Phoenix BD), lo que explicó la resistencia a Cefazidima/Avibactam, La cepa fue derivada al Servicio de Antimicrobianos del INEI-ANLIS "Dr. Carlos G Malbrán" que nos confirmó por PCR Carbapenemasa multiplex (KPC, NDM, OXA-48like, IMP, VIM): New Delhi Metalobetalactamasa (NDM) positiva y por PCR multiplex BLEE/CMY (CTX-M, PER, CMY): CTX-M positiva, una de las Betalactamasas de espectro extendido (BLEE) más frecuentes en nuestro país, lo que explicó la Resistencia a Aztreonam. El perfil de sensibilidad coincidió con el nuestro y además resultó sensible a las combinaciones aztreonam/avibactam y aztreonam/ácido clavulánico. Debido a que en el mercado no existen todavía estas últimas combinaciones para su uso in vivo, se trató al paciente con Aztreonam y Ceftazidima-Avibactam por separado, previo chequeo microbiológico de la sinergia, obteniéndose éxito en el tratamiento. Por todo lo expuesto consideramos importante reportar este aislamiento por ser por el ser la primera *Klebsiella pneumoniae* con NDM en nuestra provincia y porque se tuvo éxito terapéutico combinando dos antimicrobianos a los cuales el aislamiento era resistente por separado, lo que habla de la importancia de la comunicación Microbiólogo-Infectólogo para el manejo de las infecciones por este tipo de microorganismos panresistentes.

Palabras claves: BAL, MBL, NDM, BLEE

A5	PORTACION RECTAL DE <i>ENTEROBACTERALES</i> PRODUCTORES DE BETA-LACTAMASA DE ESPECTRO EXTENDIDO EN GANADO BOVINO DE TAMBOS DE VILLA MARIA, CORDOBA.
-----------	--

BUSS, Florencia M.⁽¹⁾; BONETTO, César⁽²⁾; LAMBERTI, Maximiliano⁽²⁾; GONZÁLEZ, Liliana L.⁽¹⁾; SÁNCHEZ, M. Lucrecia⁽¹⁾; PORPORATO, Carina⁽²⁾; SOLA, Claudia del V.⁽³⁾; SAKA, H. Alex⁽³⁾.

⁽¹⁾Lab. de Microbiología, Hosp. Infantil Municipal, Córdoba. ⁽²⁾Medicina Veterinaria, Inst. Académico y Pedagógico de Cs. Básicas y Aplicadas, Univ. Nac. de Villa María. ⁽³⁾Dpto. de Bioq. Clínica, CIBICI-CONICET, Fac. de Cs. Químicas, Univ. Nac. de Córdoba. flor.buss@hotmail.com

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es un problema sanitario global ya que disminuye las opciones terapéuticas y aumenta las tasas de morbi-mortalidad. Los *Enterobacteriales* productores de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) son considerados de prioridad crítica por la Organización Mundial de la Salud (OMS) debido a su multiresistencia y su capacidad de causar infecciones fatales. Hoy en día se reconoce que la RAM no solo impacta en humanos sino también en animales, plantas y el medio ambiente. Por esto, la OMS promueve un enfoque ecológico, multisectorial y coordinado denominado “Una Salud” para el abordaje de esta problemática. Los animales utilizados para la producción de alimentos son un eslabón potencialmente importante en la diseminación de la RAM, sin embargo, existen muy pocos estudios al respecto en nuestro medio. El objetivo de este trabajo es investigar la prevalencia y caracterizar el perfil de sensibilidad de *Enterobacteriales* productores de BLEE aislados de portación rectal en bovinos. Se analizaron 302 hisopados rectales bovinos de dos tambos de Villa María, Córdoba, los cuales se sembraron en caldo y ágar McConkey suplementados con cefotaxima. Las colonias sospechosas se tipificaron en medios cromogénicos y por métodos convencionales, y la presencia de BLEE se evaluó mediante “Doble difusión por discos”. En 100 cepas escogidas al azar se evaluó la sensibilidad por difusión en ágar según CLSI para: amoxicilina-clavulánico, piperacilina-tazobactam, imipenem, meropenem, ciprofloxacina, gentamicina, amikacina, trimetoprima-sulfametoxazol, nitrofurantoína y fosfomicina, y por “Drop test” para colistín. Además, se compararon los resultados con datos de sensibilidad de 2764 muestras clínicas pediátricas. Se observó una prevalencia de portación rectal de *Enterobacteriales* productores de BLEE de 85,8% en ganado bovino, siendo *Escherichia coli* la especie detectada en todos los casos. En contraste, la prevalencia global de *E. coli* productora de BLEE en muestras pediátricas fue del 6,2% ($p < 0,01$). El perfil de resistencia de los aislamientos bovinos vs. pediátricos fue: 75,0% vs. 44,8% para amoxicilina-clavulánico ($p < 0,01$), 71,0% vs. 56,7% para ciprofloxacina ($p < 0,05$), 70,0% vs. 7,9% para piperacilina-tazobactam ($p < 0,01$) y 60,0% vs. 53,2% para trimetoprima-sulfametoxazol ($p > 0,05$). El 69% de las cepas bovinas presentaron fenotipo multiresistente (MDR: resistentes al menos a un agente en ≥ 3 categorías de antimicrobianos). Estos hallazgos revelan una elevada prevalencia de portación rectal de *E. coli* productora de BLEE con fenotipo MDR en vacunos de tambos a nivel local y resaltan la necesidad de establecer programas de vigilancia que incluyan el monitoreo de la RAM en ganado bovino utilizado para la producción lechera en nuestro medio.

Palabras claves: resistencia antimicrobiana, ganado bovino, tambos, *Escherichia coli*, BLEE.

A6	ESTRATEGIA PARA DISMINUIR EL TIEMPO HASTA EL INFORME MICROBIOLÓGICO DE PORTACIÓN RECTAL DE CARBAPENEMASAS: EXPERIENCIA DE UN HOSPITAL REGIONAL.
-----------	--

CASTRO, Maximiliano Gabriel⁽¹⁾; ARGARAÑA, Fernanda^(1,2); PASTERÁN, Fernando⁽³⁾, GÓMEZ, Sonia^(3,4)

¹Servicio de Clínica Médica, Hospital Dr. JB Iturraspe (Santa Fe, Argentina). ²Sección de Microbiología, Hospital Dr. JB Iturraspe (Santa Fe, Argentina). ³Servicio de Antimicrobianos, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán" (CABA, Argentina). ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Correo electrónico del autor presentador: mgabrielcastro@outlook.com

La resistencia antimicrobiana en bacilos Gram negativos (BGN) limita el arsenal terapéutico. La colonización por BGN productores de carbapenemasas aumenta el riesgo de infección y se asocia a mayor morbilidad y gastos hospitalarios. Objetivo: Evaluar modificaciones en el protocolo de rutina de procesamiento de muestras de hisopados rectales (HR) para el diagnóstico de portación de BGN productores de carbapenemasas, con el fin de reducir el tiempo hasta el informe microbiológico. Se testearon la técnica tradicional (TT) y alternativa (TA). Se hisopó aleatoriamente, por duplicado, a pacientes de Clínica Médica y Cirugía General de un hospital regional de Santa Fe, mediando consentimiento informado. Procesamos por la TT homogeneizando el hisopo en solución fisiológica. Luego, 200 µl del homogenato fueron transferidos a 5 mL de tripticasa soya e incubados por 24h a 37°C con un disco de 10 µg de imipenem, subcultivando en medio sólido. Procesamos por la TA homogeneizando el hisopo en 2 mL de caldo nutritivo e incubando 6h a 37°. Luego, se centrifugó a 3200 rpm por 15 min y el pellet se sub cultivó en medio sólido. En ambos casos, el medio sólido incluyó un disco de 10 µg de ertapenem. Se aislaron colonias de BGN con halo de ertapenem < 22mm (CLSI). Se utilizó Vitek 2C para la identificación y sensibilidad antimicrobiana. Se usó Blue-carba Test, sinergia con ácido fenil-borónico y ácido etilendiaminotetraacético y discos combinados (DCMBrit, Britania®) para detectar actividad carbapenemasa. Para demostrar no-inferioridad de la TA vs. TT, se calculó que se requerían 194 pacientes por ambas técnicas. La estadística se calculó utilizando U de Mann-Whitney y Chi². Se realizaron HR en 226 pacientes (n=452 HR), el 50% por TT. Se demostró portación de carbapenemasas en 13,5% (n=61) HR, correspondientes al 16,8% (n=38) de los pacientes. El 89,5% (n=34) de las colonizaciones fueron por Enterobacteriales, con predominio de *Klebsiella ssp.* (n=27). La carbapenemasa más hallada fue del tipo metalo-beta-lactamasa (60,5%, n=23). Ambas técnicas remitieron el mismo resultado en el 93,4% de los casos (n=211, 23 positivos). En el 6,6% restante, la TT aportó 6 diagnósticos positivos y la TA 9, no identificadas por la técnica respectiva. La TT requirió 1d más para el informe de resultados (mediana de 4 vs 3 días, p<0,001), y en promedio 10d más de trabajo por cada resultado positivo (34 vs 24). Los positivos obtenidos por TT requirieron más días de estudio (mediana 5 vs 4,5, p<0,001). No hubo diferencias estadísticamente significativas entre la TA y la TT en sensibilidad ni valor predictivo negativo (S 84,2% vs 76,3%; VPN 96,9% vs 95,4%). En estos resultados preliminares, la TA demostró no-inferioridad y acortó el tiempo hasta el informe microbiológico sin disminuir la sensibilidad. Para concluir, en nuestra institución la prevalencia de portación de carbapenemasas obliga a continuar la búsqueda de métodos de detección precoz, para prevenir su diseminación.

Palabras clave: Enterobacteriaceae; Enterobacteriaceae resistentes a los carbapenémicos; Antibacterianos; Farmacorresistencia bacteriana; Carbapenémicos.

A7	EVALUACIÓN DE LA SENSIBILIDAD A ANTIBIÓTICOS EN CEPAS DE <i>ESCHERICHIA COLI</i> AISLADAS DE AVES Y AMBIENTES AVÍCOLAS.
-----------	--

CLAPIER, Lucas J.², CIMINOMARCLAY, Yamila M.¹, HOFFMANN, Teresa M.^{2,3}, VAN DER PLOEG, Claudia⁴, OCHOTECO, Andrea⁵, GASPART, Verónica A.⁵, SORIA, Mario A.¹, y BUENO, Dante J.^{1,2}

¹ INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. ² Facultad de Ciencia y Tecnología, sede Basabilvaso, Universidad Autónoma de Entre Ríos, Basavilbaso, Entre Ríos, Argentina. ³ CONICET-INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. ⁴ Instituto Nacional de Productos Biológicos, ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán," CABA, Argentina. ⁵ INTI Centro Oriental, Sede Entre Ríos, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. C. electrónico: soria.mario@inta.gob.ar

La colibacilosis es una enfermedad infecciosa causada por *Escherichia coli* (EC), la cual puede ser sistémica o localizada en diversos órganos. Es una enfermedad frecuente que puede ocasionar pérdidas económicas por la mortalidad animal que genera, costos en tratamientos y disminuciones en la producción. Una estrategia en el control de EC es a través del uso de antibióticos (ATBs). Por ello, en este trabajo se aislaron y tipificaron cepas de EC de aves y ambientes avícolas y se evaluó la sensibilidad *in vitro* a 15 antibióticos pertenecientes a 10 clases. Para el caso de la colistina, se determinó la sensibilidad mediante la técnica de difusión en agar, Coltest y la concentración inhibitoria mínima (CIM). Se analizaron un total de 80 aislamientos de EC provenientes de hígado (47); corazón (19); articulación tibio-tarso-metatarso (4); medula ósea (3), nido (3); bazo (1); cama (1), piso (1) y huevo picado no nacido (1). Para las muestras de órganos y articulación se realizó una siembra directa sobre agar Mac Conkey (MC). El resto de las muestras, se pre enriquecieron o diluyeron en agua peptona tamponada y posteriormente fueron sembradas en agar MC. Los aislamientos fueron confirmados por identificación bioquímica. Las cepas compatibles con EC fueron sembradas en agar Mac Conkey con sorbitol (AMCS) y las cepas rosadas fueron tipificadas utilizando los serogrupos O1, O2 y O78. Las cepas transparentes en ese medio fueron tipificadas mediante antisueros policlonales para antígenos somáticos y flagelares de EC y cuando fue necesario técnicas moleculares (PCR). La sensibilidad a los ATBs se realizó por el método de difusión en discos de Kirby-Bauer y se calculó el porcentaje de cepas resistentes a múltiples ATBs (MDR) y ampliamente resistente a los ATBs (XDR). De las 80 cepas aisladas, 77 y 3 cepas crecieron como colonias rosadas y transparentes en el AMCS, respectivamente. El 21,3%, 10,0%, 3,8%, 2,5% correspondieron a los serogrupos O78; O2; O1 y O101, respectivamente. Resultados similares fueron encontrados por Koutsianos y col. (2022). El 61,3% de las cepas fueron negativas al antisuero polivalente O_{1,2,78}. Un aislamiento fue móvil (H5) y positivo a PCR para el antígeno somático O23. Todas las cepas fueron resistentes a eritromicina. Tetraciclina (60,0%), amoxicilina (58,8%), cefalotina (56,3%), doxiciclina (48,8%), ceftiofur (36,3%) y sulfametoxazol/trimetoprima (32,5%) fueron los ATBs que presentaron mayor resistencia. A diferencia de nuestros resultados, Razewicz y col. (2022) reportaron porcentajes de resistencia entre el 68,4% y 100%, 81,3 y 94,7% para doxiciclina y sulfametoxazol/trimetoprima, respectivamente. Todas las cepas fueron sensibles a colistina, utilizando las tres técnicas. Ahmed y col. (2020) reportaron una resistencia a colistina en más del 50% de los aislamientos de EC. El 35,0% y el 6,3% de las cepas fueron MDR y XDR, respectivamente. La presencia de cepas XDR y MDR de EC es una alerta ante el problema de las bacterias altamente resistentes a los ATBs y por lo tanto indica la importancia del monitoreo de la sensibilidad a los mismos en avicultura.

Palabras claves: *E. coli*, aves, resistencia a antibióticos, colistina

A8	IMPACTO DE LA PANDEMIA EN LAS CARBAPENEMASAS DE NUESTRO HOSPITAL.
-----------	--

CONTRERAS, LORENA⁽¹⁾; SECOTARO, ADRIANA⁽¹⁾; ZULOAGA, LEILA⁽¹⁾; FERREYRA, ALBERTO⁽¹⁾; DOMINGUEZ, SOFIA⁽¹⁾; CAPOZZELLI, CINTIA⁽¹⁾.

1 Hospital Central de Mendoza. lorena.74contreras@gmail.com

Introducción: Sabemos que las carbapenemasas son uno de los principales desafíos que enfrentan hoy los equipos de salud aún cuando los métodos de detección han ido mejorando en cuanto a su velocidad, sensibilidad y especificidad. En nuestro hospital hemos observado un aumento exorbitante en los años 2021 y 2022 en los aislamientos de bacterias productoras de carbapenemasas, lo cual nos llevó a evaluar los métodos de detección disponibles para optimizar su búsqueda e informarlas de manera precoz. Objetivo: observar la evolución de las carbapenemasas en nuestra institución durante la pandemia; comparar los distintos métodos de detección disponibles y estudiar las opciones terapéuticas. Resultados: 1) Pudimos observar el aumento de carbapenemasas en muestras no screening desde 2018 (5); 2019 (27); 2020 (16); 2021 (115) y los primeros 6 meses del 2022 (65). 2) Las enterobacterias aisladas con mayor frecuencia fueron *Klebsiella pneumoniae* (76%) *Enterobacter cloacae* (10%) *Serratia marcescens* (2%) *Escherichia coli* (2%) y en menor proporción *Proteus mirabilis*, *Citrobacter koseri* y *Morganella morganii*. 3) De las 9 MBL encontradas, 7 fueron aisladas en *Pseudomonas aeruginosa*, 1 en *Pseudomonas putida* y 1 en *Enterobacter cloacae*. 4) El 100 % de las carbapenemasas aisladas en 2018, 2019 y 2020 fueron KPC mientras que en 2021 tenemos un 96% de KPC, 3% OXA-163, 1% MBL; y en 2022 el 84% fueron KPC, 15% fueron MBL, 1% OXA-163. 5) Todas las KPC fueron detectadas por métodos colorimétricos (Blue carba) e inhibición CZA – AZT, todas las OXA-163 fueron identificadas x inmunocromatografía y las MBL por inhibición CZA-EDTA. Phoenix y PCR no pudo evaluarse en la totalidad de los casos por falta de insumos, la correlación de las cepas evaluadas con la PCR fue del 100% mientras que con Phoenix fue del 85%. 6) Los antibióticos con mayor sensibilidad en las cepas KPC fueron: Amicacina (90%), Colistin (90%), CZA (99%), Tigeciclina (78%) Fosfomicina (68%) y Minociclina (64%). En las MBL: Amicacina, Gentamicina, (Fosfomicina), Aztreonam y Colistin fueron los únicos antibióticos con sensibilidad apreciable. 7) La Concentración inhibitoria mínima (CIM) de Meropenem mayor o igual de 32 ug/ml se observó en el 100% de las MBL y en el 53% de las KPC. Las cepas productoras de OXA-163 tuvieron CIM variables. Conclusiones: 1) El incremento en 2021 y 2022 de carbapenemasas fue casi 10 veces con respecto a los años anteriores, siendo *Klebsiella pneumoniae* la especie más frecuentemente aislada y KPC el tipo de carbapenemasa de mayor incidencia. 2) Solo en el 32% de los casos de KPC, la CIM a Meropenem permitiría su uso para tratamiento combinado. 3) Podemos afirmar que los métodos colorimétricos rápidos como Blue carba y la inhibición CZA-AZT sirvieron para demostrar la presencia del 100% de las KPC. 4) No hubo discrepancias entre la sensibilidad del Colistin realizada por métodos automatizados y predifusión. 5) Se observó un incremento apreciable de las MBL hacia el 2022 especialmente en *Pseudomonas aeruginosa*. 6) No se detectó la presencia de cepas productoras de doble y triple carbapenemasa.

Palabras claves: CIM, Ceftazidima-Avibactam (CZA), Metalo Beta Lactamasa (MBL), Aztreonam (AZT), ácido etilen-diamino tetra-acético (EDTA).

A9	CARACTERIZACION FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE AISLAMIENTOS PORTADORES DE METALOBETALACTAMASAS DE UN CENTRO DE SALUD DE LA CIUDAD DE BUENOS AIRES
-----------	--

COSTA Agustina^(1,2), **MARCANO VASQUEZ Eva**⁽³⁾, **GUTKIND Gabriel**^(1,2), **DI CONZA José**^(1,2)

⁽¹⁾ Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Instituto de Bacteriología y Virología Molecular (IBaVim). ⁽²⁾ CONICET. ⁽³⁾ Laboratorio Dr. Rapela - Sede Sanatorio Finochietto. aguspcoستا@gmail.com

Desde el inicio de la pandemia por COVID-19, se observó un aumento marcado en la prevalencia de aislamientos de enterobacterias productoras de metalo-betalactamasas (MBL), en algunos casos acompañada de la co-portación de la serinocarbapenemasa KPC. El objetivo de nuestro trabajo fue caracterizar fenotípica y genotípicamente aislamientos de *Enterobacterales* productores de MBL obtenidos en nuestro establecimiento de salud durante el período mayo-noviembre de 2021. Se estudiaron 44 aislamientos de *Enterobacterales* con sospecha de portación de MBL determinada por el método de *screening* con discos combinados. El 89% de los aislamientos fue identificado como *Klebsiella pneumoniae* (n=39), el 7 % como *Klebsiella aerogenes* (n=3) y el 4% como *Escherichia coli* (n=2) por MALDI-TOF MS. De los 39 aislamientos de *K. pneumoniae*, 5 fueron productores de bla_{NDM} , bla_{KPC} y $bla_{CTX-M-grupo1}$, 32 aislamientos fueron productores de bla_{NDM} y $bla_{CTX-M-grupo1}$ y 2 fueron solamente productores de bla_{NDM} . Todos los aislamientos de *K. aerogenes* y *E. coli* fueron productores de bla_{NDM} y $bla_{CTX-M-grupo1}$. El gen *pilV*, asociado al ST258, fue detectado en 5 de los 39 aislamientos de *K. pneumoniae*. Uno de los aislamientos de *E. coli* perteneció al ST131 y al grupo filogenético B2, mientras que el otro no perteneció al secuencia tipo mencionado y fue caracterizado como parte del grupo filogenético A. Los 5 aislamientos productores de doble carbapenemasa mostraron 2 patrones de bandas en la REP-ERIC PCR, y diferentes patrones de restricción al realizar el PFGE indicando diferente origen clonal. La secuenciación del genoma completo de uno de los aislamientos de *K. pneumoniae* productor de doble carbapenemasa, reveló la presencia de bla_{NDM-5} , bla_{KPC-2} , $bla_{CTX-M-15}$, bla_{TEM1-B} y genes que otorgan resistencia a quinolonas y aminoglucósidos, entre otros. Dicho aislamiento perteneció al ST307 y presentó los replicones IncFIB e IncHI1B. La diseminación de bla_{NDM} en diferentes enterobacterias, incluyendo *K. pneumoniae*, *K. aerogenes* y *E. coli* ha sido reportada en varios continentes; en concordancia con ello observamos un alto número de aislamientos de enterobacterias portadoras de NDM en el período evaluado, y más aún, la emergencia de aislamientos productores KPC+NDM (detectados inicialmente en nuestro país en 2019), que limitan las ya pocas opciones terapéuticas para las infecciones provocadas por estos patógenos.

Palabras clave: metalo-betalactamasa, *Enterobacterales*, doble carbapenemasa

A10**RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS DE USO FRECUENTE EN INDICADORES BACTERIANOS DE CALIDAD DEL AGUA EN LAS COSTAS MARPLATENSES(BUENOS AIRES, ARGENTINA)**

DOMINGUEZ María Soledad ^(1,2), **PEREZ GUZZI Julieta** ⁽¹⁾, **RIDOLFI Anabela** ⁽¹⁾, **ALBORNOZ Yanina** ⁽¹⁾ y **ESQUIUS Karina Soledad** ^(1,2)

1 Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Argentina. 2 Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras, FCEyN-CONICET, Mar del Plata, Argentina. soledaddominguez7@gmail.com

La rápida aparición y propagación de bacterias patógenas con amplia resistencia a antibióticos (RA) es reconocida por la Organización Mundial de la Salud como uno de los principales problemas de salud. En el litoral atlántico argentino viven aproximadamente 2,2 millones de personas de forma estable. Mar del Plata, con casi 660.000 habitantes, recibe en verano más de 3 millones de visitantes, convirtiendo al turismo en su principal actividad socio-económica. Para el desarrollo sustentable de esta actividad es imprescindible el cuidado de sus playas de la descarga de efluentes urbanos, que son fuente de numerosos contaminantes como materia orgánica, microorganismos patógenos, pesticidas, hormonas y fármacos, entre otros, para los cuales no hay políticas claras de gestión. El objetivo de este estudio fue evaluar la susceptibilidad a antibióticos de uso frecuente en cepas de *Escherichia coli* y *Enterococcus faecalis* aisladas de aguas costeras de la ciudad. Se realizaron muestreos durante un año en playas con diferente grado de impacto antrópico a lo largo de la costa. Se tomaron muestras de agua sub-superficial, se registraron datos ambientales y se determinaron los principales parámetros físico-químicos del agua. Se realizaron los aislamientos y las caracterizaciones bioquímicas correspondientes, obteniéndose un total de 82 cepas (40 de *E. coli* y 42 de *E. faecalis*). Se determinó la susceptibilidad frente a los antimicrobianos CEF, AMC, K, TMS, CMP, GEN, NOR, CIP, AKN, CLI, ERY, RIF y TET por el método de difusión en agar. El 27,5 % de las cepas de *E. coli* resultaron sensibles a todos los antibióticos testeados, mientras que el 72,5 % restante mostró resistencia únicamente a cefalotina. El 95,2 % de las cepas de *E. faecalis* presentaron multiresistencia (con un índice de multiresistencia mayor a 0,43), siendo cefalotina y eritromicina los antibióticos con mayor frecuencia de resistencia (86,4 % y 81,8 % respectivamente). La clindamicina se incluyó como prueba extra de identidad, ya que *E. faecalis* presenta resistencia natural a este antibiótico. Este estudio revela que las cepas de *E. coli* presentes en aguas costeras marplatenses exhiben condiciones de susceptibilidad a antibióticos que indicarían un tratamiento potencialmente sencillo en casos de posibles infecciones, mientras que la multiresistencia de *E. faecalis* condiciona fuertemente la antibioticoterapia a utilizar en casos de enfermedades vinculadas a esta bacteria. Monitorear la RA en las bacterias indicadoras de contaminación tradicionalmente buscadas, resulta más fácil y menos costoso que monitorear las concentraciones de diversos antimicrobianos en el agua de mar. Se concluye que es de crucial interés sanitario implementar evaluaciones sistemáticas de la RA en aguas recreacionales. El uso de bacterias con RA como marcadoras de contaminación contribuiría a la ponderación del riesgo para la salud pública, permitiendo gestionar a tiempo las medidas adecuadas.

Palabras claves: *Escherichia coli* - *Enterococcus faecalis* - antimicrobianos resistencia

A11

PREVALENCIA DE ESTREPTOCOCO BETA HEMOLÍTICO DEL GRUPO B EN EMBARAZADAS Y SU PERFIL DE SUSCEPTIBILIDAD EN HOSPITAL LAGOMAGGIORE DE MENDOZA.

FERRERA Yamila⁽¹⁾; MARTINEZ Luciana⁽²⁾; LÓPEZ Arturo⁽²⁾; CACCAVARI Victoria⁽²⁾

1. Residente Servicio de Microbiología, Hospital Luis C. Lagomaggiore, Mendoza, Argentina.

2. Servicio de Microbiología, Hospital Luis C. Lagomaggiore, Mendoza, Argentina.

E-mail: yamil562@gmail.com

Estreptococo beta hemolítico grupo B (EGB) integra el microbioma intestinal pudiendo colonizar intermitentemente el tracto genital. Es una causa importante de infección en gestantes y púerperas, produciendo corioamnionitis, endometritis post-parto, infección quirúrgica post-cesárea, infección del tracto urinario. Actualmente sigue siendo la principal causa de infecciones graves en recién nacidos (RN) de término y prematuros, presentándose como sepsis, neumonía y/o meningitis. El Centro para Control y Prevención de Enfermedades (CDC) publicó las guías para la prevención de sepsis neonatal basada en la búsqueda de EGB en mujeres embarazadas en la semana 35–37 de gestación.

El tratamiento de elección en la mujer colonizada es Penicilina (PEN) o ampicilina intraparto y en caso de hipersensibilidad, Eritromicina (ERY) y Clindamicina (CLI).

OBJETIVOS: Establecer la prevalencia de colonización por EGB en embarazadas de 35-37 semanas de gestación en el Hospital Lagomaggiore, en los años 2019, 2020 y 2021. Establecer el perfil de susceptibilidad a PEN, ERY, CLI y Levofloxacina (LEV).

MATERIALES Y MÉTODOS: Se tomaron 2 hisopados: introito vaginal y de la región perianal, que se colocaron en Caldo Selectivo Todd Hewitt (Britania) suplementado con Colistin y Ácido Nalidíxico incubados a 37°C durante 24hs. Se repicaron en medio cromogénico CHROMagar Strep B y se incubaron durante 18-24 hs en estufa en atmósfera de microaerofilia con un 5-7%CO₂. Las colonias sospechosas típicas color malva fueron reaisladas en placa de Agar Sangre de Carnero al 5% para evidenciar Beta-hemólisis y estudiadas posteriormente mediante pruebas presuntivas para la identificación de EGB como: Gram, Catalasa y test de CAMP. Confirmación por aglutinación de partículas de látex (MICROGEN Strep/SterptococcalGrouping Kit OXOID) y espectrometría de masas de ionización por desorción láser asistida por matriz - tiempo de vuelo (MALDI-TOF). Se realizó antibiograma utilizando el método de difusión con discos en medio Mueller-Hinton suplementado con 5% de sangre de carnero. Se probó PEN, ERY, CLI y LEV.

RESULTADOS: La prevalencia anual EGB resultó: 2019 8,4% - 2020 4,8% - 2021 7,9%. El perfil de susceptibilidad obtenido fue: para ERY 11% resistentes en 2019, 23% en 2020 y 29% en 2021; para CLI 7% resistentes en 2019, 23% en 2020 y 29% en 2021; para LEV 9% resistentes en 2019, 8% en 2020 y 5% en 2021. No se observó resistencia a PEN en los años estudiados.

CONCLUSIÓN: Si bien la prevalencia anual se correlaciona con la bibliografía, notamos una disminución de la misma en el año 2020.

Los % de resistencia a ERY y CLI han incrementado anualmente, y estos fueron superiores a los encontrados en otros estudios nacionales. El % de resistencia LEV se ha mantenido en los años estudiados. En nuestra población al resultar el 100% sensible a PEN este continúa siendo el tratamiento de elección en nuestro nosocomio.

Palabras Claves: Estreptococo beta hemolítico grupo B (EGB), Embarazada 35–37 semanas de gestación, Sepsis neonatal.

A12	EPIDEMIOLOGÍA DE LA RESISTENCIA A BETA LACTAMICOS EN ENTEROBACTERALES DE UN HOSPITAL DEL INTERIOR DE TUCUMAN.
-----	--

FLORES Silvia Andrea⁽¹⁾, DURANDAL Mónica Graciela⁽¹⁾, PIDUTTI Agostina María⁽¹⁾, CACERES Ileana Danisa⁽¹⁾, BILAVCIK Carlos Fabián⁽¹⁾, PONDAL Yolanda Beatriz⁽¹⁾, VALLEJOS Alicia Cecilia.^(1,2)

1 Unidad de Microbiología del Hospital Eva Perón, Banda del Río Salí, Tucumán, Argentina.

2 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán saf23_6@hotmail.com

La emergencia de bacilos gram negativos multiresistentes (BGNMR) es un problema de salud pública que se profundizó durante la pandemia COVID 19 constituyendo un desafío diagnóstico y terapéutico. Objetivo: Evaluar la distribución y tipo de resistencia a beta lactamicos en enterobacterales (EB) de un Hospital de Tucumán. Se realizó un estudio retrospectivo observacional de los aislamientos significativos no relacionados de EB en muestras clínicas de pacientes internados en el que se analizaron aislamientos productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y enterobacterales productores de carbapenemasas (EPC) en los años 2019, 2020 y 2021. La identificación de especie se realizó por espectrometría de masas MALDI-TOF. Las BLEE fueron caracterizadas por métodos fenotípicos y las carbapenemasas detectadas por prueba de blue carba, test de hodge, caracterizada por métodos fenotípicos y enviadas al laboratorio provincial de referencia para confirmación por métodos moleculares. Resultados: En 2019 se aislaron 385 EB; 86 (22,3%) fueron productores de BLEE y 5 (1,3 %) fueron EPC todas KPC. En el año 2020 de 367 EB, 74 (20,1%) fueron BLEE y 58 (15,8%) fueron EPC: 31 (8,4%) KPC, 24 (6,5%) NDM, 1 (0,3%) OXA 163, 1 (0,3 %) KPC+ OXA 163 y 1 (0,3%) NDM+IMP. En el año 2021 de 518 EB, 82 fueron BLEE (15,3%) y 118 (22,8%) fueron EPC: 43 (8,3%) KPC, 58 (11,2%) NDM, 3 (0,6%) OXA 163, 13 (2,5%) KPC+ OXA 163 y 1 (0,2%) NDM+KPC. Se observa un aumento importante de EPC en el año 2020 con respecto a 2019 que se mantuvo en 2021. Esto no se ha observado en las BLEE. Se destaca la detección de aislamientos doble productores de carbapenemasas. La distribución de especies en los 181 EPC en el periodo estudiado fue: 124 (68,5%) *Klebsiella pneumoniae*, 32 (17,7%), *Enterobacter cloacae* complex, 6 (3,3%) *Serratia marcescens*, 6 (3,3%) *Klebsiella aerogenes*, 4 (2,2%) *Proteus mirabilis*, 3 (1,7%) *Escherichia coli*, 3 (1,7%) *Enterobacter bugandensis*, 1 (0,5%) *Klebsiella oxytoca*, 1 (0,5%) *Enterobacter kobei*, 1 (0,5%) *Serratia ureilytica*. Con respecto a EB productores de BLEE la distribución fue la siguiente: 134 (55,4%) *Escherichia coli*, 70 (28,9%) *Klebsiella pneumoniae*, 10 (4,1%) *Proteus mirabilis*, 6 (2,5 %) *Morganella morganii*, 5 (2,6%) *Enterobacter cloacae* complex, 4 (1,6%) *Klebsiella aerogenes*, 4 (1,7%) *Providencia stuartii*, 3 (1,2%) *Citrobacter freundii*, 3 (1,2%) *Proteus vulgaris*, 1 (0,4%) *Serratia marcescens*, 1 (0,4%) *Klebsiella oxytoca*, 1 (0,4%) *Shigella flexneri*. El microorganismo predominante dentro de los EPC fue *Klebsiella pneumoniae* y dentro de EB productores de BLEE *Escherichia coli*. Las EPC fueron recuperadas 102 (56,4 %) de muestras respiratorias, 51 (28,1%) de orina, 26 (14,4%) de sangre y 2 (1,1%) de heridas. Para EB productores de BLEE 168 (69,4%) de orina, 35 (14,5 %) de muestras respiratorias, 24 (9,9%) de sangre y 15 (6,2%) de heridas y otros. Conclusiones: Es importante contar con datos epidemiológicos locales para poder definir tratamientos empíricos adecuados y tomar medidas de vigilancia y detección que limiten la diseminación de BGNMR.

Palabras clave: carbapenemasas, NDM, KPC, BLEE, epidemiología.

A13	PREVALENCIA DE BLEE EN BACTERIAS CAUSANTES DE INFECCIONES URINARIAS EN PACIENTES AMBULATORIOS DE LABORATORIO PRIVADO DE SAN LUIS.
------------	--

GARCÍA Paula ⁽¹⁾, **LESIK Gabriela** ⁽¹⁾, **OLLER Antonela** ⁽¹⁾.

(1) Laboratorio Orellano Elorza – San Luis. paulagarcia172@hotmail.com

Las infecciones del tracto urinario (ITU) son causadas por la presencia y crecimiento significativo de microorganismos en el aparato urinario. Se clasifican según diferentes criterios, en ITU bajas, que se manifiestan cuando existe colonización bacteriana a nivel del tracto urinario inferior: uretra, vejiga y próstata. Por otra parte, se denominan ITU no complicadas, aquellas que afectan a individuos que tienen un tracto urinario estructural y funcionalmente normal y que responden bien a un tratamiento antibacteriano corto. Según el ámbito de adquisición, se pueden clasificar en ITU adquirida por un paciente de la comunidad o ambulatorio e ITU nosocomiales que se caracterizan generalmente por la presencia de un catéter o sonda urinaria en el paciente que se encuentra hospitalizado. La mayoría de las ITU ambulatorias están producidas principalmente por bacterias que provienen del colon y, por lo tanto, la flora fecal del paciente condiciona en gran medida su etiología. El objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar cepas bacterianas en muestras de orina provenientes de pacientes con ITU no complicadas ambulatorias y determinar la resistencia por producción de beta lactamasas de espectro extendido (BLEE) en nuestro laboratorio. Se realizó un estudio retrospectivo que comprendió un período de 3 años, entre 2019 y 2022, con un total de 5.512 muestras para urocultivo. Las mismas fueron sembradas en medio agar CLDE. En aquellas placas con desarrollo bacteriano, la sensibilidad a los antibióticos fue evaluada mediante el método de difusión de Kirby-Bauer. Los discos seleccionados fueron los correspondientes para infecciones urinarias bajas no complicadas. Los diámetros de los halos fueron evaluados según CLSI. Se investigó la presencia de BLEE, cuando el aislamiento bacteriano presentó resistencia a cefazolina. Para ello, se colocaron discos de cefalosporinas de tercera generación (Cefotaxima y Ceftazidima) próximos a un disco de Amoxicilina Acido Clavulánico. Se interpretó como resultado positivo la deformación del halo entre los discos. Sobre el total de muestras procesadas, se confirmaron como urocultivos positivos (UP) 1478 muestras (27%). Las restantes, fueron consideradas como urocultivos negativos (4034/73%). La especie bacteriana más frecuentemente aislada fue *Escherichia coli* (1018/69%), seguida por *Enterococcus faecalis* (84/6%) y *Klebsiella pneumoniae* (64/4%). Del total de UP analizados, se obtuvieron 1182 (80%) aislamientos pertenecientes a la familia *Enterobacteriaceae*. De esta familia de bacterias, 60 cepas presentaron resistencia mediada por producción de BLEE. En el primer año estudiado, se aisló 1 cepa (2%), en el segundo 28 (46%), y en el tercero 31 (52%). Como conclusiones obtenidas, bacilos gram negativos fueron hallados con mayor frecuencia que cocos gram positivos. La especie bacteriana más aislada fue *E. coli*, seguida por *E. faecalis* y *K. pneumoniae*. La prevalencia de cepas de enterobacterias que presentaron resistencia mediada por producción de BLEE fue del 5%, observándose un aumento de la misma en nuestra población, respecto a los años estudiados. Esto hace que sea indispensable reconocer e identificar estos mecanismos en la labor diaria, con el objetivo de controlar su diseminación y contribuir a optimizar el uso de antibióticos, con la consiguiente mejora en el tratamiento de las ITU.

A14	ATM 19 - ARTRITIS SÉPTICA EN PACIENTES ADULTOS EN EL HOSPITAL LAGOMAGGIORE DE MENDOZA. AGENTES CAUSALES Y SU PERFIL DE SUSCEPTIBILIDAD.
------------	--

GARCIA ROVERE Elisa⁽¹⁾; GAMBARTE Laura⁽¹⁾; LÓPEZ Arturo⁽¹⁾; CACCAVARI Victoria⁽¹⁾; ATTORRI Silvia⁽²⁾.

1. Servicio de Microbiología, Hospital Luis C. Lagomaggiore, Mendoza, Argentina.

2. Servicio de Infectología y Control de Infecciones, Hospital Luis C. Lagomaggiore, Mendoza, Argentina.

E-mail: melisagrover@gmail.com

La Artritis séptica (AS) es un cuadro infeccioso producido por la invasión y proliferación de microorganismos en una cavidad articular, cursa con una respuesta inflamatoria aguda y se considera una urgencia médica por el rápido deterioro anatómico y funcional que produce. Es una enfermedad poco frecuente, con una incidencia de 2-5 casos cada 100.000 habitantes/año según la Sociedad Argentina de Reumatología (SAR), pero de alta morbilidad, con hospitalizaciones prolongadas, procedimientos invasivos, secuelas y letalidad. Pueden presentarse en una o varias articulaciones principalmente en pacientes con enfermedades de base como diabetes mellitus, insuficiencia renal, prótesis ortopédicas, traumatismos previos. La etiología en su mayoría es bacteriana, el microorganismo más frecuente aislado es *Staphylococcus aureus* (SA), seguido de *Streptococcus spp*. Se recomienda un drenaje articular y un tratamiento empírico con vancomicina y cefalosporinas de tercera o cuarta generación, según clínica, laboratorio y tinción de gram.

OBJETIVOS: Establecer el agente causal de AS en pacientes hospitalizados en el Hospital Lagomaggiore y determinar el perfil de susceptibilidad.

MATERIALES Y MÉTODOS: Realizamos un estudio observacional, descriptivo retrospectivo de pacientes adultos mayores de 18 años con diagnóstico presuntivo de artritis desde enero 2020 hasta mayo 2022. Todos los líquidos articulares recepcionados fueron procesados según protocolos del Servicio de Microbiología: observación macroscópica, fresco, realización de tinciones de gram, giemsa, Zhiel-Neelsen y Kinyoun. Se cultivó en Agar Cistina Lactosa Deficitario de Electrolitos (CLDE), Agar Sangre de carnero al 5%, Agar Chocolate suplementado (Britalex), Agar Sabouraud, caldos de enriquecimientos HBI y Tioglicolato, fueron incubados a 37°C en búsqueda de microorganismos comunes. Si el volumen de muestra es suficiente se inoculó en botella de hemocultivo (BACTEC). Las colonias sospechosas fueron identificadas por espectrometría de masas de ionización por desorción láser asistida por matriz - tiempo de vuelo (MALDI-TOF). Se realizó antibiograma utilizando el método de difusión con discos en medio Mueller-Hinton.

RESULTADOS: De 26 muestras estudiadas 13 casos (50%) resultaron positivas, predominando el sexo masculino (62%), con una edad media de 50 años. La identificación etiológica obtenida fue: 9 casos SA (69%) de los cuales 8 resultaron SA Metilino Sensible (SAMS) y 1 SA Metilino Resistente (SAMR); 3 *Streptococcus spp* (23%). Por último 1 de los aislamientos resultó ser un *Staphylococcus* Coagulasa Negativo Metilino Resistente (8%) (SCNMR).

CONCLUSIÓN: Resulta de gran importancia conocer el agente causal más frecuente de AS en nuestro hospital junto con su perfil de susceptibilidad, ya que permite tomar conductas clínicas y terapéuticas. Nuestros resultados coinciden con la bibliografía nacional descripta.

Palabras Claves: Artritis Séptica, SAMS, Líquido articular.

A15	PERFIL DE SENSIBILIDAD ANTIMICROBIANA DE ENTEROBACTERIAS EN UROCULTIVOS DE PACIENTES DEL CENTRO DE ESPECIALIDADES MÉDICAS AMBULATORIAS DE SANTA FE.
------------	--

GONZALEZ Carolina¹, TABORDA Romina¹, GIMENEZ Flavia¹, VALLETTO Mónica¹.

¹ Sección Microbiología, Centro de Especialidades Médicas Ambulatorias de Santa Fe (CEMAFE), Santa Fe, Argentina.

cf-gonzalez@outlook.com

Las infecciones del tracto urinario (ITU) son una causa de consulta muy frecuente en atención primaria de la salud. La utilización inadecuada de antimicrobianos en estas infecciones conlleva a la selección de cepas resistentes y falla de tratamiento. El objetivo de este trabajo es describir las enterobacterias más frecuentemente aisladas y sus perfiles de sensibilidad a los antibióticos en urocultivos de pacientes ambulatorios de nuestra institución para mejorar el manejo empírico de las infecciones urinarias. Se realizó un estudio descriptivo, de corte transversal y retrospectivo. Se obtuvieron 267 urocultivos positivos en el período comprendido entre mayo de 2021 a mayo de 2022, el agente etiológico más frecuente fue *Escherichia coli* (89%) seguido de *Klebsiella pneumoniae* (8%), *Proteus mirabilis* (2%) y *Enterobacter cloacae* (1%). La sensibilidad general reportada a ampicilina fue de 33%, ampicilina-sulbactam 74%, cefalosporinas orales 91%, nitrofurantoína 94%, trimetoprima-sulfametoxazol 72%, ciprofloxacina 65%. Los mecanismos de resistencia detectados en los aislamientos fueron 7% cepas productoras de betalactamasa de espectro extendido (BLEE) y un solo aislamiento de *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasa tipo KPC. Los resultados obtenidos muestran una mayor actividad antimicrobiana in vitro de nitrofurantoína y cefalosporinas orales, pudiendo ser una opción terapéutica empírica viable frente a ITU baja no complicada. Ampicilina-sulbactam, trimetoprima-sulfametoxazol y ciprofloxacina tienen una menor actividad antimicrobiana probablemente por el uso inadecuado de estas drogas. Ampicilina no sería una buena opción terapéutica debido a su alto porcentaje de resistencia. La vigilancia de los perfiles de sensibilidad y mecanismos de resistencia de los microorganismos prevalentes en ITU de pacientes ambulatorios, nos permiten conocer la epidemiología local, optimizar la elección del tratamiento empírico y evitar la generación de resistencia antimicrobiana.

Palabras clave: Infección del tracto urinario-Resistencia antimicrobiana-Etiología.

A16	PRESENCIA Y VARIACIÓN ESPACIO-TEMPORAL DE LINAJES DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS EPIDÉMICOS Y/O CON RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS EN RÍOS DE ARGENTINA.
------------	--

GONZÁLEZ M José⁽¹⁾, BLASKO Enrique⁽¹⁾, BARCUDI Danilo⁽¹⁾, GÓMEZ Sandra⁽⁴⁾, VIERA Elida⁽⁴⁾, RUIZ M. Eugenia⁽⁵⁾, BONETTO Cesar⁽²⁾, PORPORATO Carina⁽³⁾, SAKA H Alex⁽¹⁾, BOCCO J Luis⁽¹⁾, AMÉM. Valeria⁽¹⁾ y SOLA Claudia⁽¹⁾

1Fac. de Cs. Químicas, UNC, (CIBICI)-CONICET. 2Carrera Med. Vet., Inst de Cs. Básicas y Aplicadas, UNVM. 3Inst. Mult. de Inv. y Transf. Agroalimentaria y Biotecnológica (CONICET-UNVM). 4Unidad de Microbiología, CEPROCOR, MCyT de Cba. 5 LACE Lab. Cba.
maria.jose.gonzalez@mi.unc.edu.ar

S. aureus coloniza e infecta tanto a humanos como animales. Presenta capacidad de adquirir virulencia y resistencia/(R) a antimicrobianos/ (RATM), como R a metilicina/ (MRSA) y potencial de diseminación en hospitales/ (HA), comunidad/ (CA), ganado/ (LA) a través de clones con incrementada virulencia y/o transmisibilidad y/o RATM (high-risk, HRCs). Eventos de propagación de HRCs de *S. aureus* también pueden ocurrir a través de la transmisión ambiental (suelo, aire y aguas cercanas a instalaciones ganaderas y ciudades). El objetivo es analizar la presencia junto a la caracterización molecular y antibiograma de cepas de *S. aureus* del Río Suquia/ (RS), que atraviesa la ciudad de Córdoba/ (CCba) donde recibe escorrentía, aportes pluviales y efluentes de una planta de tratamiento de aguas residuales/ (PTAR) y del Río III/ (RIII), que atraviesa una región de la Pampa Húmeda (cuenca lechera), la ciudad de Villa María/ (VM) y otras poblaciones cercanas. Se tomaron muestras de agua (concentrada por filtración) y biofilm del raspado de piedras o de muestreadores artificiales en puntos estratégicos/ (PM). En el RS se muestreó un día, un punto antes/ (RSP1) y otro después/ (RSP2) de la CCba, para evaluar el aporte de la CCba a la carga microbiana del mismo. En el RIII se muestrearon dos días separados por 5 semanas en 4 puntos: antes/ (RIIIP1) y después de la Ciudad de VM/ (incluyendo efluentes de PTAR, RIIIP2), zona de tambos lecheros (RIIIP3) y luego de los mismos/ (RIIIP4). Se tipificaron colonias separadas (10-15) por cada PM. Se realizó antibiograma (difusión/CLSI2021) y PCR para los genes *mecA* y *ermA/B/C/T*. La caracterización genética se realizó por PFGE, tipo *spa*, MLST y Tipo SCC*mec*. En el RS sólo se obtuvo desarrollo en RSP2, donde se identificaron 6 linajes CC/ST: 1) CC8(n:6): CC8/ST8/(n: 5)/MSSA: USA300-15/t024 (n: 2), USA300-43/t008, USA300-52/t304 y USA300-10/t024, dos R a Eritromicina/(ERY), Clindamicina/ (CLI, *ermC*⁺, inducible/MLSBi) y Gentamicina/(GEN) y CC8/ST72/CA-MRSA/PFGE-R4/IVc/t11648 con R a GEN, 2) CC/ST398(n: 4): MSSA/t1451, con R a ERY y CLI, (2MLSBi y 2MLSBc, 2*ermT*⁺ y 2*ermC*⁺) y tres R a GEN, 3) CC/ST15/MSSA/ PFGE-CC13/t084, 4) CC/ST1/CA-MRSA/PFGE-FF17/V/t127 con R a ERY y CLI, (MLSBi, *ermC*⁺), GEN y Ciprofloxacina, 5) CC/ST30/MSSA/PFGE-N1/t012 y 6) CC/ST97/MSSA/PFGE-DD48/t267. En el RIII, día 1: en todos los PM se detectó el genotipo CC/ST30/MSSA/PFGE-N51/t20465 y además en el RIIIP3 se agregó CC/ST15/MSSA/PFGE-CC17/t20404 y día 2: en todos los PM excepto RIIIP1, se obtuvo desarrollo del genotipo CC/ST398/MSSA/t1451, todos R a ERY y CLI, (MLSBi, 50%, *ermT*⁺ y 50% *ermC*⁺). Estos resultados demuestran que ambos ríos facilitan la propagación de HRCs de *S. aureus* con y sin RATM, relacionados al hombre y al ganado. En el caso del RS se evidenció el impacto sobre la RATM de *S. aureus* al atravesar la CCba y recibir los efluentes de la PTAR (efecto espacial). En el caso del RIII se evidenció un efecto temporal con un linaje predominante diferente en cada período. Estos datos son importantes para el control de la transmisión de HRCs y de la RATM.

Palabras claves: *Staphylococcus aureus*, Clones de alto riesgo, Ríos de Argentina.

GONZALEZ María Josefina ⁽¹⁾⁽²⁾, **GHIGLIONE Barbara** ⁽²⁾, **FIGUEROA-ESPINOSA Roque** ⁽²⁾, **GONZALEZ Stella Maris** ⁽¹⁾, **ROJAS MOLINA Florencia** ^(1,3), **DI CONZA José Alejandro** ⁽²⁾

(1) Instituto Nacional de Inmunología (INALI-CONICET-UNL). (2) Laboratorio de Resistencia Bacteriana. Departamento de Microbiología, Inmunología y Biotecnología. Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad de Buenos Aires (FFyB-UBA-CONICET). (3) Facultad de Humanidades y Ciencias (FHUC-UNL). mjgonzalez@santafe-conicet.gov.ar

Las condiciones ecológicas del medio ambiente pueden entenderse como un equilibrio entre características propias de los ecosistemas y presiones antrópicas que recibe. El monitoreo y caracterización de la calidad bacteriológica del ambiente en áreas urbanas puede realizarse mediante la identificación y cuantificación de *Escherichia coli*. Según el informe mundial sobre la vigilancia de la resistencia a los antimicrobianos (RAM) publicado por la Organización Mundial de la Salud (OMS), la emergencia de *E. coli* multirresistentes se considera un problema importante de salud pública, donde la resistencia a las cefalosporinas de tercera generación (CTG), carbapenemes y colistina despiertan preocupación para la medicina humana y animal.

El presente trabajo evalúa la calidad bacteriológica y el perfil de resistencia a antibióticos en aislamientos de *E. coli* recuperados en ecosistemas acuáticos vinculados a las ciudades de Santa Fe, Santo Tomé y Rincón. Durante diciembre de 2021 y mayo de 2022 se tomaron muestras de agua y sedimento y se midieron las variables físicas y químicas en 14 puntos (n=56) seleccionados por su influencia antrópica. Se realizó la identificación y cuantificación de *E. coli* por medio de recuento en placa, confirmando la identidad de cada aislamiento por EM MALDI-TOF. La sensibilidad a antibióticos se determinó por ensayos cualitativos y de acuerdo a los lineamientos del CLSI (2022).

Las densidades de *E. coli* variaron entre 5 y 8.000 UFC/100 ml para las muestras de agua, y entre 0 y 360.000 UFC/100 ml para el caso del sedimento. En el 42,9% de los puntos se superaron los niveles guías para calidad de agua establecidos por organismos internacionales para contacto primario. De los 383 aislamientos de *E. coli* recuperados en ambos muestreos, 98 cepas (72 provenientes del agua y 26 del sedimento) fueron resistentes a al menos un antimicrobiano: 70,4% a ampicilina, 59,2% a tetraciclina, 30,6% a trimetoprima-sulfametoxazol, 12,2% a ciprofloxacina, 6,1% a nitrofurantoína, 6,1% a gentamicina y 1% a fosfomicina. De las cepas resistentes a ampicilina: 7 fueron productoras de AmpC, pendientes de confirmación por PCR y 13 fueron productoras de BLEE, en 11 de ellas confirmada la presencia de bla_{CTX-M} por PCR, de acuerdo a los lineamientos de SADEBAC. Por último, para evaluar la resistencia a colistina se realizó el screening fenotípico de MCR por colistin agar spot e inhibición con EDTA, obteniendo 20/383 cepas positivas.

Estos resultados de RAM en ambientes acuáticos del área del Paraná Medio, permiten observar en *E. coli* la circulación de mecanismos de resistencia a diferentes antibióticos. El estudio del impacto de los antibióticos en la naturaleza y los niveles de resistencia en las bacterias, tiene relevancia ecológica y sanitaria ya que la RAM puede propagarse en estos ecosistemas de estrecho uso y vínculo con la población, con consecuencias para la salud humana y la evolución del medio ambiente.

Palabras clave: *Escherichia coli*, resistencia antimicrobiana, ecosistemas acuáticos, Una Salud, Paraná Medio

A18**COMPARACIÓN DE MÉTODOS FENOTÍPICOS DE SENSIBILIDAD A COLISTINA EN CEPAS DE *SALMONELLA* SEROVAR ENTERITIDIS.****HOFFMANN Teresa M.^{1,3}, PITURA Gretel N.³, BUENO Dante J.^{2,3}**

¹CONICET, INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. ²INTA EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. ³Facultad de Ciencia y Tecnología, Sede Basavilbaso, UADER. Basavilbaso, Entre Ríos, Argentina. magalihoffmann@gmail.com

En la industria avícola se monitorea continuamente la aparición de serovares zoonóticos de *Salmonella*, entre ellos, *Salmonella* ser. Enteritidis es uno de los más prevalentes. Debido a la importancia en la salud pública y a la problemática de la resistencia antimicrobiana, se determina también la sensibilidad los aislados en busca de cepas multirresistentes. Para evaluar la sensibilidad a colistina la microdilución en caldo es la única prueba aceptada por los estándares actuales, aunque se trata de un método laborioso y requiere de acceso a sulfato de colistina. Una alternativa adaptada por el Laboratorio Nacional de Referencia en Antimicrobianos (LNR) es el método de elusión de discos en caldo. El objetivo de este trabajo fue comparar 3 pruebas fenotípicas de sensibilidad a colistina sobre cepas de *Salmonella* ser. Enteritidis: el método de difusión en discos y el método de dilución en agar (ColTest®, Laboratorios Britania, Argentina) frente al método de referencia de elución de discos (micrométodo). La difusión de discos se realizó según el método de Kirby-Bauer descrito en el CLSI. El ColTest se realizó siguiendo las recomendaciones del fabricante. La elusión de discos se efectuó siguiendo las pautas del LNR, en donde se obtuvieron 3 concentraciones de colistina usando como fuente 1, 2 y 4 discos de colistina de 10 µg. Los discos se colocaron en tres tubos con 10 ml de caldo Mueller-Hinton con ajuste de cationes, se dejó difundir la colistina de los discos al caldo y se fraccionaron luego en 10 tubos de 1 ml. Estos tubos, más un tubo control sin colistina se inocularon con 5 µl de una solución 0,5 en la escala de Mc Farland de cada cepa y se incubaron a 37°C. Se evaluó la sensibilidad sobre 197 cepas aisladas de cama de pollos (177), guano (10) y polvo (8) de galpones de gallinas ponedoras e hisopado cloacal (2) de gallinas ponedoras. Todas las cepas resultaron sensibles a colistina con el método de difusión de discos (con halos de inhibición de 11 a 15 mm) y con el método de elución de discos (CIMs de 1 y 2 µg/ml). La concordancia entre estos métodos fue excelente (Kappa=1). Contrariamente, usando ColTest, 180 cepas resultaron resistentes (CIMs ≥ 3 µg/ml), por lo que la concordancia fue pobre entre este método y los anteriores (Kappa = 0,09) en este tipo de cepas. Los estándares actuales no recomiendan el método de difusión de discos para colistina, ya que se considera que difunde lentamente y la medición no es fiable, sin embargo no se encontraron diferencias entre este método y el método tomado como referencia. Por otro lado, el 91% de las cepas de *Salmonella* ser. Enteritidis presentaron resistencia a colistina en ColTest, aunque al que al usar los otros métodos fueron 100% sensibles, a diferencia de Pasteran *et. al* (2018 y 2021) que encontraron concordancia entre el 95 a 100 % entre ColTest y el método de referencia en aislamientos clínicos de *Salmonella* y otras bacterias Gram negativas.

Palabras clave: Colistina, *Salmonella*, Métodos fenotípicos

A19	ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE GRAS SOBRE <i>Yersinia enterocolitica</i> EN CALDO SUPLEMENTADO CON JUGO DE CARNE.
------------	---

IRIARTE Hebe ^(1,2), **DI MARCO Natalia** ^(1,3), **COLOCHO Florencia** ^(1,2), **MAIER Martin** ⁽⁴⁾, **PUNGITORE Carlos** ^(3,5), **LUCERO-ESTRADA Cecilia** ^(1,2).

1 Instituto Multidisciplinario de Investigaciones Biológicas (IMIBIO-CONICET-SL). 2 Área de Microbiología e Inmunología. 3 Área de Química Orgánica, Universidad Nacional de San Luis. 4 Instituto de Química Orgánica Eberhard Karls, Universidad de Tubingen, Alemania. 5 Instituto de Investigación en Tecnología Química (INTEQUI-CONICET-SL).

hjiriarte@email.unsl.edu.ar

Yersinia enterocolitica es una de las cinco principales causas de gastroenteritis bacterianas en el mundo. Su transmisión es a través de agua o alimentos contaminados. Los cerdos son el principal reservorio, pero también se encuentra en otros animales. El biofilm formado en las superficies de contacto directo o indirecto con los alimentos se considera uno de los principales factores de contaminación cruzada en el procesamiento de los mismos. Sin embargo, su estudio *in vitro* es muy diferente de la condición del entorno natural, pudiendo ejercer diferente comportamiento de crecimiento y/o supervivencia en comparación a los evaluados en el laboratorio. Actualmente, la investigación de biofilms en el entorno real de procesamiento de carnes es dificultosa debido a los desafíos técnicos. Por lo tanto, se utilizan los residuos de fluidos cárnicos (jugo de carne, JC) para recrear dicho entorno. Según la Administración de Alimentos y Medicamentos (FDA) el acrónimo GRAS define a sustancias que son utilizadas como aditivos para alimentos que son generalmente reconocidas como seguras. El objetivo de este trabajo fue estudiar el efecto de diferentes productos GRAS sobre la formación de biofilm de *Y. enterocolitica* en caldo nutritivo (CN), caldo Luria Bertani (LBC) y caldo tripticosa soja (TSC), adicionados con distintas concentraciones de JC, así como también, determinar los valores de CIM y CBM en CN y en CN+JC. Se analizó la formación de biofilm de *Y. enterocolitica* CLC001 bioserotipo 1A/O:7,8-8-8,19 en CN, LBC y TSC sin JC, suplementados con 50% de JC y en 100% de JC. Se observó que el CN+50%JC fue el medio de cultivo sin glucosa como fuente de carbono, que fomentó la mayor producción de biofilm. La CIM y CBM en CN fueron, NaNO₂: 0,78 mg/ml y bacteriostático; ácido láctico: 0,64 mg/ml y 1,27 mg/ml; ácido ascórbico: 2,18 mg/ml y 8,75 mg/ml; ácido fosfórico: 0,28 mg/ml y 1,15 mg/ml; ácido acético: 0,40 mg/ml y 1,62 mg/ml y ácido cítrico: 0,62 mg/ml y 5 mg/ml, respectivamente. Mientras que la CIM y CBM en CN+50%JC fueron, NaNO₂: 0,05 mg/ml y bacteriostático; ácido láctico: 0,64 mg/ml y 1,27 mg/ml; ácido ascórbico: 4,37 mg/ml y 8,75 mg/ml; ácido fosfórico: 2,33 mg/ml y 2,33 mg/ml; ácido acético: 0,40 mg/ml y 3,25 mg/ml; y ácido cítrico: 1,25 mg/ml y 5 mg/ml, respectivamente. Según estos resultados la CIM de los ácidos ascórbico, fosfórico y cítrico y la CBM de los ácidos fosfórico y acético en CN+50%JC aumentaron en al menos 1 factor de dilución con respecto al CN sin JC, indicando posiblemente que el JC protege la viabilidad de *Y. enterocolitica*. Concluimos que la presencia del JC en CN aporta sustancias que favorecen el crecimiento bacteriano y aumentan la resistencia de *Y. enterocolitica* a agentes antimicrobianos en condiciones de laboratorio que recrean los procesos de manufacturación de carne. Estos valores serán utilizados para determinar el efecto de los GRAS sobre la viabilidad del biofilm de *Y. enterocolitica* en dichas condiciones.

Palabras claves: Antimicrobianos, GRAS, *Yersinia enterocolitica*, Jugo de carne.

A20**MULTIRRESISTENCIA EN BACTERIAS DE INFECCIONES URINARIAS EN CANINOS. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE UN AISLAMIENTO DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* PRODUCTOR DE KPC-2.****IRRAZABAL María G.⁽¹⁾, MORANDINI Fabrizio N.⁽²⁾, RUIZ Susana E.^(3,4), BETTUCCI FERRERO Gloria N.⁽²⁾, LIPARI Flavio G.⁽⁵⁾, BELLUZZO BOCCO María P.^(1,4), GIRAUDO Federico J.⁽³⁾, ROLLÁN María del Rosario^(1,3), SAKA H. Alex⁽²⁾**

¹Fac. de Cs. Agropecuarias, Univ. Católica de Córdoba. ²Dpto. de Bioq. Clínica, CIBICI-CONICET, Fac. de Cs. Químicas, Univ. Nac. de Córdoba. ³Fac. de Cs. Químicas, Univ. Católica de Córdoba. ⁴LACE Laboratorios, Córdoba. ⁵ Fac. de Cs. Médicas, Univ. Nac. de Córdoba.

irrazabal.gaby@gmail.com

La resistencia a los antimicrobianos es una de las principales amenazas para la salud global. El enfoque “UNA SALUD” impulsado por la OMS, propone un abordaje integral que incluya estudios en humanos, animales y el ambiente para enfrentar esta problemática. Los animales de compañía son un potencial eslabón en la circulación de bacterias multirresistentes, pero existen muy pocos estudios al respecto en nuestro medio. El objetivo de este trabajo es investigar la presencia de mecanismos de resistencia a antibióticos clínicamente relevantes en bacterias causantes de infecciones urinarias (ITU) en caninos. Se estudiaron 1255 muestras de orina de canes (período 2018-2021) obtenidas por cistocentesis. La tipificación de especies se realizó por pruebas bioquímicas convencionales/Vitek2. La sensibilidad antimicrobiana se determinó por difusión en agar según CLSI. La presencia de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) se investigó por sinergia con discos de cefotaxima, ceftazidima y amoxicilina-clavulánico. La presencia de carbapenemasas se estudió por: Hodge-modificado, discos de meropenem con/sin inhibidores (ácido borónico, EDTA, cloxacilina y tazobactam), PCR/secuenciación de genoma completo (Illumina Mi-Seq) y se evaluó su transferibilidad por conjugación. El 31% de las muestras presentaron bacteriuria significativa. Las bacterias más frecuentes fueron: *Escherichia coli* (40%, $p < 0.0001$), *Staphylococcus* grupo *intermedius* (SGI)-20% y *Klebsiella pneumoniae*-9%. El 28% de los *Enterobacterales* presentaron BLEE (E-BLEE), siendo *K. pneumoniae* el principal portador (53%, $p < 0.001$), seguido por *E. coli*-23%. Las principales resistencias acompañantes en E-BLEE ($p < 0.01$) fueron: ciprofloxacina-84%, trimetoprima-sulfametoxazol-76%, gentamicina-59% y nitrofurantoína-49%. El 43% de SGI fueron meticilino-resistentes (MRSGI), siendo las principales resistencias acompañantes ($p < 0.01$): ciprofloxacina-72%, trimetoprima-sulfametoxazol-68% y gentamicina-55%. Todas las cepas de E-BLEE y MRSGI fueron multirresistentes. El 12% de *Pseudomonas aeruginosa* fue resistente a carbapenems, carbapenemasa-negativa. Un aislamiento de *K. pneumoniae* presentó carbapenemasa KPC transferible a *E. coli* por conjugación. La secuencia del genoma reveló en dicho aislamiento las beta-lactamasas KPC-2, CTXM-15, SHV-28, OXA-1 y TEM-1, además de genes de resistencia a aminoglucósidos, fosfomicina, fluoroquinolonas y tigeciclina. Por tipificación de secuencia de múltiples locus se determinó su pertenencia al tipo secuencial ST15. Como conclusión, se detectaron altos niveles de resistencia en bacterias causantes de ITU en caninos. Se identificó una cepa de *K. pneumoniae* KPC-2, tipo secuencial ST15, considerado clon internacional de alto riesgo en humanos. Estos datos indican la importancia de considerar el posible impacto en salud humana de los patógenos multirresistentes de animales de compañía. Además, resaltan la necesidad de establecer equipos interdisciplinarios de vigilancia para el control de la resistencia a los antimicrobianos.

Palabras Claves: Infecciones urinarias, caninos, multirresistencia, *Klebsiella pneumoniae*, KPC-2

A21	POTENCIAL ANTIBACTERIANO DE EXTRACTOS DE CACTÁCEAS Y SUS COMBINACIONES CON ANTIBIÓTICOS COMERCIALES FRENTE A AISLAMIENTOS CLÍNICOS.
-----	--

MARINICH Araceli¹, BERTOLDINOelia¹, TORRESCarola¹

¹Laboratorio de Microbiología de Farmacia, INIPTA (CONICET-UNCAUS), Comandante Fernández N° 755, Presidencia Roque Sáenz Peña, Chaco, Argentina.

aracelimarinich@gmail.com

La problemática actual de la resistencia bacteriana, promovida básicamente por el abuso en la utilización de antibióticos, lleva a la necesidad de encontrar alternativas terapéuticas más eficaces para enfrentar las infecciones bacterianas. El uso medicinal de especies de la familia de las Cactáceas es ampliamente reportado. Tal es el caso de *Opuntia ficus indica* cuyo fruto se usa en el sudoeste de Chaco para la producción de mermeladas y las pieles constituyen un desecho. En cuanto a *Rhipsalis baccifera*, hay numerosos antecedentes etnobotánicos de su uso, ya que posee metabolitos secundarios que pueden sustentar su gama de actividades biológicas, como ser taninos, los cuales, exhiben capacidad antioxidante, antimicrobiana, anti-inflamatoria y anticancerígena, así como también alcaloides, con efectos eméticos, anticolinérgicos, antitumorales, diuréticos, simpático-miméticos, antivirales, antihipertensivos, antimicrobianos y antiinflamatorios, entre otros. Nuestro objetivo fue determinar el potencial antibacteriano de los extractos de pieles del fruto de *O. ficus indica* y tallos de *R. baccifera* usados individualmente y los efectos de interacción entre los extractos y antibióticos comerciales frente a los aislamientos clínicos resistentes a antibióticos. Se evaluó la actividad antibacteriana frente a *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Escherichia coli* ATCC 35218, tres aislamientos clínicos de *S. aureus* y tres de *E. coli*. Se determinaron los perfiles de sensibilidad de los aislamientos clínicos y luego se calculó la concentración inhibitoria mínima (CIM) de los extractos, ampicilina, gentamicina, oxacilina y norfloxacin mediante microdilución en caldo. Se determinó la interacción de los extractos con antibióticos mediante la técnica del tablero de ajedrez, se calculó el índice de concentración fraccionaria inhibitoria y, finalmente, se estableció el índice de actividad antibacteriana de la combinación. Se construyeron los isobologramas. Las cepas de *E. coli* resultaron resistentes a ampicilina, ciprofloxacina y norfloxacin, mientras que las cepas de *S. aureus* fueron resistentes a oxacilina, penicilina y eritromicina. El extracto de *R. baccifera* resultó más activo usado individualmente con valores de CIM de 0.5-1 mg/mL frente a todas las cepas Gram positivas. Se observó sinergismo en combinaciones de ambos extractos con ampicilina y del extracto de las pieles con oxacilina y norfloxacin frente a dos de los aislamientos de *S. aureus* metilino resistente y aditividad en la combinación de este extracto y ampicilina frente a un aislamiento de *E. coli* resistente a ampicilina. Estos hallazgos resultan prometedores para la búsqueda de nuevas alternativas antibacterianas.

Palabras claves: *Opuntia*, *Rhipsalis*, sinergismo, isobologramas

A22**EVALUACIÓN DEL PANEL BCID2 DE FILMARRAY® EN LA DETECCIÓN DE ESPECIES BACTERIANAS Y GENES DE RESISTENCIA ASOCIADOS.**

MENOCAL, Alejandra⁽¹⁾, FACCONI, Diego⁽¹⁾, DE MENDIETA, Juan Manuel⁽¹⁾, LUCERO, Celeste⁽¹⁾, CERIANA, Paola⁽¹⁾, SANZ, Belen⁽¹⁾, ALBORNOZ, Ezequiel⁽¹⁾, PASTERAN, Fernando⁽¹⁾, CORSO, Alejandra⁽¹⁾

1 Servicio Antimicrobianos, INEI ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". amenocal@anlis.gob.ar

El sistema de PCR múltiple FilmArray® con el panel BCID2 permite la detección simultánea de 43 blancos moleculares: 26 bacterias (15 Gram negativas y 11 positivas), 7 levaduras y 10 genes de resistencia (CTX-M, KPC, NDM, IMP, VIM, OXA-48like, mcr-1, mecA/C, mecA/C y MREJ, vanA/B) en pacientes con bacteriemia. Permite obtener resultados en 1 hora a partir de un hemocultivo positivo. Incorpora nuevos targets de identificación microbiana y los genes de resistencia KPC, mecA/C y vanA/B, respecto a BCID.

El objetivo del trabajo fue evaluar la capacidad del panel BCID2 en la detección de distintas especies bacterianas y genes de resistencia a partir de cepas previamente caracterizadas a nivel molecular.

Se estudió una colección de 70 cepas, caracterizadas a nivel fenotípico y molecular, pertenecientes al repositorio del LNR en Resistencia a los Antimicrobianos. La mezcla utilizada para cargar el cartucho fue preparada con buffer de muestra y un inóculo bacteriano en SF equivalente a 10⁶ UFC/ml. Se realizaron 81 ensayos: 70 con cepa individual, y 11 con combinación de 2 cepas, para evaluar la detección simultánea de dos especies portadoras de genes de resistencia. De los 43 blancos del panel BCID2, se evaluaron 14 de identificación bacteriana y los 10 targets de resistencia.

Las 70 cepas evaluadas pertenecían a 12 especies, y portaban 92 determinantes de resistencia.

I) Concordancia en la identificación de especie: las 70 cepas evaluadas fueron identificadas correctamente: 17 Gram positivas: 5 *E. faecalis*, 2 *E. faecium*, 5 *S. aureus*, 1 *S. lugdunensis* y 4 *S. epidermidis*; y 53 Gram negativas: 22 *E. coli*, 17 *K. pneumoniae*, 1 *K. aerogenes*, 3 *E. cloacae* y 2 *Salmonella* spp, 7 *P. aeruginosa* y 1 *A. baumannii*. La precisión, sensibilidad y especificidad fue de 100% tanto cuando fueron evaluadas de manera individual como en combinación.

II) Concordancia en la detección de targets de resistencia: se detectaron en total 90 determinantes de resistencia (21 CTX-M, 17 KPC, 7 IMP, 2 VIM, 11 NDM, 5 OXA-48 like, 14 mcr-1, 3 mecA/C, 4 mecA/C y MREJ, y 6 vanA/B). No fueron detectados PER-2 y OXA-163 ya que no se encuentran como target del BCID2, por lo que fueron considerados como verdaderos negativos. La precisión, sensibilidad y especificidad fue de 100% cuando se ensayaron las cepas de manera individual. Cuando se ensayaron dos cepas en combinación, la sensibilidad fue 100%, mientras que la precisión y especificidad fue 98%, ya que se obtuvieron dos falsos positivos mecA/C cuando se ensayaron: MRSA+S. *epidermidis* meticilino sensible, y MRSA+S. *lugdunensis* meticilino sensible, donde los resultados obtenidos fueron: mecA/C y MREJ + mecA/C en ambos ensayos, atribuyendo la portación de mecA/C no solo a MRSA sino también a los SCN meticilino sensibles.

El panel BCID2 mostró un excelente desempeño tanto en la identificación a nivel de especie como en la detección de targets de resistencia. Permite en pacientes con bacteriemia, la rápida identificación de microorganismos con sus genes de resistencia asociados, lo que contribuye a la disminución en la demora de instauración del tratamiento antimicrobiano apropiado.

FilmArrayBCID2 resistencia antimicrobianos

A23	CARACTERIZACIÓN DE AISLAMIENTOS CLÍNICOS DE <i>KLEBSIELLA PNEUMONIAE</i> PRODUCTORA DE CARBAPENEMASAS, RESISTENTES A COLISTÍN.
------------	---

MORANDINI Fabrizio N.⁽¹⁾, MOLINA MANDUJANO, Jorge A.⁽¹⁾, PALUMBO Miranda C.⁽²⁾, LIPARI Flavio G.⁽³⁾, RUIZ Susana E.⁽⁴⁾, IRRAZÁBAL Gabriela⁽³⁾; HERNÁNDEZ Daniela⁽³⁾; COMETTO Aldana⁽³⁾; GARUTTI Alicia⁽⁵⁾; ROLDÁN Florencia del V.⁽⁵⁾; FERNÁNDEZ DO PORTO Darío⁽²⁾; SAKA, H. Alex⁽¹⁾.

¹Dpto. de Bioq. Clínica, CIBICI-CONICET, Fac. de Cs. Químicas, Univ. Nac. de Córdoba.
²Instituto de Cálculo-CONICET, Fac. de Cs. Ex. y Nat., Univ. de Bs. As., CABA. ³Hosp. Privado Universitario, Córdoba. ⁴LACE Laboratorios y Fac. de Cs. Químicas, Univ. Católica de Córdoba. ⁵Supervisión Microbiología, Servicio de Bioquímica, Hosp. Córdoba, Córdoba.
fabrizio.morandini@unc.edu.ar

Klebsiella pneumoniae productora de carbapenemasas (KpPC) es un patógeno de relevancia clínica, siendo la terapia combinada de carbapenemes y colistín una de las pocas opciones terapéuticas disponibles. La resistencia a colistín en KpPC restringe aún más las alternativas de tratamiento, incrementando la morbi-mortalidad y los costos. Dicha resistencia puede deberse a mutaciones en genes cromosómicos involucrados en la biosíntesis del LPS, y en menor medida, a bombas de eflujo. En 2015 emergió la resistencia plasmídica a colistín mediada por el gen *mcr-1*, que codifica una fosfoetanolaminatransferasa capaz de modificar el lípido A del LPS. Rápidamente, este mecanismo de resistencia se diseminó globalmente, habiéndose detectado también en aislamientos clínicos de KpPC. El objetivo de este trabajo fue investigar la presencia de *mcr-1* en KpPC resistentes a colistín (KpPC-colR). Se estudiaron 32 KpPC-colR de 2 hospitales de adultos de Córdoba (sangre, n=17; orina, n=11; líquido cefalorraquídeo, n=1; heces, n=1; catéter venoso central, n=1; piel y partes blandas, n=1), recolectados de 2016 a junio de 2022 (Hospital Privado Universitario: n=16; Hospital Córdoba: n=16). La tipificación de especie se realizó mediante métodos manuales/Vitek2/MALDI-TOF, la sensibilidad antimicrobiana se evaluó mediante difusión por discos según CLSI/Vitek2 y la resistencia a colistín por pre difusión/drop-test. Se investigó la presencia de carbapenemasas (KPC, IMP, NDM, OXA, VIM) y *mcr-1* por PCR. Se secuenció el genoma completo de 3 cepas (Illumina-MiSeq). La carbapenemasa más frecuente fue KPC (84,4%; P<0,01), seguida por NDM (12,5%) y KPC+NDM (3,1%). Ningún aislamiento fue positivo para *mcr-1*. La secuenciación del genoma y el análisis por MLST reveló que 2 KpPC-colR fueron portadoras de KPC-3, CTX-M-15, SHV-28, OXA-1 y TEM-1, clon de alto riesgo ST307, mientras que 1 KpPC-colR fue portadora KPC-3, NDM-5, CTX-M-15, SHV-11, OXA-1 y TEM-1, clon de alto riesgo ST11. Se identificaron mutaciones en los genes cromosómicos *arnT* (modificación del lípido A, vía L-ara-4-N), *LptD* (sistema de eflujo de tipo ABC) y *eptB* (fosfoetanolaminatransferasa), sugiriendo alteraciones del LPS como la causa de resistencia a colistín en estos aislamientos. Los resultados de este estudio permiten postular que *mcr-1* sería poco frecuente en KpPC-colR de pacientes adultos en Córdoba. Cabe destacar que, si bien la resistencia a colistín en estos aislamientos se debería a mutaciones cromosómicas, su detección en los clones epidémicos ST11 y ST307 es preocupante debido a su potencial de diseminación.

Palabras clave: *Klebsiella pneumoniae*, *mcr-1*, resistencia a colistín, carbapenemasas

A24	IDENTIFICACION PRELIMINAR DE COMPUESTOS DE <i>ILEX PARAGUARIENSIS</i> CON ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA SOBRE <i>STHAPYLOCOCCUS AUREUS</i> METICILINO RESISTENTE.
-----	---

NOVOSAK, Marina Gisel⁽¹⁾, **SCREPNIK, Paula Daniela**⁽²⁾, **YAÑUK, Paula Ayelen**⁽²⁾, **ONETTO, Andrea Liliana**⁽³⁾, **CORTESE, Iliana Julieta**⁽³⁾, **OVIEDO, Patricia**⁽²⁾, **LACZESKI, Margarita Ester**^(1,3)

1 Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, CONICET, Departamento de Microbiología, Cátedra de Bacteriología, Misiones, Argentina. 2 Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Departamento de Microbiología, Cátedra de Bacteriología, Misiones, Argentina. 3 Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, CONICET, Instituto de Biotecnología de Misiones "Dra. María Ebe Reca", Misiones, Argentina. E-mail: marinanovosak2008@gmail.com

Staphylococcus aureus meticilino resistente (SAMR) es responsable de morbilidad y mortalidad significativas en pacientes tanto de entornos intrahospitalarios como de la comunidad. Causa infecciones de la piel y tejidos blandos, infecciones endovasculares, neumonía, artritis séptica, endocarditis, osteomielitis y sepsis. La dificultad de tratar las infecciones por SAMR debido a los mecanismos de resistencia que presenta plantea la necesidad de aislar e identificar nuevos compuestos bioactivos derivados de plantas, las cuales han demostrado ser fuente de metabolitos con propiedades antibacterianas. La yerba mate (*Ilex paraguariensis*) es una planta autóctona de interés agronómico para la provincia de Misiones con propiedades antibacterianas descritas sobre SAMR. El objetivo de este trabajo fue identificar de forma preliminar los compuestos con actividad antibacteriana del extracto etanólico de hojas de yerba mate sobre SAMR. Se realizó cromatografía en capa fina (TLC) sobre una lámina de aluminio cubierta de sílica gel Si60 F254 (Merck KGaA, Germany) como fase estacionaria y cloroformo – metanol (80:20) V/V como fase móvil. La naturaleza química de los constituyentes se evaluó bajo luz UV (a 254 y 365 nm) y con reactivo para productos naturales (NP). Se determinó el factor de retención (Rf) para cada compuesto. La identificación preliminar de los compuestos responsables de la actividad antibacteriana sobre SAMR se realizó con el método de bioautografía por contacto a partir de las placas de TLC. Como control positivo se incluyó vancomicina 30 µg (Laboratorios Britania S.A.). La actividad antibacteriana se evidenció mediante la aparición de halos de inhibición del desarrollo bacteriano sobre la superficie del agar. Todos los ensayos se realizaron por triplicado. Se observó inhibición de desarrollo de SAMR en la región correspondiente al Rf=0,16. Hubo coincidencia entre el valor de Rf del compuesto que inhibió el desarrollo de SAMR y del compuesto que reveló de color amarillo - verde fluorescente en la placa de TLC luego del agregado del reactivo NP y la observación al UV 365 nm. Por lo tanto, el compuesto del extracto etanólico de hojas de yerba mate con actividad antibacteriana sobre SAMR podría pertenecer al grupo de flavonoides. Nuestros resultados sugieren que la yerba mate es candidata prometedora para el tratamiento de infecciones por SAMR. Se procederá a completar la separación y purificación del compuesto para caracterizar su estructura molecular.

Palabras claves: *Staphylococcus aureus*, *Ilex paraguariensis*, Bioautografía, Flavonoides.

A25	PRIMERA SECUENCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO DE UN AISLAMIENTO DE <i>ESCHERICHIA COLI</i> PORTADOR DEL GEN <i>MCR-1</i> EN EL NORDESTE ARGENTINO.
------------	--

PELLEGRINI, Juan Leandro (1), LORENZINI CAMPOS, Melina Noelia (1), LUCERO, Raúl Horacio (1), LÖSCH, Liliana Silvina (1), MERINO, Luis Antonio (1).

1 Instituto de Medicina Regional, Universidad Nacional del Nordeste, Chaco, Argentina.
juancypelle@hotmail.com

La resistencia antimicrobiana (RAM) constituye una amenaza para la salud pública. Colistina es un polipéptido policatiónico, considerado como antimicrobiano de último recurso para el tratamiento de infecciones causadas por microorganismos multirresistentes en humanos. Objetivos: Identificar genes de resistencia, virulencia y plásmidos presentes en un aislamiento de *Escherichia coli* resistente a colistina portador del gen *mcr-1* mediante el análisis de genoma completo. Materiales y Métodos: Se analizó un aislamiento de *E. coli* (CBC20) productor de *mcr-1* obtenido de un cerdo de engorde en la provincia del Chaco durante el año 2021. Se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) por el método de microdilución en caldo según EUCAST. La secuenciación del genoma completo se llevó a cabo a través de la utilización de la plataforma de MinION (Oxford Nanopore, UK). Se realizó un ensamble *de novo* del genoma utilizando el programa Canu 1.6, los parámetros de calidad se evaluaron con QUAST 5.0.2 y la anotación se realizó mediante Prokka. La tipificación molecular de *E. coli* se determinó mediante el programa MLST 2.0 y el serotipo por SerotypeFinder 2.0. Los genes de resistencia, virulencia y plásmidos fueron identificados usando la base de datos de ResFinder 3.0, VirulenceFinder 2.0 y PlasmidFinder 2.1, respectivamente. Resultados: El aislamiento CBC20 presentó una CIM a colistina de 4 µg/mL. El tamaño total del genoma secuenciado fue de 5.178.653 pb con un contenido de GC del 50.3% y un número total de 266 contigs. Se obtuvo una longitud de 123.982 pb del contig más largo y un N₅₀ de 33925 pb. Se detectó el gen *mcr-1.5* con una cobertura e identidad del 99,75%. Según la tipificación "in silico" y MLST, se detectó el serotipo O9:H37 con un secuenciotipo de ST 297. Se detectaron 5 genes de resistencia pertenecientes a 4 familias diferentes de antibióticos como ser aminoglucósidos (*aph(3')-Ia*), macrólidos (*mdf(A)*), sulfonamida (*sul3*) y beta-lactámicos (*bla*_{TEM-1B}, *bla*_{EC-18}), cuya presencia se correspondía con el fenotipo de resistencia observado *in vitro*. Se encontraron 6 diferentes tipos de replicones plasmídicos, los cuales fueron IncFIC (FII), IncY, IncFIB, IncX1, ColRNAI y Col440II. Los genes de virulencia hallados fueron los siguientes: *fdeC*, *fimA*, *fimB*, *fimC*, *fimD*, *fimE*, *fimF*, *fimG*, *fimH*, *gspE*, *gspD*, *gspC*, *entA*, *entB*, *entE* y *entC*. Conclusiones: Según nuestro entender, este es el primer estudio que describe la utilización de la tecnología de secuenciación de genoma completo en un aislamiento de *E. coli* multirresistente en el nordeste argentino. Estos resultados proporcionan una información exhaustiva del genotipo de resistencia y virulencia, que en un futuro podrían contribuir con el desarrollo de estrategias de control y prevención de la RAM en la región.

Palabras claves: colistina, *mcr-1*, secuenciación genoma completo

A26**PRIMER AISLAMIENTO DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE DOBLE PRODUCTOR DE CARBAPENEMASAS (KPC y NDM), RESISTENTE A COLISTIN EN UN HOSPITAL DE TUCUMAN.**

PIDUTTI Agostina Maria⁽¹⁾, DURANDAL Monica Graciela⁽¹⁾, CACERES Ileana Danisa⁽¹⁾, BILAVCIK Carlos Fabian⁽¹⁾, PONDAL Yolanda Beatriz⁽¹⁾, VALLEJOS Alicia Cecilia^(1,2), FLORES Silvia Andrea⁽¹⁾.

1 Unidad de Microbiología del Hospital Eva Perón, Banda del Río Salí, Tucumán, Argentina.

2 Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán pidutti@gmail.com

La resistencia a los antimicrobianos se ha convertido en una emergencia sanitaria en los hospitales sobre todo en las Unidades de Terapia Intensiva, donde se administran antibióticos de manera empírica y en gran cantidad favoreciendo la aparición de multirresistencia. A partir del inicio de la pandemia por COVID 19, se observó un incremento significativo de la resistencia antimicrobiana y la posibilidad que coexistan múltiples mecanismos de resistencia, limitando las opciones de tratamientos con el consiguiente aumento de la morbimortalidad en los pacientes. El objetivo de este trabajo es describir el primer aislamiento de un enterobacterial con mecanismos de resistencia combinados en un hospital de Tucumán. En mayo del 2022 ingresa a UTI de nuestro hospital un paciente de 24 años de edad derivado de otra institución con traumatismo encéfalo craneano grave y politraumatismos por accidente de tránsito, se somete a asistencia respiratoria mecánica y esquema antibiótico simple (AMS 1,6 grs. cada 6 hs. EV). Se solicita cultivos de orina, sangre y secreción respiratoria (aspirado traqueal). Los resultados de hemocultivos y urocultivos fueron negativos, mientras que en el aspirado traqueal se aisló bacilos negativos, identificado por MALDI-TOF MS como *Klebsiella pneumoniae*. Se realiza sensibilidad por VITEK y prueba de blue carba test, la cual resulta positiva, por lo tanto, se informa sospecha de carbapenemasas a UTI. Se realizan pruebas de detección fenotípica: sinergia ceftazidima avivactam (CZA) con EDTA y aztreonam (AZT) con BORONICO, resultando ambas positivas, indicando la presencia de una coproducción de carbapenemasas. Los resultados de vitek dieron sensible solo a Tigeciclina y Fosfomicina y resistencia a Colistin. Se deriva la muestra al laboratorio de referencia de la provincia para confirmación de mecanismos de resistencia. Resultando positivo para KPC Y NDM por métodos cromatográfico y Colistin resistente por macrodilución en agar (>16 ug/ml). El aislamiento de esta enterobacteria con múltiple resistencia, pone en evidencia la grave situación en la emergencia de resistencias microbianas y supone un desafío para su búsqueda y detección. Esta situación muestra la necesidad de concientizar acerca del uso racional de antimicrobianos y resolver desde el laboratorio de forma rápida la detección de estos mecanismos de resistencia para la elección de un antibiótico eficaz para el tratamiento. También es importante destacar la vigilancia activa junto a estrategias que limiten la diseminación de estas cepas multirresistentes.

Palabras clave: *Klebsiella pneumoniae*, multirresistencia, carbapenemasas.

A27	VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA DE CARBAPENEMASAS EN UN HOSPITAL DE LA PROVINCIA DE CORRIENTES.
-----	--

RAUSCH Andrea Luciana⁽¹⁾, PATO Ana María⁽²⁾, ENCINAS Sebastián Ernesto⁽³⁾

^{1,2,3}Hospital Ángela Iglesias de Llano. lucianarausch94@gmail.com

Los bacilos Gram negativos constituyen un problema en Salud Pública a nivel mundial, por el impacto generado en la morbimortalidad de los pacientes. El principal reservorio de estos microorganismos es el tracto gastrointestinal, por lo cual, la colonización rectal se convierte en un importante factor de riesgo para el desarrollo de posteriores infecciones. La vigilancia epidemiológica de pacientes colonizados forma parte de las medidas de prevención y control de infecciones, evitando su diseminación. El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia, incidencia y distribución de colonización rectal por bacilos Gram negativos productores de Carbapenemasas, en pacientes internados en Unidad de Cuidados Intensivos adultos (UCI) y neonatales (NEO), del hospital Ángela Iglesia de Llano, de la provincia de Corrientes. Se tomaron en total 630 hisopados rectales (282 en UCI y 348 en NEO) al momento del ingreso a la Unidad y luego una vez por semana a aquellos pacientes que resultaron negativos, desde Junio del 2021 a Abril del 2022. Se sembraron en medios cromogénicos selectivos y se realizó la identificación del microorganismo y mecanismo de resistencia por métodos fenotípicos, según recomendaciones del Servicio de Antimicrobianos del Laboratorio Nacional de Referencia ANLIS. Resultaron positivas en la UCI 121 (42.9%), correspondiendo 69 (57.1%) a carbapenemasas tipo MBL (46 *Klebsiella pneumoniae*, 10 *Escherichia coli*, 9 *Klebsiella aerogenes*, 2 *Pseudomonas aeruginosa*, 1 *Enterobacter cloacae*, 1 *Morganella morganii*), 39 (32.2%) carbapenemasas tipo KPC (32 *Klebsiella pneumoniae*, 3 *Citrobacter freundii*, 3 *Escherichia coli*, 1 *Enterobacter cloacae*) y 13 (10.7%) dobles productores (todas fueron *Klebsiella pneumoniae*). La tasa de incidencia de colonización en la UCI correspondió a 57 colonizados nuevos por cada 100 pacientes-semanas. Con respecto a los pacientes de la NEO, de 64 (18.4%) positivas, 59 (92.2%) fueron carbapenemasas tipo KPC (55 *Klebsiella pneumoniae*, 3 *Serratia marcescens*, 1 *Enterobacter cloacae*) y 5 (7.8%) carbapenemasas tipo MBL (3 *Klebsiella pneumoniae*, 1 *Enterobacter aerogenes*, 1 *Acinetobacter spp*). En este último la tasa incidencia de colonización fue de 16 colonizados nuevos por cada 100 pacientes-semanas. En comparación con otros estudios de vigilancia epidemiológica realizados en hospitales de nuestro país, se observó una mayor incidencia de colonización, lo que conlleva al desafío de nuevas medidas de control de infección, quedando como meta a futuro disminuir estos valores. En relación a la distribución, en el caso de la UCI, coincide con el incremento producido después de la pandemia COVID-19, de los aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* productores de MBL.

A28	PREVALENCIA DE <i>Escherichia coli</i> PRODUCTORAS DE BLEE EN UROCULTIVOS DE PACIENTES DE LA COMUNIDAD, DEL HOSPITAL CARLOS SAPORITI.
------------	--

RIVAS, CECILIA FERNANDA⁽¹⁾; ALVAREZ, SILVIA ELIZABETH⁽¹⁾

(1) HOSPITAL CARLOS SAPORITI, RIVADAVIA, MZA
ceciliafrivas@hotmail.com

Introducción: las infecciones urinarias (ITU) son una de las infecciones, más frecuentes encontradas en la comunidad, representando un alto porcentaje. La mayoría de los pacientes de la comunidad tendrán que transitar al menos un caso de ITU en su vida. Objetivos: determinar la prevalencia de ITU en la comunidad; determinar la prevalencia de *Escherichia coli* productoras de betalactamasas de espectro extendido en ITU de la comunidad. Resultados: a través de un estudio retrospectivo comprendido entre los meses de enero a diciembre de 2021, de muestras procesadas para urocultivos, en el Hospital de alta complejidad Carlos Saporiti de Rivadavia, Mendoza; se obtuvieron los siguientes resultados: de un total de 1579 muestras, 375 arrojaron urocultivo positivo. A partir de los urocultivos positivos se obtuvo que en 310 (82%) muestras el agente causante fue *Escherichia coli*; de este resultado se pudo obtener que 39 (11%) fueron positivos para BLEE. Discusión: las ITU causadas por *E. coli* productoras de BLEE han sido ampliamente descritas a nivel mundial, demostrando una alta prevalencia en infecciones de origen hospitalario. En los últimos años, el creciente número de reportes demuestran la presencia de este agente etiológico en aislamientos provenientes de la comunidad. En el presente estudio, *E. coli* productora de BLEE causante de ITU presentó una prevalencia del 11%, siendo coincidente con lo descrito por otros autores del país. Conclusión: los resultados obtenidos refuerzan la importancia de la detección y seguimiento de las ITU en cualquier contexto clínico. Ante la emergente crisis sanitaria mundial enunciada por la OMS (Organización mundial de la salud) resulta necesario conocer la microbiota de la comunidad que asiste a las instituciones sanitarias, poniendo énfasis en el buen manejo de la antibioticoterapia, previniendo su abuso, evitando de esta manera la multirresistencia.

Palabras clave: Betalactamasas, BLEE, *Escherichia coli*, Infección Urinaria

ENSEÑANZA

E1**¿QUÉ ESTÁ PASANDO CON LOS PLUVIALES DE VIEDMA? BÚSQUEDA DE INDICADORES FECALES COMO PRÁCTICA DE MICROBIOLOGÍA**

ABATE Sergio⁽¹⁾, ARIZCUREN Ezequiel⁽²⁾, BRAVO Lucio⁽²⁾, CALVO Agustin⁽²⁾, CASTILLO Yenien⁽²⁾, ESCARIS Victoria⁽²⁾, KRIEGER Catalina⁽²⁾, MARGIOTTA Luciana⁽²⁾, MONSALVE Sol⁽²⁾, ORTIZ Emilia⁽²⁾, RELMUAN Martin⁽²⁾, SOTO Gianella⁽²⁾, WINTER Marina⁽¹⁾

1 Universidad Nacional de Río Negro (docente). 2 Universidad Nacional de Río Negro (estudiante). sabate@unrn.edu.ar

Los pluviales urbanos constituyen un sistema de colectores y cañerías que recolectan agua de lluvia y la conducen fuera de la ciudad, evitando daños materiales y humanos. En Viedma, ciudad con 80.632 habitantes según estimaciones del año 2020, existen dos grandes pluviales (A y B) que circulan por debajo de dos importantes avenidas con boulevard, y descargan su contenido en el estuario del río Negro. El pluvial A descarga a metros de un balneario municipal muy concurrido. Los habitantes de Viedma hacen un uso intenso del estuario, mediante deportes náuticos durante todo el año, y actividades recreativas familiares durante la época estival. En los últimos años varios medios de comunicación alertaron sobre la contaminación de los pluviales por desborde de cloacas en barrios de la ciudad. Las empresas responsables y funcionarios conformaron una mesa de diálogo para solucionar esta problemática que preocupa a la comunidad. Durante el cursado 2022 de la materia microbiología de la Licenciatura en Ciencias del Ambiente de la UNRN, particularmente durante el dictado de los temas “crecimiento microbiano” “recuento bacteriano” e “indicadores de contaminación”, se reflexionó sobre la problemática de los pluviales. Se decidió realizar el trabajo práctico evaluando la posible vehiculización de contaminación fecal hacia el estuario por los pluviales. Se tomaron muestras en los sitios de descarga de dos pluviales (A y B), por duplicado: en frasco de vidrio Shott estéril (1) y en botella de agua mineral nueva vaciada inmediatamente antes del muestreo *in situ* (2). Las muestras fueron procesadas de inmediato en el Laboratorio de Zoonosis, UNRN (Sede Atlántica) según Standard Methods (APHA 2017). Para determinar UFC de *Enterococcus* spp. se sembraron las muestras 1 y 2; para NMP de *E. coli* se sembró la muestra 1 de cada punto. Los alumnos procesaron las muestras bajo supervisión del plantel docente; se descartaron las siembras en las que se identificaron inconvenientes, realizando repeticiones cuantas veces fuera necesario. Finalizada la incubación, se fotografiaron los cultivos y se subieron las imágenes al aula bimodal UNRN para que cada estudiante realice la interpretación e informe de los resultados (estimación de UFC e interpretación de NMP según tabla). En el punto A se observó que el NMP de *E. coli* fue 140 (52-400) y los valores de UFC de *Enterococcus* fueron 1=76 y 2=73. En el punto B se observó que el NMP de *E. coli* fue 23 (6,8-70) y los valores de UFC fueron 1=23 y 2=20. Los resultados revelaron contaminación fecal en ambos pluviales, utilizando ambos indicadores. No se observaron diferencias significativas entre UFC obtenida con muestra 1 y 2, sugiriendo que podrían usarse botellas nuevas de agua mineral para el muestreo no planificado por parte de ciudadanos que espontáneamente encuentren irregularidades en el aspecto del agua del balneario (se necesitan más estudios). Los indicadores fecales del punto A resultaron al menos tres veces superiores al punto B. Esta información debería alertar a las autoridades sanitarias y municipales. Los estudiantes incorporaron contenido de Microbiología de forma práctica y relacionado a una problemática socio-ambiental actual.

Palabras clave: Contaminación fecal, *E. coli*, *Enterococcus* spp., Viedma, Río Negro

BETTERA Susana ⁽¹⁾, **LOMBARDO Daniela** ⁽¹⁾, **GARCÍA Mariana Celeste** ⁽¹⁾,
ALANIZ ZANON María Silvina ⁽¹⁾, **NICHEA María Julia** ⁽¹⁾

(1) Área Microbiología de Alimentos, Departamento de Microbiología e Inmunología, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto (5800), Argentina. sbettera@exa.unrc.edu.ar

La formación de los estudiantes de la carrera de Microbiología en lo referido a seguridad alimentaria, calidad e inocuidad de productos alimenticios, ambientes de producción y capacitación de manipuladores es indispensable para su desempeño como futuros profesionales. En este sentido, las asignaturas Microbiología de Alimentos y Control Sanitario de los Alimentos, de 4° y 5° año de la carrera de Microbiología, respectivamente, ofrecen un espacio curricular en el que se abordan conceptos básicos e introductorios de la disciplina, que luego se profundizan, complejizan e interrelacionan. Además, se estimula el desarrollo de sentido crítico mediante la articulación de diversas actividades como clases teóricas, teórico-prácticas y trabajos prácticos de laboratorio. Control Sanitario de los Alimentos posee una elevada intensidad práctica en la que los estudiantes desarrollan además, autonomía y desenvolvimiento en un laboratorio, desde el diseño y planificación de experiencias, preparación de materiales, ejecución del práctico, interpretación de resultados y redacción de informes. Por otro lado, se organizan visitas a industrias alimenticias del país. En el año 2020 nos vimos interpelados como equipo docente por la pandemia de COVID-19, debiendo suspender muchas de nuestras actividades curriculares habituales. Redes sociales como los grupos de Whatsapp fueron nuestros aliados para mantener una comunicación fluida con nuestros estudiantes. Los únicos viajes posibles fueron en el entorno virtual de las “nubes” de distintas plataformas. Los anfitriones de nuestras visitas fueron dos microbiólogas que se desempeñan en industrias de alimentos que, vía Meet, compartieron su experiencia laboral y su ámbito de trabajo. Los encuentros y discusiones de prácticos se limitaron a una pantalla de Google Meet, y a compartir grabaciones, fotos y videos de contenidos teóricos y explicaciones de los trabajos prácticos. Para ello, se elaboraron nuevos materiales audiovisuales y se recurrió a otras fuentes como apoyatura al contenido desarrollado en cada clase. Apostando a la integración de distintas dimensiones (social, cultural, ideológica, religiosa, económica, etc.), desde hace varios años se ha incorporado a Microbiología de Alimentos la visualización de la película “Fast Food Nation”. Este recurso promueve la discusión de estereotipos y pre concepciones, pone en juego la imaginación y el pensamiento especulativo, y la generación de conocimiento a partir de problemas prácticos y reales, desde una perspectiva más integrada y abierta. Si bien apoyamos este tipo de propuestas didácticas, nos alegró cuando el 2021 nos permitió retornar de manera gradual a las aulas y laboratorios, con algunas limitaciones (“burbujas”, tiempos reducidos, unificación de algunos prácticos, clases teóricas virtuales). Así, desde ese momento volvimos a la ansiada “pseudo-normalidad” en la que hoy nos encontramos. A pesar de las dificultades y del desafío que significó esta readecuación curricular, nuestros estudiantes valoraron el esfuerzo y lograron un aprendizaje significativo y genuino. Como equipo docente, creemos firmemente que ningún sacrificio es en vano, que lo importante es tener una actitud positiva ante las adversidades y que, con voluntad y trabajo colectivo, las ruedas del sistema educativo siguen girando.

Palabras clave: readecuación curricular, Microbiología, Alimentos.

BOJANICH, María Viviana ¹; LÓPEZ, María de los Ángeles ¹; SOSA, María de los Ángeles¹; CASTRO, María Cecilia ¹; PICCOLI, Laura Irene ¹.

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

mavibojanich@yahoo.com.ar

El uso de herramientas tecnológicas educativas aporta nuevos y mejores soportes pedagógicos, sobre todo en disciplinas como la Microbiología, basada en la enseñanza tradicional. Los recursos didácticos audiovisuales como los documentales, programas de televisión, internet, etc. constituyen un recurso valioso y con muy buena aceptación por parte de los estudiantes, en especial, las películas del circuito comercial que dejan enseñanzas para la clase. Celia Carracedo Manzanera nos dice que las nuevas generaciones de estudiantes aprenden de un modo diferente, es decir, nos encontramos "frente a chicos formados en una cultura audiovisual y acelerada, con escasa capacidad de concentración, poca práctica de lectura y casi ningún hábito de estudio". Esto es, estudiantes habituados a medios y lenguajes audiovisuales, que provienen de un ambiente en "que las formas de pensar están estructuradas a partir de los medios de comunicación...". Estos disparadores, que pueden tener una duración de pocos minutos, pueden ser la dosis suficiente para despertar la curiosidad en los estudiantes. El presente trabajo consiste en la descripción de las ventajas de la aplicación de un recurso cinematográfico que se presenta en el primer taller de la cátedra Microbiología General de la carrera de Bioquímica de la UNNE con el tema "Bioseguridad". En dicha experiencia se utilizan dos películas, *Epidemia* (1995) y *Contagio* (2011), donde se seleccionan diferentes momentos para la presentación de la información sobre los contenidos del taller, con el propósito de favorecer la comprensión y contextualizar los contenidos sobre la Bioseguridad en el laboratorio de Microbiología. Entre las ventajas que encontramos es que despierta interés, genera empatía, conciben el tema como algo tangible y que los conecta con la realidad. Permite además que el alumno pueda relacionar e internalizar otros contenidos disciplinares en un contexto diferente al de una clase tradicional. Cabe destacar que la propuesta se ve enriquecida por el aporte de los alumnos al mencionar otras producciones afines al tema. La única limitante es que se necesita una cantidad de tiempo que muchas veces no se tiene para poder llevar una película o alguna escena a nuestras clases. Esta estrategia presentada tuvo y tiene buena aceptación por parte de los alumnos, ya que les permite comprender y contextualizar el tema, y al docente, avanzar en la enseñanza de la Microbiología de manera más desestructurada.

Palabras clave: tecnología, películas, enseñanza-aprendizaje.

FARRANDO, Silvina

Cátedra de Microbiología. Facultad Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Cuyo
sfarrando@fca.uncu.edu.ar

La pandemia expuso ineludiblemente un proceso de enseñanza aprendizaje obsoleto, basado en la transmisión de información por parte del docente y la repetición por parte del estudiante, mostrando falencias tales como, falta de concordancia entre lo que se enseña, aprende y requiere la sociedad; clases magistrales infructíferas; resistencia al cambio por parte de docentes y estudiantes. Este contexto movilizó a participar de manera activa en el proceso de enseñanza aprendizaje, a repensar cómo, dónde, qué enseñar y evaluar. El gran esfuerzo realizado en la jerarquización, selección y elaboración de recursos para apuntalar el aprendizaje ¿enriquecerá la educación ahora que volvimos al aula? Con el objeto de conocer la valoración de los estudiantes, de los recursos digitales empleados durante el aislamiento, en el presente trabajo se analizan los resultados de encuestas, institucionales y propias, realizadas a estudiantes de Microbiología, en sus diversos espacios curriculares, Ambiental, Agrícola e Industrial, Enológica y Alimentos, de la Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo. Previo al aislamiento las clases teóricas y prácticas se completaban con el material disponible en el Campus, cronograma, presentaciones Power point, guía de trabajos prácticos y bibliografía. Durante el período de aislamiento se mejoró el material didáctico con videos elaborados por los docentes. Se agregó a los canales de comunicación disponibles, foro y mail, un grupo de WhatsApp, en uno de los espacios, solo para evacuar dudas y plantear inquietudes que no eran resueltas con la información del Campus. Se plantearon actividades, grupales e individuales, que favorezcan la comprensión de los contenidos, tales como cuestionarios autoevaluables, podcast, tareas en Moodle, clase invertida, así como juegos para promover la motivación de los estudiantes. Según los estudiantes, los videos explicativos fueron el material de aprendizaje más útil para comprender los temas, el intento por mitigar la imposibilidad de asistir a las clases, trajo aparejado el beneficio que el estudiante podía verlo en el momento y lugar que le sea útil, las veces y al ritmo que necesite; mientras que, los archivos tales como Power point, Genially tuvieron escasa aceptación. La vía de comunicación más eficaz fue el WhatsApp, porque permitió el intercambio de mensajes en el momento y enriquecer con audios y videos, de cómo resolver el problema, simplemente filmando la resolución en una hoja, tal cual una pizarra, lo que facilita la comprensión y acerca al docente con los estudiantes. Éstos valoraron las actividades asincrónicas sencillas, pensadas con un sentido pedagógico, variadas, que les permitió construir un aprendizaje propio, desarrollar un espíritu reflexivo, crítico y la autogestión. Participaron de juegos, donde la retroalimentación fue muy productiva, para reafirmar conceptos. Por lo tanto, el planificar estrategias utilizando diversos recursos digitales, reemplazar clases magistrales por videos educativos con una actividad que permita plantear situaciones problemas, agilizar la comunicación, son herramientas válidas que enriquecen el proceso de enseñanza aprendizaje, colocando al docente en un rol de facilitador y al estudiante de constructor de sus conocimientos, lo que abona a un aprendizaje integral.

Palabras clave: enseñanza microbiología – virtualidad

GALLARDO ADRIANA ALICIA⁽¹⁾, ALVAREZ LAURA ALEJANDRA⁽¹⁾, HERNÁNDEZ AXEL AARÓN⁽²⁾, ROSALES JESSICA DANIELA⁽¹⁾

1 Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud (FCNyCS). Departamento de Bioquímica. Cátedra de Microbiología Clínica. Comodoro Rivadavia, Chubut-Argentina.

2 Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. FCNyCS. Departamento de Medicina. Comodoro Rivadavia, Chubut-Argentina.

adryarg@yahoo.com.ar

Los programas de extensión universitaria, son pilares de las universidades junto a la educación e investigación y fortalecen los vínculos territoriales y redes socioeducativas. Constituyen la oportunidad de acercar el conocimiento y trabajar en áreas de interés comunitario, como la atención primaria y promoción de la salud. En el modelo constructivista del aprendizaje, el conocimiento es un proceso de construcción activa por parte del sujeto y donde los aprendizajes significativos se adquieren a través de la realización de tareas auténticas ricas en contexto, la reflexión y colaboración; la experiencia que se describe permite a los estudiantes de nivel inicial construir conocimiento en un nuevo espacio que es el “laboratorio de la escuela” y con nuevos materiales. Los objetivos del trabajo fueron: concientizar a los niños desde corta edad en la importancia de un adecuado lavado de manos para prevenir enfermedades, disminuir la propagación de gérmenes, cuidar la salud integral y al mismo tiempo, difundir experiencias en extensión universitaria que puedan ser útiles como referencia para intervenciones similares en diversos ambientes institucionales y socioculturales. El taller: “¿Sabemos cómo y cuándo lavarse las manos?” se desarrolló en una escuela primaria pública de Comodoro Rivadavia, Chubut. Se trabajó con 110 estudiantes de sexto grado en compañía de sus docentes, durante dos jornadas. El primer día se explicó la técnica correcta de lavado de manos recomendada por la Organización Mundial de la Salud (OMS), mediante una presentación oral con apoyo de material visual complementando con demostración gestual. Luego, se dividió a los niños en tres grupos y se les pidió que dejarán sus huellas en placas de Petri conteniendo agar nutritivo bajo diferentes condiciones: con sus manos sin lavar, lavadas con agua y jabón y con alcohol en gel. Se dejaron las placas en oscuridad a temperatura ambiente. A las 72 h, los estudiantes observaron y compararon el desarrollo de bacterias y hongos. También se enfocaron preparados de bacterias con tinción de GRAM, utilizando microscopios ópticos. El taller se realizó luego de la unidad “Aparato Digestivo y Alimentación saludable” de la planificación curricular de la institución, de manera que los alumnos pudieron asociar los conceptos y ampliar la mirada en cuanto la necesidad de un correcto lavado de manos como parte de los cuidados integrales de la salud, convirtiéndose en promotores en el ámbito familiar. Esta experiencia permitió introducir a los estudiantes en el concepto de método científico, ya que de manera lúdica plantearon hipótesis, realizaron comparaciones, observaron resultados y sacaron conclusiones. Incorporar actividades experimentales puede ser un gran aliado para motivar a estudiantes y hacerlos partícipes de su propio proceso de aprendizaje, de manera activa y creativa.

Extensión universitaria, comunidad, lavado de manos, OMS, salud integral.

GÓMEZ Verónica Isabel, GARCÍA Berta Elena

Universidad Nacional de San Luis. vigomez@email.unsl.edu.ar

Las formas de generar y consumir información se han transformado profundamente en las últimas décadas y es necesario trasladar estos cambios a nuestras experiencias de enseñanza y aprendizaje. Las narrativas transmedia resultan muy enriquecedoras en la enseñanza, ya que potencian experiencias inmersivas, involucran al estudiante en la construcción del relato, y favorecen aprendizajes ubicuos. Además, la multiplicidad de lenguajes en los que estas narrativas se desarrollan (escritas, visuales, orales, gestuales) considera los distintos tipos de inteligencia y los diferentes estilos de aprendizaje, respetando la diversidad y heterogeneidad de los estudiantes. Éstos se enfrentan a las situaciones de aprendizaje propuestas con ideas previas, las que pueden obstaculizar la comprensión. La estrategia de “aprendizaje como cambio conceptual” tiene en cuenta esta realidad y en ese marco se propone una “secuencia de actividades”, para resignificar dichas ideas, considerando que las prácticas de enseñanza con frecuencia promueven un imaginario sobre la ciencia y el trabajo científico muy alejado de los contextos reales de su producción. Es por esto que se propone un cambio metodológico en la enseñanza de las ciencias, con la idea de reemplazar dicho imaginario por visiones más apropiadas. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue proveer una narrativa transmedia como marco de una ecología de aprendizaje donde desarrollar experiencias educativas basadas en el cambio metodológico y el cambio conceptual. Se comenzó haciendo un análisis y selección de los contenidos a enseñar, teniendo en cuenta el perfil esperado del egresado, las normativas nacionales e institucionales y el saber didáctico de dichos contenidos. A partir de este análisis, se generó un listado de las competencias a desarrollar, con sus respectivos indicadores de logro. A continuación, se construyó un universo narrativo adecuado para la organización de los contenidos y competencias planteadas, que pudiera ser desarrollado en formato transmedia. Partiendo de una historia seminal que generara suspenso, se diseñaron los huecos estratégicos y pistas migratorias conectando los contenidos estructurados en unidades narrativas independientes. En dicha estructura se tuvieron en cuenta los obstáculos epistemológicos que fue superando la disciplina, y que suelen verse reproducidos en las ideas previas de los estudiantes. Además, se tuvo especial cuidado en mostrar las conexiones entre Historia, Ética, Tecnología y Ciencia. En base a la narrativa propuesta, se construyó un entorno digital (aula virtual) sobre la plataforma Moodle, que sirviera de portal a la narrativa y a la ecología de aprendizaje diseñada. En el proceso se tuvieron en cuenta aspectos estéticos, didácticos, experiencias de usuario y fluidez de navegación. Finalmente, se procedió al diseño de la primera secuencia didáctica de la estructura diseñada, compuesta por dos unidades narrativas basadas en el cambio conceptual y metodológico. Se tomaron como insumos las preguntas científicas y/o necesidades tecnológicas de las épocas de Ignaz Semmelweis, Karl Meyer y Caroline Hampton. Se buscó una estructura lúdica determinada que aporte al *engagement* de los estudiantes. La evaluación de las competencias correspondientes se construyeron como unidades narrativas en sí mismas, promoviendo la construcción de significado y sentido de los aprendizajes.

Palabras claves: Enseñanza y aprendizaje de la Microbiología, Narrativa transmedia en educación, Cambio metodológico, Ecologías de aprendizaje, Enseñanza universitaria

E7	SIMULACIÓN CLÍNICA COMO RECURSO PARA LA ENSEÑANZA DE LA MICROBIOLOGÍA EN MEDICINA: EXPERIENCIA EN LA UNIVERSIDAD NACIONAL DEL COMAHUE.
-----------	---

LAZZARINI LORENA⁽¹⁾, CASULLO MARIANA⁽²⁾, PAZ ALONSO JULIETA⁽²⁾, FURIOS DAIANA⁽¹⁾, FUSHIMI FEDERICO⁽¹⁾, LIONTI NAHIR⁽¹⁾, PIERANGELI NORA⁽¹⁾.

1 Cátedra de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue. 2 Laboratorio de Simulación Clínica, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue. lazzalore@gmail.com

El laboratorio de simulación (LABSIM) permite recrear eventos clínicos y entrenar competencias de la forma más fidedigna posible. Su empleo como herramienta en el proceso de enseñanza aprendizaje en medicina garantiza una práctica activa y segura porque no se realiza sobre pacientes. En nuestra cátedra hicimos una prueba piloto en 2022 empleando el LABSIM para la adquisición de competencias para toma de muestras microbiológicas (TDMM) a estudiantes de tercer año de Medicina que consistió en tres estaciones de baja fidelidad: toma de hemocultivos periféricos, punción aspiración de absceso y toma de urocultivo por sondaje vesical. Se confeccionaron videos demostrativos y *checklist* con el paso a paso de los procedimientos. Las estaciones se montaron por personal del LABSIM en aulas para 10 a 12 estudiantes, con un docente facilitador y un ayudante alumno. El objetivo del trabajo es conocerla apreciación de los estudiantes respecto a la prueba piloto de LABSIM y evaluar el rol de docentes facilitadores y el aporte de la práctica a la adquisición de competencias en TDMM a fin de repensar y mejorar la actividad propuesta. Se realizó un estudio descriptivo prospectivo conjunto entre la Cátedra de Microbiología y Parasitología y el LABSIM de Facimed UNCO mediante una encuesta enviada por email a los estudiantes de la asignatura en la que se evaluaron: experiencia con la simulación, calidad y utilidad de la información y del material previo (videos y *checklist*), utilidad de la actividad para adquirir competencias, rol de los ayudantes alumnos, calidad de la reflexión (*debriefing*) y puntos débiles de la actividad. Respondieron la encuesta 85 de 124 estudiantes inscriptos. El 96,5% (82/85) de estudiantes encuestados refiere haber tenido una muy buena y buena experiencia con la simulación de baja fidelidad; 3,5% (3/85) una regular o mala experiencia. El 91,8% de los estudiantes recibió adecuadamente la explicación previa y valoran el material suministrado como indispensable, muy útil y útil el 21,2% (18/85), 48,2% (41/85) y 30,6% (26/85) respectivamente. La valoración de la calidad de los docentes fue muy buena (67,1%), buena (30,6%) y regular (2,4%). El 74,1% de los estudiantes cree que la reflexión fue bien guiada por los docentes facilitadores. Las experiencias negativas se relacionan con cuestiones organizacionales tales como tiempo insuficiente en cada estación. El 90,6% de los encuestados considera que la simulación contribuyó a la adquisición de prácticas y competencias. Esta metodología permitió estandarizar la enseñanza de algunas competencias de Microbiología, recurrir al autoaprendizaje y autoevaluación, usar el error como medio de aprendizaje y garantizar la seguridad de los pacientes. De esta prueba piloto surge un plan de mejoras que contempla capacitación docente, adiestramiento de ayudantes alumnos, optimización del tiempo en cada estación, entre otros. Podemos concluir que el LABSIM, a pesar de su costo, permite recrear un escenario semejante a la realidad para que los estudiantes adquieran competencias y habilidades que podrán aplicar adecuadamente en la TDMM en futuros pacientes. Además, constituye una herramienta con potencial utilidad para la formación médica continua y la evaluación profesional en esta área.

Palabras clave: simulación clínica; medicina; competencias.

LÓPEZ, María de los Ángeles¹, BOJANICH, María Viviana¹; SOSA, María de los Ángeles¹; CASTRO, María Cecilia¹; PICCOLI, Laura Irene¹.

1. *Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura. Universidad Nacional del Nordeste.*

mangeleslopez17@gmail.com

Es sabido que no existe una única forma de aprender. Los alumnos pueden utilizar diferentes caminos para apropiarse del conocimiento, y ofrecer más de una puerta de entrada favorece y mejora la comprensión. Gardner reconoce diferentes vías de acceso al conocimiento, entre ellas, la narrativa, lógico-cuantitativa, fundacional, estética y experiencial. Es importante reconocer que los alumnos tienen diversas modalidades para tomar contacto con el conocimiento según sus diferentes estilos e intereses particulares, y la habilidad del docente radica en poder abrir diferentes puertas a un mismo concepto. Por otra parte, la falta de comprensión en estudiantes universitarios, se manifiesta como la incapacidad de aplicar en forma flexible conocimientos aprendidos. El objetivo de este trabajo es presentar una estrategia didáctica con el fin de ofrecer una puerta de entrada más accesible a los conocimientos y conseguir una enseñanza comprensiva de los contenidos de la asignatura Microbiología General de la carrera de Bioquímica de la UNNE. La actividad se presenta a los alumnos al inicio del cursado y consiste en llevar a sus casas una placa de Petri con medio de cultivo y un hisopo, para inocular con diferentes elementos con los que los alumnos están en contacto diariamente. Así, a elección, los estudiantes escogen diferentes opciones para hacer la siembra, como por ejemplo, un hisopado de la palma de la mano, o de la pantalla de sus celulares, o de la lengua, del pelaje de su mascota, o bien dejar la placa abierta en contacto con el aire atmosférico luego de barrer, o en la ventana de la casa, entre otros. Las placas inoculadas se rotulan, se identifican y se incuban durante una semana en un lugar cálido y húmedo al abrigo de la luz. Luego, vuelven al laboratorio para observar y analizar el desarrollo obtenido. Los resultados, además de sorprenderlos, logran despertar interés, motivación y curiosidad por querer saber y conocer más de esta disciplina. La pregunta ¿Qué es lo que desarrolla? los conduce a comprender cuál es el objetivo final de la materia: conocer los diferentes tipos de microorganismos que existen y lograr identificarlos. Y así surgen interrogantes como ¿qué son los microorganismos?, ¿dónde se encuentran?, ¿cómo están compuestos?, ¿Cómo se clasifican?, ¿Cómo se desarrollan?, ¿Cómo se los puede identificar? ¿Cómo se los puede eliminar?, cuyas respuestas son los tópicos generativos de la asignatura Microbiología General. La estrategia que aquí se presenta logra un primer acceso a la disciplina a través de la puerta de entrada de la experimentación, para tomar contacto con ella de una manera real y tangible, y al mismo tiempo poder identificar el hilo conductor que guiará los contenidos hacia el logro de los objetivos de aprendizaje, de un modo comprensivo y flexible, captando la atención y el interés de los estudiantes por medio de una actividad que relaciona los saberes teóricos con su entorno y su vida diaria.

Palabras clave: experiencia, aprendizaje, comprensión

Lösch Liliana S⁽¹⁾, Merino Luis A⁽¹⁾

1 - Cátedra de Microbiología, Parasitología e Inmunología. Facultad de Medicina. Universidad Nacional del Nordeste. Sargento Cabral 2001, Corrientes.

La enseñanza de la Microbiología en el entorno de la carrera de Medicina se centra en el estudio del papel de los microorganismos y sus factores de virulencia en el marco de la triada epidemiológica donde interaccionan el agente infeccioso, hombre y el ambiente. Para lograrlo el docente busca alcanzar el desarrollo de las competencias del futuro médico por medio de la enseñanza basada en el alumno. Las infecciones del tracto gastrointestinal (IGI) representan una de las enfermedades infecciosas más frecuentes y son una de las causas más importantes de morbilidad y mortalidad entre los lactantes y los niños y responden a múltiples causas. El aislamiento social preventivo y obligatorio (ASPO) debido a la pandemia por SARS-Cov-2 llevó a los docentes a diseñar y dictar un cursado remoto de emergencia, tratando de adaptar a la nueva realidad la metodología de enseñanza/aprendizaje, que a su vez sirvan de herramientas innovadoras y atiendan a las diferentes capacidades de pensar y aprender que tenemos las personas.

El objetivo del presente trabajo es transmitir la experiencia de trabajo en virtualidad con alumnos de la asignatura de Microbiología, Parasitología e Inmunología de la Carrera de Medicina en la enseñanza de agentes etiológicos del GI.

La enseñanza del contenido de infecciones gastrointestinales se realizó a través del aula virtual de la facultad. Para el desarrollo del mismo se acudió a la combinación de estrategias didácticas entre las que se encontraron la exposición dialógica, el debate, interrogatorios didácticos, ejemplificación, presentación de videos e imágenes. Para concretar la actividad de integración de la unidad se trabajó en la modalidad de seminario-taller con los alumnos de la cohorte 2020 de la Cátedra de Microbiología, Parasitología e Inmunología de la Facultad de Medicina. Los 340 alumnos cursantes fueron distribuidos en grupos de 10 integrantes cada uno. La consigna para el desarrollo de la actividad consistió en que los alumnos de cada grupo debían armar un collage de imágenes y/o fotos tomadas por ellos y compartirlo en un "Padlet" habilitado para tal fin. El mismo debía estar relacionado con alguno de los aspectos trabajados en clase, como por ejemplo, causas, prevención, diagnóstico y agentes etiológicos de las IGI, entre otros.

En la puesta en común cada grupo contó con 5 minutos de exposición sobre aspectos considerados en su collage y 5 minutos para preguntas de sus compañeros. En la puesta en común se evidenció que los alumnos identificaron correctamente los agentes causales de IGI, su relación con diferentes componentes ambientales, factores de riesgo y medidas de prevención.

A pesar del ASPO establecido se logró favorecer los procesos de creatividad y colaboración entre los alumnos y de integración de los contenidos de la unidad, muchos de ellos apuntados al propio ámbito domiciliario origen de muchas de las IGI. La socialización durante las presentaciones grupales permitió a los docentes reforzar contenidos y generar ideas de intervención para la prevención de estas infecciones.

Palabras clave: Enseñanza – Aprendizaje - Virtualidad – Microbiología - Padlet

NEDIANI, Miriam Teresa¹, PAZ María Mercedes¹ y LESCANO FARIAS Lara Valeria¹

1 Facultad de Agronomía y Agroindustrias. Universidad Nacional de Santiago del Estero. E-mail: tnediani@gmail.com

En la actualidad la universidad enfrenta el gran desafío de implementar prácticas educativas que promuevan el desarrollo de capacidades y habilidades que permitan anticipar respuestas, destinado a lograr una mayor articulación con los problemas de la sociedad y el mundo del trabajo. Siendo primordial promover la incorporación del individuo a una educación general y especializada, que facilite la adquisición de las competencias básicas para enfrentar situaciones diversas en su futuro campo profesional. La sociedad demanda ingenieros competentes, para lo cual es importante que los docentes universitarios utilicen nuevas metodologías en el aula, que sean una combinación armónica de diferentes estrategias y que además sean coherentes con la asignatura que imparten y con los intereses de los estudiantes. Esta metodología aspira a dotar en competencias para resolver problemáticas del área de alimentos, situando al estudiante en relación con su mundo de trabajo a través de procesos cognitivos de reflexión crítica, es por ello que se planteó trabajar en las competencias genéricas de egreso referidas a las actitudinales, sociales y políticas, correspondientes a trabajo en equipo y comunicación oral y escrita, con estudiantes de las asignaturas de Microbiología y Carnes y subproductos de la carrera de Ingeniería en Alimentos. Se utilizó como metodología aprendizaje orientado a proyectos (AB Proy.). Se seleccionaron actividades que permitieran que el estudiante, de manera autónoma o bajo la modalidad de trabajo colaborativo y cooperativo pudieran movilizar, integrar y aplicar aprendizajes ya desarrollados en distintas disciplinas. Los estudiantes elaboraron junto con los docentes las actividades a realizar en el marco del proyecto, Producción de pollos agroecológicos, destinado a productores rurales de la localidad de Beltrán, Santiago del Estero. Se visitó a 17 familias productoras de pollos agroecológicos, para realizar el diagnóstico de la situación actual, in situ, mediante entrevistas donde los productores pudieron plasmar en fichas técnicas las condiciones en infraestructura y servicios que usan en su producción, además, sus estudios alcanzados, integrantes del equipo trabajo, existencia o no de sala de faena, conocimiento de las Buenas Prácticas de Manufactura (BPM), enfermedades transmitidas por los alimentos (ETAs), ventas, servicio de transporte, conocimiento en cuanto habilitaciones bromatológicas; todo ello se registró mediante fotos y videos. Luego, se tomaron muestras mediante hisopados de salas de faena y del producto terminado, se realizaron análisis microbiológicos de los mismos, de acuerdo a lo especificado por el Código Alimentario Argentino (CAA), y por último, se expusieron los resultados a los productores con la interpretación de los mismos y las recomendaciones pertinentes. Durante cuatro meses, los alumnos fueron evaluados utilizando las técnicas: Intercambios orales formativos y de observación, mediante rúbricas, fichas de cotejo, autoevaluaciones y coevaluaciones. Los resultados mostraron que la aplicación de metodología específica para estudiantes de ingeniería facilita que los mismos adquieran habilidad para desempeñarse de manera efectiva en equipos de trabajo, tener un pensamiento crítico y reflexivo para la resolución de problemas, aprender en forma continua y autónoma y comunicarse con efectividad.

Palabras clave: Competencias, Microbiología, Carnes, Metodología

SOSA, María de los Ángeles⁽¹⁾, BOJANICH, María Viviana⁽¹⁾, LÓPEZ, María de los Ángeles⁽¹⁾; CASTRO, María Cecilia⁽¹⁾, PICCOLI, Laura Irene⁽¹⁾.

1. *Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura. Universidad Nacional del Nordeste.*

sosatina@yahoo.com.ar

En la asignatura Microbiología General de la carrera de Bioquímica de la UNNE, el tema "Antimicrobianos" resulta de difícil abordaje por parte del docente y, por lo tanto, lograr la comprensión de los contenidos por el alumno no resulta una tarea fácil. Es por esto que desde el año 2012 con alumnos de 3º y 4º año de la carrera, se ha implementado un taller donde se realiza el análisis de prospectos de antibióticos. Los objetivos del taller fueron promover el trabajo en grupos, incentivar la interrelación entre teoría y práctica, mejorar la participación de los alumnos a través de la reflexión y establecer mediante el diálogo y la discusión, una conclusión sobre la aplicación de los conocimientos adquiridos previamente. El tema a tratar fue "Antimicrobianos" y el hilo conductor fue: comprender el mecanismo de acción y de resistencia, la farmacocinética, la farmacodinamia, espectro de acción y efectos adversos. Se construyó un dispositivo en torno a un problema de la vida real-profesional: ¿Para qué se utiliza tal o cual antibiótico?, ¿Para qué microorganismos sirve?, ¿cuáles son sus efectos secundarios?, ¿Porque se utiliza en una determinada patología? etc. Los alumnos fueron reunidos en pequeños grupos. El trabajo consistió en analizar los insertos junto con una guía de preguntas, con el fin de analizar y comparar los antimicrobianos presentados, siempre con el acompañamiento del docente. Esta tarea implica la búsqueda de respuestas y soluciones a los diversos interrogantes que surgen al analizar cada caso. Al finalizar el trabajo en grupos, se realizó una puesta en común y un cierre por parte del profesor a cargo. La actividad se ha visto sometida en ocasiones a ciertos cambios con respecto a su concepción original en función de las condiciones del grupo como ser el número de alumnos, actitud de los mismos, conocimientos previos, entre otros. La respuesta por parte de los estudiantes ha sido excelente, mejorando progresivamente su participación y su interés, lo que nos permite afirmar que se están cumpliendo los objetivos de aprendizaje propuestos.

Palabras claves: enseñanza-aprendizaje, antimicrobianos, taller

MICROBIOLOGIA CLINICA

MC1**INFECCIÓN URINARIA RECURRENTE POR *Salmonella no typhi* EN PACIENTE MASCULINO INMUNOCOMPETENTE.**

ALCAZAR Gabriela ⁽¹⁾, **BOLEAS Mariana** ⁽¹⁾, **BREHM Jesica de los Milagros** ⁽¹⁾, **CÁCERES Carolina Andrea** ⁽¹⁾, **CALGARO Ileana Maillen** ⁽¹⁾, **PIEDRABUENA Milagros** ⁽¹⁾, **PRESTIFILIPPO Ana María** ⁽¹⁾, **VALENTI María Eugenia** ⁽¹⁾

(1) Sección Microbiología Hospital San Martín de la ciudad de Paraná. alcazar.gc@gmail.com

La infección del tracto urinario (ITU) es una entidad clínica que afecta más comúnmente a mujeres. En los hombres está asociada a patologías urológicas, obstructivas o anatómicas, prostáticas e intervenciones quirúrgicas. La ITU recurrente se define por la presencia de, al menos, tres episodios de ITU en el último año o dos episodios en los últimos 6 meses.

La ITU por *Salmonella no typhi* (SNT) es infrecuente, oscila entre el 0.01 y 0.2 % del total. La mayoría de los casos se han descrito en pacientes adultos inmunodeprimidos, diabéticos o con patologías urológicas de base y de forma excepcional en personas sin factores de riesgo.

Los mecanismos de patogenicidad más frecuentes son, en inmunocomprometidos, la diseminación hematológica, debido a que esta bacteria puede permanecer intracelular en macrófagos durante largos periodos de tiempo tras una infección primaria y ante un mayor deterioro de la inmunidad, invadir el torrente circulatorio y de allí las vías urinarias. En inmunocompetentes, ocurre por la colonización uretral, luego de presentar síntomas gastrointestinales recientes, que se ve favorecida por la presencia de patologías urológicas de carácter obstructivo.

Caso clínico: Paciente masculino de 25 años de edad, privado de su libertad, sin patología de base, consulta al servicio de Urología del Hospital San Martín por disuria, fiebre y malestar general. Presenta antecedente de pielonefritis por SNT cinco meses atrás, que requirió internación por 48 horas, con hemocultivos negativos, y tratamiento con ciprofloxacina que continuó ambulatorio por 10 días (500 mg/12 hs). Se realizaron pruebas serológicas (HIV) que resultaron negativas.

En el urocultivo se aísla un bacilo Gram negativo con recuento mayor a 100.000 UFC/ml asociado a respuesta inflamatoria, que se identifica por pruebas bioquímicas manuales y por sistema automatizado Vitek 2C como *Salmonella* spp. sensible a ciprofloxacina con serología reactiva para serogrupo OA.

Se discute el caso de un paciente masculino joven inmunocompetente, sin evidencia de alteraciones del aparato genitourinario, sin antecedentes de síntomas gastrointestinales y que presenta infección urinaria recurrente por SNT.

Debido a lo inusual del aislamiento en el contexto epidemiológico del paciente sería de utilidad evaluar la presencia de anomalías urológicas ya que la presencia de obstrucción podría ser una de las causas que facilite la recurrencia al favorecer el acantonamiento del microorganismo.

Por otro lado, el tiempo de tratamiento indicado en esta entidad clínica es de 2 a 6 semanas, un tratamiento de menor duración no aseguraría la eliminación de este patógeno ni evitaría otras complicaciones.

Las prácticas sexuales podrían ser otro factor de riesgo a considerar en la anamnesis del paciente con una ITU por SNT.

Palabras clave: *Salmonella no typhi*, infección urinaria recurrente, inmunocompetente.

ARMADA María Emilia⁽¹⁾, BUCCIARELLI Ricardo⁽²⁾, MARSONET Silvina⁽³⁾, MOYANO Natalia⁽⁴⁾, SAVINA Silvana⁽⁵⁾

Servicio de Bacteriología Hospital Militar Regional Mendoza⁽¹⁾. Hospital Español de Mendoza^(2,3,4,5)

emiliarmada@hotmail.com

Paciente masculino de 68 años con diagnóstico de glioma, bajo tratamiento con radio y quimioterapia (temozolamida/corticoesteroides). Ingresó al hospital por síndrome febril de 6 días de evolución, sin síntomas respiratorios. Al ingreso se le tomaron hemocultivos (dos muestras), se le realizó tomografía computarizada de tórax en la que se observaron lesiones nodulares bilaterales, algunas de ellas cavitadas, PCR para SARS Cov2 e influenza A/B resultando no detectable en ambos casos y al día siguiente se realizó una fibrobroncoscopia (BAL) que resultó negativo para gérmenes comunes, micobacterias y hongos. A las 72 de incubación se positivizan ambos hemocultivos. Se realiza tinciones de Gram y de Ziehl-Neelsen donde se observan bacilos Gram positivos ramificados parcialmente ácido-alcohol resistentes, lo que hizo sospechar la presencia del Género Nocardia. Se siembran ambos frascos en agar sangre y agar chocolate, obteniendo a las 48-72 horas crecimiento de colonias típicas del Género Nocardia. La tipificación a nivel de especie se llevó a cabo por espectrometría de masas (MALDI-TOF), que arrojó Nocardia farcinica. En base al hallazgo se realizó una tomografía computarizada de cerebro, observándose solamente la lesión tumoral preexistente, descartándose presencia de nuevas lesiones. El diagnóstico fue bacteriemia diseminada por Nocardia farcinica sin compromiso cerebral. Se realizó tratamiento con Imipenem y Trimetoprima-Sulfametoxazol (TMS) por 4 semanas, continuando posteriormente con TMS durante 6 a 12 meses, con buena evolución hasta el momento.

Palabras claves: Bacteremia, Nocardia

BALBONA Marianela⁽¹⁾, BLANCO Miriam⁽¹⁾, GODOY Darío⁽¹⁾, PESTANA, Laura⁽¹⁾, D'URSO Gustavo⁽¹⁾, GONZALEZ Yanina⁽¹⁾, LOUDET Stella⁽¹⁾

1 Hospital de Alta Complejidad En Red El Cruce Dr. N C Kirchner, Florencio Varela, Buenos Aires, Argentina. miriam.blanco@hospitalelcruce.org.ar

Introducción: Durante la última década la incidencia del Complejo *Candida parapsilosis* (CCP) se ha incrementado drásticamente, convirtiéndose en la segunda levadura más frecuentemente aislada, considerándose un patógeno emergente asociado a un amplio espectro de infecciones siendo también microbiota normal. Los factores que favorecen el desarrollo de candidemia son: uso prolongado de antibióticos, hospitalización prolongada y alteraciones de la integridad de las barreras. La formación de impactos sépticos en órganos profundos es habitual. El tejido cardíaco más comúnmente afectado es: válvula aórtica (56%), válvula mitral (29%) y válvula tricúspide (4%). La mortalidad en candidemia es muy elevada. CCP está conformado por tres especies: *C parapsilosis sensu stricto*, *C. orthopsilosis* y *C. metapsilosis*. La incidencia de las distintas especies dentro del CCP es poco conocida debido a las dificultades para arribar a la identificación de certeza. La formación de biofilm es el factor de virulencia más importante de CCP. En general, todos los agentes antifúngicos presentan buena actividad frente al CCP, considerándose como primera línea en el tratamiento anfotericina B (AB), fluconazol (FZ) y equinocandinas. Objetivo: Reportar un caso de endocarditis de válvula nativa por *C. orthopsilosis* en un paciente hemodializado. Resultados: Paciente femenina de 47 años, en hemodiálisis trisemanal por insuficiencia renal crónica. Ingresó derivada de otro nosocomio por oclusión de arteria tibial anterior, catéter semipermanente en malas condiciones y hemocultivos con rescate de *Enterococcus faecalis* (EFA) y *Staphylococcus epidermidis* en tratamiento con ampicilina, vancomicina y caspofungina. Al ingreso se tomaron 3 hemocultivos periféricos y 1 retrocultivo (catéter de Tesio) y se procesaron en equipo automatizado Bact/ALERT (BioMérieux) resultando 3/3 periféricos y 1/1 retrocultivo positivos para levaduras. El aislamiento se identificó como *Candida orthopsilosis* por MALDI TOF (Vitek MS, BioMérieux) sensible a AB, azoles y equinocandinas (Vitek 2C, BioMérieux). La paciente presentó poliquistosis hepática, trombosis de vena cava superior y fondo de ojo sin particularidades. Impresión diagnóstica: Endocarditis infecciosa de válvula mitral y tricúspide. Se remite punta de catéter resultando negativa a las 48 hs de incubación. Ingresó a cirugía para resolución de su trombosis y se cultivó el coágulo, siendo positivo para EFA. Al día 3 se envía nueva serie de hemocultivos (3) que finalizaron negativos. Se remite material de abscesos hepáticos resultando negativos. Impresión diagnóstica: Endocarditis infecciosa por EFA y *C. orthopsilosis* con impactos sépticos múltiples. Al día 10 ingresa a cirugía de reemplazo valvular, donde se envía la válvula mitral a cultivo resultando examen directo positivo para levaduras y cultivo positivo para *C. orthopsilosis*. Fallece al día 11. Discusión y conclusión: Las claves para el manejo apropiado de las candidemias implican un diagnóstico clínico y microbiológico adecuado y el uso temprano de terapia antifúngica específica. El control de foco es fundamental y la remoción quirúrgica en caso de endocarditis es muchas veces necesaria debido a la formación de biofilms, la escasa llegada del antifúngico y la elevada frecuencia de impactos sépticos a distancia. Es necesario conocer la incidencia de las infecciones severas por las distintas especies de CCP al ser considerado patógeno emergente.

Palabras clave: candidemia, endocarditis, parapsilosis, orthopsilosis

BONTTI Sergio^{1,4}, VILLALBA Andrea^{2,4}, GONZÁLEZ ARRA Carolina¹, SIERRA Pablo¹; ARMITANO Rita³, MARTÍNEZ Norma¹.

¹ Laboratorio de Referencia de Enfermedades Transmisibles, Centro de Medicina Preventiva "Dr. Emilio Coni". ² Servicio de Infectología, Hospital Lencinas. ³Servicio Bacteriología Especial INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". ⁴ Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Mendoza. sabonti@gmail.com

Las rickettsiosis son enfermedades provocadas por bacterias del género *Rickettsia*, de distribución mundial y transmitida por artrópodos vectores, con carácter de emergente y re-emergente. Se dividen en: Grupo Tifus, transmitidas por piojos y pulgas, y Grupo de las Fiebres Manchadas, cuyos principales vectores son las garrapatas, razón por la cual se agrupan dentro de las Enfermedades Transmitidas por Garrapatas (ETG). Describimos el caso de un paciente femenino de 36 años con domicilio en Ciudad Mendoza, empleada administrativa. Consultó el 23/7/2018 por Fiebre (39°C), que comenzó tres días previos, acompañada de cefalea (intensidad 8/10), astenia y artromialgias. No refirió antecedentes patológicos de valor, contactos con enfermos, haber realizado viajes, ni haber consumido productos caseros. Refirió tener un perro en su domicilio y haberse extraído una garrapata localizada en su cuello. Al examen físico se presentó febril (38.5°C), con rash maculo papular, no pruriginoso en tórax y miembros superiores. Se observó una pequeña lesión con escara necrótica con eritema perilesional en cuello, adenomegalias cervicales dolorosas. Resto del examen físico normal. Los resultados de laboratorio fueron: Hemograma: Hct 42%, Hb 10,3 g/dL; GB 4.500/mm³, fórmula leucocitaria: N50%/Linfocitos 42%/M 5%/E 1%, PLT 300.000/mm³; uremia, creatinina y enzimas hepáticas normales. Se solicitaron pruebas serológicas para sífilis, Chagas, toxoplasmosis, HBsAg; HCV, todas con resultados negativos. Se instauró tratamiento con Doxiciclina a dosis habituales. La paciente evolucionó favorablemente. Se derivó la paciente al Laboratorio de Referencia de Enfermedades Transmisibles donde se tomaron dos muestras de suero pareadas para detección de anticuerpos Anti-*Rickettsia* spp. por Inmunofluorescencia Indirecta (IFI), que se enviaron al Servicio Bacteriología Especial del ANLIS INEI Carlos Malbrán (SBE INEI), junto con la escara necrótica. Se obtuvieron resultados de IFI positivo para *Rickettsia* spp. del Grupo Fiebres Manchadas (IgG 1° muestra >1/256, 2° muestra >1/1024; IgM 1° muestra <1/64; 2° muestra >1/64). La escara necrótica se sometió a una prueba de biología molecular por técnica de PCR con amplificación del gen *ompB* para identificación bacteriana y de los genes *gltA* y *ompA* para caracterización y secuenciación, en el SBE INEI. La PCR resultó positiva para *Rickettsia parkeri*. Los resultados de anticuerpos permiten confirmar la circulación de *Rickettsia* spp., y constituyen el primer caso clínico documentado en la provincia. Dado el carácter emergente de estas infecciones en la región de Cuyo, se requiere mantener vigilancia activa, capacitar equipos de salud interdisciplinarios para que consideren esta enfermedad y diseñar estrategias para incluir el componente eco epidemiológico de las garrapatas en la vigilancia.

Palabras Claves: *Rickettsia parkeri*, garrapatas, Mendoza

CHADE Miriam⁽¹⁾, **VIVOT Walter**⁽²⁾, **TAVERNA Constanza**⁽²⁾, **MERELES RODRIGUEZ Beda**⁽¹⁾, **CORDOBA Susana**⁽²⁾

⁽¹⁾ Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones. Mariano Moreno 1375. Posadas. Misiones. Argentina. ⁽²⁾ Departamento Micología, INEI, ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". Av. Vélez Sarsfield 563 - CP C1282AFF. Ciudad Autónoma de Buenos Aires – Argentina.

[e-mail_miriamchade@gmail.com](mailto:miriamchade@gmail.com)

La candidiasis vulvovaginal (CCV) es una patología del tracto genital femenino causada por levaduras, principalmente pertenecientes al género *Candida*. La especie aislada con mayor frecuencia es *Candida albicans*, seguida de *Candida glabrata*, aunque en los últimos años se observa un aumento en la frecuencia de aparición de otras especies no-*C. albicans* que suelen ser menos sensibles a los antifúngicos. Esta micosis permanece sin resolución y se vuelve recurrente, en parte, debido a fallas en los tratamientos. La CVV no resuelta puede complicarse en enfermedad inflamatoria pélvica, infertilidad, embarazo ectópico, absceso pélvico, aborto espontáneo y trastornos menstruales. Planteamos como objetivo determinar y comparar la actividad antifúngica *in vitro* de antifúngicos convencionales frente a especies de *Candida* aisladas de pacientes con CVV. Se trabajó con una muestra de 139 cepas de hongos levaduriformes aislados de CVV de mujeres en edad reproductiva, residentes en la Ciudad de Posadas, Misiones. Las levaduras fueron identificadas por estudios fenotípicos, proteómica y secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal. Se evaluó la sensibilidad *in vitro* mediante la determinación de la concentración inhibitoria mínima (CIM), de acuerdo al documento de referencia EDef. 7.3.2 del EUCAST. Se evaluaron los antifúngicos fluconazol, itraconazol, clotrimazol y nistatina. Se obtuvo la siguiente distribución de especies en orden de frecuencia: *C. albicans* sensu stricto 79,85% (111/139), *C. glabrata* sensu stricto 7,91% (11/139), *C. nivariensis* 0,71% (1/139), *C. tropicalis* 4,36% (6/139), *C. parapsilosis* sensu stricto 2,15% (3/139), *C. metapsilosis* 0,71% (1/139), *C. krusei* 0,71% (1/139) y *S. cerevisiae* 3,59% (5/139). Para *C. albicans* y *C. tropicalis*, el antifúngico más activo fue el fluconazol con un 94,6% y 83,3% de cepas sensibles, respectivamente. Mientras que para *C. parapsilosis* y *C. glabrata* el 66,7% y el 61,7% fueron sensible al fluconazol, respectivamente. El fluconazol y el itraconazol no fueron activos para inhibir el desarrollo *in vitro* de *C. nivariensis* (CIM >128 µg/mL y 0,5 µg/mL, respectivamente). Para el clotrimazol y la nistatina no fue posible categorizar a los aislados debido a que aún no se definieron puntos de corte clínico. El clotrimazol inhibió el desarrollo del 92,8% de las cepas en estudio con un valor de CIM ≤ 0,06 µg/mL, mientras que la nistatina inhibió al 100 % de las cepas con un valor de CIM ≤ 2 µg/mL. Para *S. cerevisiae*, se obtuvieron valores bajos de CIM para el itraconazol y el clotrimazol, ≤0,25 µg/mL y ≤0,06 µg/mL, respectivamente. Mientras que para el fluconazol y la nistatina los valores de CIM fueron ≤4 µg/mL y ≤2 µg/mL, respectivamente. *S. cerevisiae* se presenta como un patógeno emergente involucrado en vulvovaginitis. A la fecha, comunicamos el primer aislamiento de las especies crípticas *C. nivariensis* y *C. metapsilosis* como agentes de vulvovaginitis en Argentina. El antifúngico más activo *in vitro* fue el clotrimazol aún para las especies resistentes al fluconazol. *C. glabrata* y *C. parapsilosis* fueron las especies menos sensibles al fluconazol. Observamos un amplio rango de valores de CIM para los 4 antifúngicos evaluados, evidenciándose que la sensibilidad es especie dependiente.

Palabras clave: Actividad antifúngica, candidiasis vulvovaginal, concentración inhibitoria mínima.

COMETTO, M.V.⁽¹⁾, NAVARRO, M.⁽¹⁾, TRUCCHIA, R.⁽²⁾, QUINTEROS GRECCO, C.⁽²⁾, KREMER, L.⁽³⁾, SANCHEZ, A.⁽²⁾, VERA, V.⁽¹⁾, CORREA, M.F.⁽¹⁾, GONZALEZ, R.⁽¹⁾, SUBIJANA, M.⁽¹⁾, OCAÑA CARRIZO, A.V.⁽¹⁾

1 Dpto. Bacteriología. Lab. Central. HNC. FCM. UNC. 2Serv. de Infectología. Cátedra.HNC. FCM. UNC. 3 Medicina Preventiva. Mun.de Córdoba. Correo electrónico: vickycometto06@hotmail.com

Streptococcus pseudoporcinus (*Spp*) es una especie aislada en muestras de origen humano asociada fundamentalmente a tracto genitourinario femenino que causa infecciones de tejidos blandos y complicaciones materno fetales. Sin embargo, su incidencia es baja y existen pocos reportes de infecciones que afecten a otras zonas del cuerpo. Presentamos el caso de un paciente masculino de 64 años, en situación de calle, homosexual y con los siguientes antecedentes patológicos: VIH B1 (adherente al TARGA), hipertensión arterial, diabetes, insuficiencia renal crónica y cardiopatía isquémica que consulta derivado por médico de cabecera para valoración de lesión escroto-inguinal. Refiere haber comenzado con lesión leve que impresionaba intertrigo+celulitis sobreagregada tratada de forma empírica con TMS 160/800 mg+fluconazol 200mg c/24h vía oral. Habiendo cumplido 7 días del mismo, se recibe por guardia de nuestro hospital afebril, normotenso, clínicamente estable. Se objetiva en región inguinal extensa lesión indurada, dolorosa, eritematosa. Laboratorio: GB 17.000/mm³, PCR 20mg/L, APP 52%, KPTT 24", pH 7.20, HCO₃mmol/L 13, Creatinina 4.26mg/dL, Urea 97mg/dL, Glucemia 91mg/dL, CD4: 1000/mm³CV: <40 copias/ml. Ecografía inguinal: impresiona edema del tejido celular subcutáneo en región explorada, no colección. Se decide internación e iniciar empíricamente piperacilina-tazobactam + vancomicina+ fluconazol ajustados a función renal. A las 48h posteriores al ingreso es valorado nuevamente por Infectología quien observa boca de drenaje con contenido purulento, mal oliente. Mala evolución clínica y analítica. Se envía para cultivo muestra del absceso tomada por punción. Se realiza examen directo (Gram) que mostró: importante reacción inflamatoria con abundante microbiota constituida por cocos gram (+) en cadenas, bacilos gram (-) y cocobacilos gram (-) compatibles con anaerobios. Se sembró en agar sangre de carnero (AS) al 5% en CO₂, AS en anaerobiosis y caldo tioglicolato. A las 24h desarrollan pequeñas colonias β hemolíticas identificadas por pruebas bioquímicas (test de CAMP, PYR, bacitracina, hipurato, sorbitol, manitol, VP), Vitek2C (BioMérieux) y MALDITOF como *Spp*. El aislamiento solo presentó resistencia a tetraciclinas y clindamicina, siendo sensible a β lactámicos, levofloxacina, linezolid. Junto a este microorganismo se recuperaron: estafilococos coagulasa negativa, *Corynebacterium* sp. Y *Porphyromonas* sp. (anaerobio informado con posterioridad). Se rota esquema antibiótico a Ampicilina 2gr c/6 h y se programa toilette quirúrgica. Paciente cumple tratamiento dirigido por 14 días presentando buena evolución clínica. *Spp* se describió por primera vez en 2006 y desde entonces se han reportado aislamientos a partir de diferentes muestras. Es un patógeno emergente que coloniza el tracto genitourinario femenino. Sin embargo, estudios recientes destacan su potencial para causar infecciones invasivas graves través de la colonización orofaríngea /gastrointestinal. Presentamos un caso de infección por *Spp.*, destacando su rol patogénico. Si bien es infrecuente, su incidencia puede estar subestimada debido a una identificación errónea como *S. agalactiae* si solo se utilizan algunas pruebas bioquímicas o serología.

Palabras clave: *S. pseudoporcinus*, VIH, absceso.

CORONEL Melina⁽¹⁾, CARO Florencia Cecilia⁽¹⁾, ZAMORA Ana Maria^(1,2)

*1*División Virología-Dirección de Salud Pública-MSP, Tucumán. *2* Cátedra de Virología-FBQF-UNT. melinacoronel015@gmail.com

Introducción: La varicela es una enfermedad exantemática, altamente contagiosa, causada por el virus Varicela-Zoster de la familia *Herpesviridae*. Afecta principalmente a niños menores de 10 años y se presenta como una erupción vesicular pruriginosa que abarca comúnmente tronco, cabeza y cara. Adolescentes, adultos e inmunocomprometidos pueden experimentar en ocasiones complicaciones de variada gravedad, desde sobreinfecciones bacterianas en piel, alteraciones hematológicas y neuronales. El diagnóstico se establece, principalmente, sobre la base de datos clínicos y epidemiológicos. En el caso de formas atípicas y graves, el mismo puede realizarse identificando el genoma viral por PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) en diferentes tipos de muestras clínicas como lesiones cutáneas, líquido cefalorraquídeo o plasma. Objetivos. Presentar la confirmación diagnóstica de un niño internado con sospecha de varicela, en un hospital público de la ciudad de San Miguel de Tucumán. Materiales y métodos. Se remitieron a la División Virología de la Dirección de Salud Pública cuatro muestras de plasma, a intervalos de 1 por semana, de un niño de 14 años internado en un hospital público con sospecha de varicela. Se realizó extracción de ADN (ácido desoxirribonucleico), detección y cuantificación de ADN de Varicela-Zoster mediante PCR-en tiempo real, con Kit comerciales, siguiendo las especificaciones del fabricante. Resultados. Se detectó ADN de Varicela-Zoster en todas las muestras de plasma remitidas. La carga viral de la 1ª a la 4ª muestra fue: 1.989.000 copias/mL, 133.200 copias/mL, 15.040 copias/mL y 2.096 copias/mL respectivamente. Discusión. En pacientes inmunocompetentes la varicela suele ser benigna, autolimitada y de fácil diagnóstico por las características de las lesiones. En pacientes inmunocomprometidos, puede presentarse de forma diseminada y progresiva con lesiones confluentes que pueden evolucionar a formas hemorrágicas y gangrenosas. Presentan fiebre elevada y persistente, dolor abdominal y hepatitis que pueden coincidir o no con el exantema, además de afectación multisistémica pulmonar, hepática y neurológica, pudiéndose retrasar el diagnóstico. En el presente caso el paciente ingresó por el servicio de guardia hospitalaria presentando dolor precordial, que luego se intensifica irradiándose a epigastrio. Durante el mismo, presentó evidencia de lesiones pústulo-papulares y vesiculares impetiginizadas, distribuidas en tronco, espalda, cara y zona inguinal, no pruriginosas, las cuales rápidamente adquieren características necro-hemorrágicas. Las pruebas de laboratorio clínico mostraron disminución en el recuento de plaquetas, aumento súbito en las enzimas hepáticas, reactantes de fase aguda y del Dímero D, fiebre elevada y persistente, en contexto de sospecha de sepsis. Frente a la evolución del paciente y con sospecha de varicela necro-hemorrágica por evaluación anatomopatológica, la confirmación diagnóstica en la primera muestra remitida permitió instaurar el tratamiento antiviral adecuado. Se encuentra en estudio la condición inmunológica del paciente. Conclusión. Frente a formas clínicas complicadas y atípicas de varicela como el caso expuesto, el diagnóstico específico por PCR condujo a la implementación del tratamiento con aciclovir. El monitoreo de la respuesta al antiviral postratamiento, evidenció la disminución de la carga viral en las muestras estudiadas.

Palabras claves: varicela, diagnóstico, PCR-real time

CORREA, M.F. ⁽¹⁾, **NAVARRO, M.** ⁽¹⁾, **COMETTO, M.V.** ⁽¹⁾, **VERA, V.** ⁽¹⁾, **GONZALEZ, R.** ⁽¹⁾, **PIEVAROLI, C.** ⁽²⁾, **RUIZ PECCHIO, A.** ⁽³⁾, **SUBIJANA, M.** ⁽¹⁾, **OCAÑA CARRIZO, A.V.** ⁽¹⁾.

1 Dpto. Bacteriología. Lab. Central. Hospital Nacional de Clínicas. FCM. UNC. 2 Servicio Renal Río Ceballos. 3 Dpto. Nefrología y Medio Int. Lab. Central. Hospital Nacional de Clínicas. FCM. UNC. florcorrea@outlook.com

Las infecciones urinarias en pacientes con patología renal son una causa importante de morbimortalidad y en ocasiones representan un desafío desde el punto de vista del diagnóstico microbiológico como de la elección del tratamiento adecuado. Paciente femenino de 64 años de edad con diagnóstico de insuficiencia renal crónica en diálisis desde agosto de 2019, con antecedentes de cólicos renales e infecciones urinarias desde los 30 años de edad. Desde que ingresa a diálisis presenta diferentes episodios de infecciones urinarias, la mayoría sin recuperación del agente etiológico pero con respuesta favorable al tratamiento empírico con amicacina. En diciembre de 2021 se le realizan estudios pre trasplante y ante los resultados del cultivo (polimicrobiano), Urología contraindica el procedimiento. Nefrología solicita valoración con Infectología y nefrectomía. En marzo de 2022 la paciente se encuentra séptica, con foco urinario. Se decide tomar muestra de orina y derivar al Dpto. Bacteriología del HNC-UNC. Allí se realizó examen físico-químico dando los siguientes resultados: pH: 7.5, Hemoglobina: +, Nitritos: +, recuento de leucocitos: >100/mm³. Se sembró en agar CLED, agar cromogénico CPS (BioMérieux) y también en agar sangre de carnero 5% (AS) en CO₂, teniendo en cuenta los antecedentes de la paciente. Todos los medios de cultivo se incubaron a 35°C. Sin desarrollo a las 24h, se reincuba y a las 48h comienzan a visualizarse colonias puntiformes en todas las placas, más evidentes en el AS, con apariencia de cultivo mixto y recuento de colonias >100.000 UFC/ml. La coloración de Gram mostró bacilos gram (-). Finalmente se identificó por Vitek2C como *E.coli* (único microorganismo presente) y la sensibilidad antimicrobiana se determinó por difusión en Mueller-Hinton con sangre de carnero 5%, en CO₂ (ya que no se logró por el método automatizado) resultando sensible a amicacina, gentamicina, ceftazidima, nitrofurantoína, ampicilina-sulbactam, ciprofloxacina y resistente a trimetoprima-sulfametoxazol. Las bacterias nutricionalmente deficientes o auxotróficas crecen pobremente en los medios de aislamiento habituales y forman las llamadas “colonias enanas” (“dwarfcolonies”). Esto sucede como resultado de su dependencia de varios factores de crecimiento para lograr una morfología y tasa de crecimiento normales, causando dificultad en su aislamiento, identificación y estudio de sensibilidad antimicrobiana. Si bien se conoce la existencia de microorganismos con estas características, los informes publicados son escasos en nuestro medio. Presentamos este caso para alertar fundamentalmente a los microbiólogos para que frente a pacientes con infecciones crónicas del tracto urinario, ancianos o con alguna condición renal subyacente prolonguen la incubación, por lo menos 48h y cultiven en medios más nutritivos y/o con atmósfera con CO₂.

Palabras claves: infección, *E.coli*, enana, diálisis.

DINGIANDI Ana Laura⁽¹⁾, **FIGUEROA Myrian**⁽¹⁾, **CUFFINI Cecilia**⁽²⁾, **TACCHINI María del Mar**⁽¹⁾.

¹ Hospital Misericordia Nuevo Siglo, Córdoba Capital, Córdoba, Argentina

² Instituto de Virología. Dr. JM Vanella, Facultad de Ciencias Médicas – Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba Capital, Córdoba, Argentina.

anita.dingiandi@gmail.com

INTRODUCCIÓN: Las infecciones de transmisión sexual (ITS) constituyen un problema grave de salud pública a nivel mundial. Las infecciones en sitios extragenitales, faríngeo y anorrectal, suelen ser asintomáticas y pueden ocurrir en ausencia de infección urogenital. El sitio faríngeo es un lugar favorable para la adquisición de resistencia de *Neisseria gonorrhoeae*. Estudios muestran que la investigación urogenital solamente conlleva a un subdiagnóstico de las ITS, pasando por alto los sitios extragenitales, los cuales representan un reservorio potencial para la transmisión de estas infecciones. Por tal motivo nos propusimos investigar la incidencia de *Neisseria gonorrhoeae* (*N.g*), *Chlamydia trachomatis* (*C.t*) y Virus Papiloma Humano (VPH) en sitio genital, anorrectal y faríngeo; determinar el impacto del cribado extragenital y analizar coinfecciones y sintomatología. **MATERIAL Y MÉTODOS:** Trabajo descriptivo, observacional, transversal y prospectivo. Se incluyeron 54 pacientes mayores de 14 años con o sin síntomas de ITS. A cada paciente se le realizó hisopado/cepillado faríngeo, anorrectal y uretral o endocervical, y se realizó cultivo para *N.g* y PCR para la detección de *N.g*, *C.t* y VPH. A las muestras genitales se les realizó examen en fresco para la búsqueda de hongos y *Trichomonas vaginalis*. **RESULTADOS:** La media de edad fue 30 años, rango de 14 a 52. El porcentaje de positividad para al menos un microorganismo fue del 50% (n=27). Se detectó VPH en el 39% de los pacientes (28% genital; 25% extragenitales; 47% ambos). *C.t* en el 20% de los pacientes (10% genital; 36% extragenitales; 54% ambos), *N. g* en el 5% y *Trichomonas vaginalis* en el 11%. Tanto en VPH como en *C.t* se observaron diferencias significativas cuando se analizaron múltiples sitios. El 37% presentó coinfecciones y ninguno presentó síntomas extragenitales. **DISCUSIÓN:** Los sitios extragenitales muestran un alto porcentaje de positividad por lo que, como se documenta en la bibliografía, la investigación urogenital por sí sola no sería suficiente. En nuestro estudio el 25% de los casos de VPH y el 36% de *C.t* habrían quedado sin diagnosticar, si sólo se hubiera realizado el cribado urogenital. Por otro lado, el número de coinfecciones es notable, por lo que se recalca la importancia de estudiar todas las ITS, independientemente de la sintomatología presentada. De esta forma, poder diagnosticar y tratar portadores asintomáticos, para así minimizar secuelas, prevenir la transmisión y evitar la propagación de cepas resistentes.

Palabras clave: Infecciones de transmisión sexual, cribado extragenital, coinfecciones.

GAMBARTE Laura⁽¹⁾, FERRERA Yamila⁽¹⁾, MARTINEZ Luciana⁽²⁾, LOPEZ Arturo⁽³⁾, CACCAVARI Victoria⁽⁴⁾, ATTORRI Silvia⁽⁵⁾

1, 2 y 3. Servicio de Microbiología, Hospital Luis C. Lagomaggiore. 4. Departamento de Bioquímica, Hospital Luis C. Lagomaggiore. 5. Servicio de Infectología y Control de Infecciones, Hospital Luis C. Lagomaggiore. E-mail: gambartelauraelena@gmail.com

La gonorrea, causada por la bacteria *Neisseria gonorrhoeae* (NG), diplococo gram negativo, afecta principalmente epitelios mucosos como uretra, endocérvix, recto, faringe y conjuntiva. La diseminación a la piel y las articulaciones es inusual, causa úlceras en la piel, fiebre y poliartritis migratoria o artritis séptica. Constituye una de las Infecciones de Transmisión Sexual (ITS) más prevalentes, estimándose que cada año se producen en el mundo 78 millones de casos nuevos. La enfermedad gonocócica diseminada (EGD) se produce por la propagación de NG al torrente sanguíneo. Su frecuencia es del 0-5-3%. Las principales manifestaciones clínicas son articulares, perihepatitis, endocarditis, dermatitis. La artritis suele ser monoarticular o poliarticular afectando a falanges y grandes articulaciones.

Presentación del caso. Masculino de 25 años, consulta en guardia del Hospital Lagomaggiore por presentar: náuseas, vómitos, secreción uretral purulenta matutina sin dolor, ni ardor, ni prurito. El paciente refiere dolor en la articulación de muñeca y articulaciones metacarpofalángicas izquierdas, tobillo derecho y metatarsfalángicas izquierdas asociadas a rigidez articular. Como antecedentes relevantes refiere sífilis tratada en el 2018.

Al examen físico se constata fiebre de 38°C, escalofríos y poliartritis con edema y temperatura local. Se decide internación para diagnóstico y tratamiento.

Se realizó analítica completa, de la cual se destaca 15.842×10^3 /UL leucocitos, Proteína C reactiva: 111,51 mg/L, VDRL/FTA-ABS reactiva 2 dil, HSV I/II IgG positiva. Se remitieron al servicio de Microbiología: Hemocultivos x 2, líquido articular y primer chorro de orina.

Los hemocultivos se incubaron en Bactec Plus por 5 días, resultando negativos.

El líquido articular y el primer chorro de orina fueron procesados según protocolos del servicio, cultivados en: agar sangre, agar chocolate y Thayer Martin incubados a 37°C en microaerofilia con 5-7% de CO₂ y CLDE en aerobiosis. Se realizó un examen microscópico y tinción de Gram evidenciándose abundante respuesta inflamatoria y diplococos gram negativos intracelulares, con lados adyacentes aplanados, y apariencia de granos de café.

Tras 24hs de incubación en el agar chocolate y Thayer Martin desarrollaron colonias típicas de NG convexas, brillantes, transparentes, mucoides, elevadas con 1 a 5 mm de diámetro, superoxol y oxidasa positivas. La identificación confirmatoria se realizó mediante la utilización de carbohidratos en base CTA suplementado con 1 % de azúcar, resultando positiva la utilización de glucosa y negativa para lactosa, sacarosa y maltosa.

Se realizó pruebas de amplificación de ácidos nucleicos: Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real (Kit LightMix NG/CT), segmento del gen amplificado gyrA. Resultando ambas muestras positivas.

El paciente fue tratado con ceftriaxona 1 g/día IV por 10 días, Azitromicina 1 g dosis única por VO, su evolución fue favorable, se le dio alta con tratamiento ambulatorio.

La EGD es una manifestación infrecuente por NG, por lo cual destacamos presentar este caso clínico de un hombre joven, sexualmente activo, con factores de riesgo para ITS, debiendo el equipo de salud tenerla presente cuando se presentan pacientes con la sintomatología referida.

Palabras claves: *Neisseria gonorrhoeae*, enfermedad gonocócica diseminada, artritis gonocócica.

MC11	<i>Yersinia enterocolitica</i>: ¿UN ENTEROPATÓGENO POCO FRECUENTE? REPORTE DE UN CASO.
-------------	---

GARCIA Florencia⁽¹⁾, **HERGUI Brenda**⁽¹⁾, **BORETTO Jesica**⁽¹⁾, **DEGIOVANNI Gabriela**⁽¹⁾, **ZURBRIGGEN Laura**⁽¹⁾, **ZILLI Alejandra**⁽¹⁾, **KARACACHOFF Mario**⁽²⁾, **ARO Carolina**⁽¹⁾.

(1)Sección de Microbiología Hospital de Niños Dr. Orlando Alassia.(2) Médico Pediatra del Hospital de Niños Dr. Orlando Alassia.

mflorencia_garcia@hotmail.com

Yersinia enterocolitica es un enteropatógeno zoonótico de distribución mundial, especialmente de las regiones de clima templado a frío, perteneciente al género *Yersinia* de la familia *Enterobacteriaceae*. La infección clínica en humanos es transmitida generalmente a través de alimentos, principalmente cerdo mal cocido y sus derivados, aún bien refrigerados, ya que la bacteria es capaz de reproducirse a 4°C. Puede causar enfermedad intestinal diarreica, adenitis mesentérica, ileítis terminal y cuadros extraintestinales. El inóculo para producir infección es elevado (1×10^9) y el período de incubación de 4 a 7 días. Afecta principalmente a niños pequeños. Los síntomas son fiebre, diarrea acuosa ocasionalmente sanguinolenta, dolor abdominal y vómitos que duran de 1 a 3 semanas. Los casos suelen autolimitarse pero algunos requieren antimicrobianos. Se presenta el caso de un niño de 1 año de edad que consulta por fiebre, vómitos y deposiciones líquidas con sangre de 4 días de evolución. Antecedentes: recién nacido a término, peso al nacer 2,880 kg, crecimiento y desarrollo acorde a la edad. Examen físico: pálido, febril, activo, ligeramente deshidratado, abdomen depresible, indoloro, ruidos hidroaéreos aumentados, sin visceromegalia. Diagnóstico: disentería. Se interna. Laboratorio al ingreso: hemograma y química sanguínea normal. Urocultivo, hemocultivos y coprocultivo negativos. Parasitológico directo negativo. Tratamiento: Hidratación endovenosa, lactancia materna y metronidazol. Evolución: deposiciones con sangre y fiebre durante los 3 días posteriores al ingreso, sin mejoría. Se solicitó FilmArray Panel Gastrointestinal y coprocultivo. El FilmArray resultó detectable para *Yersinia enterocolitica*. La muestra para coprocultivo se sembró en agar Salmonella-Shigella (SS), agar Mac Conkey Sorbitol (MCS), medio cromogénico para *E. coli* O157 y medio Skirrow modificado para búsqueda de *Campylobacter* spp. Se observaron colonias pequeñas transparentes en SS y pequeñas rosadas en MCS, que fueron identificadas por pruebas bioquímicas manuales y método automatizado Vitek 2C, el cual también realizó pruebas de sensibilidad resultando sensible a cefalosporinas de tercera generación y ciprofloxacina; y resistente a ampicilina y trimetoprima-sulfametoxazol. Comienza con ceftriaxona por 3 días y suspende metronidazol. Presenta mejoría clínica y deposiciones consistentes. Se le da el alta luego de 7 días de internación, hidratado, afebril y en buen estado general. La baja prevalencia de este germen (primer aislamiento en nuestro hospital en los últimos 5 años) puede deberse a la prioridad en la búsqueda de otros enteropatógenos ampliamente reconocidos como responsables de diarreas; además no todos los laboratorios de microbiología cuentan con los medios de cultivos selectivos y el entrenamiento para reconocer dichas colonias; otro de los factores a considerar es el clima ya que es más común en los países con climas fríos. En nuestro laboratorio contamos con la técnica de FilmArray Panel Gastrointestinal que ha tenido un fuerte impacto en el diagnóstico de pacientes con diarrea, influyendo en forma directa sobre el tratamiento y la toma de decisiones clínicas. Detecta simultáneamente múltiples enteropatógenos y permite dar un resultado rápido y seguro. Destacamos la importancia de realizar el coprocultivo en paralelo ya que nos permitió contar con el aislamiento para poder realizar las pruebas de sensibilidad.

Palabras claves: diarrea, *Yersinia enterocolitica*, pediatría.

GOMEZ COLUSSI, Andrea F.⁽¹⁾ ALLIGNANI, Luciana C.⁽¹⁾, ARGARAÑÁ, María F.⁽¹⁾

1, Sección Microbiología Hospital "J.B. Iturraspe". andreafgc@hotmail.com

Corynebacterium es el único género de la familia *Corynebacteriaceae*, son bacilos gram positivos pleomórficos, inmóviles y no esporulados. En la actualidad se han identificado alrededor de 80 especies pertenecientes al género *Corynebacterium*, de las cuales unas 53 se han asociado con infecciones en humanos y animales. *Corynebacterium striatum* integrante de la microbiota habitual cutánea humana considerado como patógeno oportunista. Las infecciones por este microorganismo no son habituales, sin embargo, en los últimos años se ha reconocido como patógeno emergente.

Tiene la capacidad de formar *biofilm* en dispositivos médicos, aunque para ello requiere una rotura previa de la barrera epidérmica ya que carece de factores de virulencia para producir la invasión.

Según la bibliografía suele ser resistente a diversos grupos de antibióticos, manteniendo sensibilidad a glucopéptidos y carbapenemes.

Se presenta el caso de un paciente masculino de 50 años de edad, con antecedentes de artritis reumatoidea en tratamiento con corticoides y metotrexato. En el año 2020 se realizó reemplazo total de cadera y presentó una infección protésica precoz de cadera izquierda por *Staphylococcus aureus* meticilino sensible que se trató con ciprofloxacina. Un año después y ante la persistencia de la infección, se decide retirar la prótesis y colocar un espaciador. En julio de este año el paciente ingresa al hospital por dolor y secreciones en la cadera izquierda, se realiza una toilette quirúrgica enviándose muestras de piel y partes blandas y huesos para cultivo al laboratorio de microbiología. En el examen microscópico de las muestras se observó la presencia de leucocitos y bacilos gram positivos con disposición en empalizada. Las muestras fueron sembradas en agar sangre, agar chocolate, CLDE y caldo tioglicolato y se incubaron en aerobiosis a 35-37°C. A las 48 h en todos los cultivos se obtuvo desarrollo de colonias blancas, cremosas, de 2 mm de diámetro que correspondieron en la observación de Gram a bacilos gram positivos. Se identificaron por sistema automatizado Vitek® 2C (BioMérieux) como *C. striatum*. Las pruebas de sensibilidad se realizaron por método epsilométrico (E-test), resultando el aislamiento sensible a vancomicina y meropenem; intermedio a penicilina y resistente a cefotaxima. Por indicación médica, se inició tratamiento con vancomicina con buena evolución clínica.

C. striatum es un microorganismo emergente que debe ser considerado patógeno ante un paciente con infección clínica con o sin otro aislamiento microbiológico.

Aunque existe la posibilidad de una contaminación de la muestra o una colonización sin importancia clínica debe considerarse agente causal de infección, especialmente en pacientes inmunocomprometidos y con enfermedades de base.

En nuestro caso, la observación del microorganismo al examen directo, el desarrollo único de *C. striatum* en todas las muestras remitidas y la condición de inmunosupresión del paciente, avalan la jerarquización del aislamiento.

Corynebacterium striatum, inmunocomprometido, infección protésica

GUALTIERI, Ariel Félix⁽¹⁾, **DE LA CAL, Carolina**⁽¹⁾, **TOMA, Augusto Francisco**⁽¹⁾, **HECHT, Juan Pedro**⁽¹⁾

(1) *Universidad de Buenos Aires, Facultad de Odontología, Cátedra de Biofísica y Bioestadística, Buenos Aires, Argentina. gualtieriarief@gmail.com*

Los trabajadores de la salud son especialmente vulnerables a las infecciones transmitidas por la sangre debido al riesgo de exposición a material biológico infeccioso. La infección por el virus de la hepatitis B (VHB) se encuentra entre las transmitidas con más frecuencia y constituye un riesgo laboral para el personal sanitario, incluyendo bioquímicos, enfermeros, médicos y odontólogos. Los modelos epidemiológicos dinámicos son herramientas matemáticas que permiten representar la propagación de enfermedades infectocontagiosas. Estos diseños brindan un marco simplificado para abordar los complejos procesos de diseminación de enfermedades. Los modelos epidemiológicos han demostrado su aplicación y utilidad en diferentes escenarios, permitiendo hacer proyecciones aproximadas y evaluar medidas de control sanitario. El objetivo del presente trabajo ha sido desarrollar y explorar un modelo dinámico conceptual para representar la propagación de VHB en el personal sanitario de centros de salud. Para llevar adelante este objetivo, se diseñó un modelo determinista basado en ecuaciones diferenciales. El modelo tiene dos módulos. El primer módulo representa al personal sanitario dentro del centro de salud. El segundo módulo corresponde a la población externa. Ambos módulos se encuentran vinculados por un flujo de sujetos infectados desde la población externa hacia el centro de salud. Dentro del personal sanitario, los sujetos se dividen en tres grupos en relación a la infección por VHB: (1) susceptibles, (2) infectados y (3) recuperados o vacunados contra VHB. El modelo es explorado mediante simulaciones computacionales, en donde se representa la prevalencia en función del tiempo. El análisis de los resultados es cualitativo. Las simulaciones arrojan una curva de prevalencia asimétrica que alcanza un pico rápidamente, mientras que desciende con una pendiente menor. Además, el modelo predice un incremento del pico de prevalencia cuando aumentan el flujo de infectados externos o la tasa de infección, o cuando se reduce la proporción de vacunados. Los resultados obtenidos sugieren que el modelo desarrollado es representativo y sensible a parámetros que regulan la propagación de VHB dentro de poblaciones expuestas. Sin embargo, nuestro diseño es un esquema simplificado y presenta varias limitaciones. Por ejemplo, se asumió que el personal sanitario es una población homogénea y que el flujo de infectados desde el exterior es constante. En conclusión, se ha logrado desarrollar un esquema teórico que permitiría representar cualitativamente la dinámica de propagación de VHB y simular el efecto de medidas de control. Este desarrollo conceptual podría ser el cimiento para el diseño de modelos más complejos destinados al estudio de diseminación de enfermedades infectocontagiosas dentro de ámbitos sanitarios.

Palabras clave: modelo epidemiológico, VHB, centro de salud, personal de salud.

MC14	INFECCIONES INVASIVAS POR <i>Streptococcus pyogenes</i> EN CUIDADOS INTENSIVOS NEONATALES DE UN HOSPITAL PEDIÁTRICO DE SANTA FE.
------	---

HERGUI Brenda⁽¹⁾, **BORETTO Jesica**⁽¹⁾, **DEGIOVANNI Gabriel**⁽¹⁾, **ZURBRIGGEN Laura**⁽¹⁾, **ARO Carolina**⁽¹⁾, **GARCIA Florencia**⁽¹⁾.

(1) Sección Bacteriología del Hospital de Niños "Dr. Orlando Alassia". Santa Fe.
bremhergui@gmail.com

Streptococcus pyogenes, en niños, frecuentemente produce infecciones focales faringoamigdalares y cutáneas. Las formas invasivas son raras y mayormente están asociadas con lesiones de piel con enfermedades subyacentes; éstas pueden dividirse en: Síndrome de shock tóxico, fascitis necrosante y enfermedad invasora. Se presentan casos clínicos de neonatos con sepsis a *Streptococcus pyogenes*. Caso 1: Paciente de sexo femenino, nace a las 37.4 semanas por cesárea de urgencia por hemorragia. Embarazo controlado, con antecedente prenatal de malformación pulmonar derecha. Comienza con dificultad respiratoria con requerimiento de oxigenoterapia no invasiva durante 24 horas. Con 6 días de vida ingresa a nuestro hospital y a los 12 días se decide suspender pecho materno por dificultad respiratoria, se la coloca en asistencia respiratoria mecánica (ARM) en posición decúbito lateral derecho. A las 24 horas ingresa a quirófano para resección de lóbulo superior derecho. Se coloca tubo de drenaje. A los 7 días postquirúrgicos presenta regular aspecto general, irritabilidad, taquipnea y leve disnea subcostal. Hemograma y PCR alterados. Se solicitan hemocultivos y urocultivo. Se indica vancomicina/piperacilina-tazobactam. Neumotórax hipertensivo derecho, se coloca tubo de avenamiento pleural derecho. El pulmón no logra expandirse, reingresa a quirófano donde se constata dehiscencia de sutura pulmonar y se cierra la misma. Liberación de lóbulo medio pulmonar eliminando cápsula de fibrina, se envía biopsia y muestra de fibrina para cultivo. Tanto los hemocultivos como las muestras de biopsia y fibrina fueron positivos a *Streptococcus pyogenes*. Se rota esquema antibiótico a penicilina/clindamicina. 48 horas después se realiza cirugía exploratoria pulmonar y se toman hemocultivos de control. Alta médica a los 36 días de internación. CASO 2: Paciente de sexo femenino, nace por parto extrahospitalario. A los 26 días de vida ingresa al hospital con distrés respiratorio, rinorrea acuosa, saturando 93%. Carnet de vacunas completo. Sospecha de sepsis. Se coloca en incubadora con dieta cero, oxígeno por cánula nasal y se indica ampicilina/gentamicina. Presenta taquipnea, cianosis peribucal, semiología respiratoria que desmejora progresivamente, saturando 86-88%, sensorio alterado, se decide ingreso a ARM. Se solicitan hemocultivos y cultivo de LCR. Hemocultivos positivos a *Streptococcus pyogenes*. Se trata con ampicilina. Se sacan hemocultivos de control. A los 10 días post-tratamiento se da el alta. La enfermedad invasiva por *Streptococcus pyogenes* es excepcional en neonatos, con baja prevalencia de bacteriemia y una mortalidad cercana al 8%. El hemocultivo es considerado como el Gold-estándar para el diagnóstico de sepsis neonatal pero un resultado negativo, cuando existen factores de riesgo y datos clínicos, no descarta la infección. Penicilina sigue siendo el antimicrobiano de elección, aún en infecciones graves, pues actualmente no se reporta resistencia. Se recomienda adicionar clindamicina en los estadios iniciales de la infección grave ya que tiene la capacidad de reducir la producción de toxina estreptocócica, potenciar la fagocitosis y alcanzar elevada concentración tisular. Las infecciones por *Streptococcus pyogenes* aún afectan a recién nacidos, sobre todo en el ámbito comunitario, por lo que se sugiere tener en cuenta la posibilidad y particular gravedad de esta infección en el período neonatal.

Palabras claves: Sepsis, neonatología, *Streptococcus pyogenes*.

JUAREZ TEJEDA Samantha⁽¹⁾, GARGANTINI Pablo⁽²⁾, BERRUEZO Fabiana⁽¹⁾, BOTTIGLIERI Marina⁽¹⁾.

1 Universidad Católica de Córdoba, Clínica Universitaria Reina Fabiola, Servicio de Microbiología. Oncativo 1248, Córdoba, Argentina.

2 Universidad Católica de Córdoba, Clínica Universitaria Reina Fabiola, Servicio de Biología Molecular. Oncativo 1248, Córdoba, Argentina.

juareztejedasamantha@gmail.com

Mycoplasma genitalium es considerado un patógeno emergente de transmisión sexual desde el año 2015. Existe asociación con uretritis no gonocócica y no clamidial en hombres, y con cervicitis, enfermedad pélvica inflamatoria e infertilidad en mujeres. Este microorganismo carece de pared celular, es nutricionalmente exigente y de lento crecimiento dificultando así su cultivo de rutina. Los avances en las tecnologías de las pruebas de ácido nucleico han permitido una mejor detección para su diagnóstico. El objetivo de nuestro estudio fue determinar la frecuencia de *M. genitalium* en hombres y mujeres con síntomas compatibles con infección de transmisión sexual (ITS) que consultaron en los servicios de Urología y Ginecología en un centro médico polivalente de Córdoba. Se realizó un estudio observacional transversal en pacientes de 18 a 60 años de ambos sexos, mediante muestras clínicas de exudado endocervical en mujeres y exudado uretral u orina en hombres. Tiempo de muestreo: septiembre del 2021 a junio del 2022. Las muestras se analizaron mediante una qPCR múltiple utilizando un kit comercial GeneProof CT/NG/MG multiplex PCR Kit (GeneProof® a.s) que amplifica para *M. genitalium* una secuencia específica del gen ARN ribosómico 16S. Como resultado, se analizaron un total de 215 muestras, de las cuales 8 resultaron positivas para *M. genitalium* con una frecuencia global de 3,72%. En hombres fue del 7,27% (4/55) y en mujeres 2,5% (4/160). La media de edades fue de 31,2 y 27,0 años para hombres y mujeres respectivamente. Del total de casos positivos, en el sexo masculino los síntomas observados fueron secreción uretral 100%(4), disuria 75%(3) y dolor testicular 50%(2). El diagnóstico clínico fue uretritis en todos los casos. En mujeres fueron leucorrea 75%(3), dispareunia 50%(2) y disuria 25%(1). Los diagnósticos clínicos fueron cervicitis, dolor pélvico crónico, leucorrea a repetición y esterilidad. Ninguna presentó abortos espontáneos ni embarazo ectópico. Respecto a su comportamiento sexual, la edad promedio de inicio de relaciones sexuales fue de 17,8 años, todos tuvieron orientación heterosexual, el 37,5% (3) manifestó haber tenido múltiples parejas en el último año y el 75% (6) no utilizaba método anticonceptivo de barrera. Solo un hombre presentó coinfección con *Chlamydia trachomatis* y *Neisseria gonorrhoeae*. La frecuencia encontrada es similar a otros trabajos realizados en Argentina en donde el porcentaje de positividad para *M. genitalium* resultó 3,19% siendo más frecuente en hombres que en mujeres. Como conclusión, *M. genitalium* debe ser considerado un agente etiológico emergente de ITS. El subdiagnóstico y el establecimiento de terapias empíricas que no lo abarquen han generado en los últimos años reportes de fallas terapéuticas y aumento a nivel mundial de *M. genitalium* resistentes a los antimicrobianos empleados, produciendo enfermedades recurrentes y crónicas.

Palabras clave: *Mycoplasma genitalium*, Infecciones de transmisión sexual, Diagnóstico.

LAZZARINI LORENA ⁽¹⁾, ÁVILA CARLA ⁽²⁾, FUSHIMI FEDERICO ⁽¹⁾, CÁRDENAS MARÍA MARGARITA ⁽²⁾, CARBEL BELÉN ⁽¹⁾, KALTENBACH GERMÁN ⁽²⁾, PIERANGELI NORA ⁽¹⁾.

¹*Cátedra de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue.* ²*Servicio de Terapia Intensiva Pediátrica del Hospital Provincial Neuquén.* Mail: lazzalore@gmail.com

El botulismo del lactante (BL) es una enfermedad causada por colonización intestinal de *Clostridium botulinum* y producción de toxina. Afecta principalmente a lactantes alimentados a pecho de zonas rurales y/o periurbanas. Su severidad varía desde hipotonía leve hasta parálisis flácida súbita que puede requerir asistencia respiratoria mecánica (ARM) y conlleva riesgo de muerte. La tasa de incidencia en Argentina es 2,41 casos/100.000 nacidos vivos; Neuquén, La Pampa, San Luis, Mendoza y Río Negro son las provincias con mayor incidencia. La detección de toxinas en heces o suero mediante Bioensayo de Neutralización en Ratones (BNR) es el *gold estándar* diagnóstico. El tratamiento con antitoxina específica antes de los cinco días desde el inicio mejora los resultados. No hay trabajos que describan aspectos relevantes del diagnóstico y manejo clínico en nuestra región. El objetivo del trabajo es caracterizar la cohorte de pacientes con BL en el Servicio de Terapia Intensiva Pediátrica (STIP) del Hospital Provincial de Neuquén (HPN) en el período 2005-2020 y describir aspectos relacionados al diagnóstico, manejo y evolución clínica. Se realizó un estudio observacional, descriptivo, retrospectivo. Se identificaron los casos confirmados de BL en STIP-HPN entre 2005 y 2020. El diagnóstico se realizó en el Instituto Malbrán por detección de toxinas en heces y/o suero mediante BNR y neutralización con antitoxinas específicas. Las variables fueron: edad, sexo, días de demora hasta toma de muestras y días de demora hasta confirmación diagnóstica, días de ARM, días de ventilación no Invasiva (VNI), realización de traqueotomía, estadía hospitalaria, estadía en STIP y mortalidad. Se identificaron 21 pacientes con diagnóstico de BL internados en el servicio en el período. El 66,7 % fueron varones (n=14) con una mediana de edad de 5 meses (rango intercuartil (RIC) 2-6 meses). En todos los pacientes se aisló toxina A en materia fecal y en 12 pacientes (57%) se aisló también toxina en suero. Un solo paciente no requirió ARM ni VNI; cinco pacientes (24 %) recibieron VNI además de ARM por un tiempo medio de $6,6 \pm 1,52$ días. Un solo paciente (5%) fue traqueostomizado por estenosis subglótica. El 85 % (n=18) de los pacientes recibieron antibióticos. Ningún paciente recibió tratamiento específico con antitoxina. En nuestra serie no hubo fallecidos. La mediana de estadía hospitalaria, de internación en STIP y de permanencia en ARM fue 66 días (RIC 42-76), 48 días (RIC: 29-78) y 37 días (RIC 26-64) respectivamente. El tiempo medio transcurrido entre la fecha de internación y la confirmación diagnóstica fue $15,8 \pm 4,8$ días y entre el ingreso del paciente y el envío de muestras al laboratorio de referencia fue de $2,9 \pm 2,7$ días. El BL es una enfermedad endémica en Neuquén. En esta serie se presenta como un trastorno de baja mortalidad pero que conlleva períodos de internación y ARM prolongados, con alto porcentaje de pacientes que reciben antibióticos. El tiempo de demora en obtener confirmación diagnóstica es prolongado y excede el período de efectividad del tratamiento con antitoxina. Desarrollar estrategias diagnósticas alternativas permitiría administrar tratamiento específico oportuno reduciendo la morbimortalidad.

Palabras clave: Botulismo del lactante, cuidados intensivos pediátricos, asistencia ventilatoria mecánica, diagnóstico.

MANASSERO Norma C⁽¹⁾, SIAREZ Verónica⁽¹⁾, TORRES Carina⁽¹⁾, CASTRO Gonzalo⁽¹⁾, LÓPEZ Laura⁽²⁾, CHINEN Isabel⁽³⁾, MILIWEBSKY Elizabeth⁽³⁾, BORDA Mariel⁽¹⁾, GUIGNARD Susana⁽¹⁾, FRANCISSETTI Valeria⁽¹⁾

1 Laboratorio Central de la Provincia de Córdoba. 2 Área de Epidemiología de la Provincia de Córdoba, Ministerio de Salud. 3 Servicio Fisiopatogenia, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI) -ANLIS- "Dr. Carlos G. Malbrán".

bacteriolabcentral@gmail.com

En Argentina, el síndrome urémico hemolítico (SUH) es endémico y presenta la mayor incidencia a nivel mundial. *Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es el principal agente causal. El diagnóstico de laboratorio para establecer la asociación entre enfermedad e infección por STEC se basa en la detección de: 1) genes que codifican para las toxinas Shiga (Stx) mediante la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) en materia fecal (MF), 2) la toxina libre en MF y/o 3) anticuerpos serogrupo-específicos contra la cadena O del lipopolisacárido (LPS) de *E. coli*. Nuestros objetivos fueron evidenciar infección por STEC en pacientes con diagnóstico clínico de SUH mediante técnicas moleculares y serológicas y estudiar la portación de STEC en contactos convivientes. Durante el período enero 2020-julio 2022, se recibieron en el Laboratorio Central de la Provincia de Córdoba 69 muestras de MF/hisopado rectal (HR) y 66 sueros correspondientes a 72 casos de SUH y 173 muestras de MF de contactos, correspondientes a 55 casos. Las MF e HR se sembraron en medios McConkey-sorbitol y cromogénico. Los cultivos con desarrollo bacteriano se sometieron a extracción automatizada de ácidos nucleicos y luego a tamizaje por PCR Real Time para la detección de los genes *stx*₁, *stx*₂ y *rfb*_{O157}, según algoritmo vigente. Además, se realizó la caracterización genotípica del factor de virulencia *eae* de las cepas. Las muestras de suero se procesaron por la técnica de glico i-ELISA. De los 72 casos, 43 fueron varones (60%) y 29 mujeres (40%). El 92% correspondió a menores de 5 años (rango:3 meses-11 años). En 37 casos pudo establecerse infección por STEC mediante PCR (51%), en 52 por detección de anticuerpos (72%), y en 60 por la combinación de ambos criterios (83%). Se obtuvieron 13 aislamientos, 7 del serogrupo O157 (54%), 5 O145 (38%) y 1 O121 (8%). Se detectaron anticuerpos anti-LPS O157 en 33/66 casos, O145 en 16/60, y O121 en 2/63. En 35 contactos (20%) se detectó Stx en MF, y en 3 de ellos se aisló STEC. En 2 casos, se determinó por electroforesis de campo pulsado (PFGE) que las cepas STEC aisladas de la MF del paciente y del contacto tenían idénticos patrones de restricción (brotes familiares). En 3 casos SUH con criterios diagnósticos negativos, se detectó Stx en MF de sus contactos, todos sin aislamiento. Todas las cepas aisladas de casos y contactos portaban los genes *stx*₂ y *eae*. En nuestra provincia, el serogrupo STEC prevalente fue O157, seguido de O145 y O121, coincidente con los reportes nacionales. La detección de Stx en MF/HR por PCR combinada con la serología incrementó la performance diagnóstica, especialmente en casos con PCR negativa, sin desarrollo del cultivo o sin aislamiento bacteriano. Debido al impacto que tiene SUH en salud pública, por sus graves secuelas, su elevada incidencia y la posibilidad de brotes, resulta fundamental mantener la vigilancia e investigación de los casos y también de sus contactos, como potenciales fuentes de diseminación, para adoptar acciones sanitarias oportunas de prevención y control.

STEC – SUH – diagnóstico – portación asintomática

MANGOLD Camila⁽¹⁾, HERGUI Brenda⁽¹⁾, BORETTO Jesica⁽¹⁾, DEGIOVANNI Gabriela⁽¹⁾, ZURBRIGGEN Laura⁽¹⁾, ARO Carolina⁽¹⁾.

(1) Sección Bacteriología del Hospital de Niños "Dr. Orlando Alassia". Santa Fe
camimangold@gmail.com

La neumonía asociada a ventilación mecánica es de las infecciones nosocomiales más frecuentes y una de las principales causas de muerte en las unidades de cuidados intensivos. Los microorganismos (m.o.) causantes dependen principalmente de la presencia de enfermedad de base en el paciente, la necesidad previa de antibioticoterapia, de la microbiota propia de cada unidad y el tiempo transcurrido tras la intubación. Los objetivos fueron: determinar el total de muestras de secreción endotraqueal (SET) procesadas en el período enero 2019-marzo 2022, conocer el porcentaje de muestras de SET representativas de vías aéreas inferiores, analizar la prevalencia de los m.o. aislados y su perfil de resistencia. El estudio es de tipo retrospectivo, descriptivo, transversal. Se estudiaron SET de pacientes pediátricos internados (excepto pacientes con Fibrosis quística) en nuestro hospital, las cuales fueron sembradas en agar sangre, agar chocolate incubadas a 35°C en atmósfera con 5-10% de CO₂ y en CLDE a 35°C en aerobiosis durante 48 h; además se les realizaron extendidos para coloración de Gram, con el fin de evaluar la calidad de la muestra. La identificación y sensibilidad de los m.o. se realizó mediante método automatizado Vitek2C. En el período estudiado se procesaron 1552 SET, en el 97,6% se observó <10CEE/campo 100x y >25PMN/campo 100x en la coloración de Gram. Del total 285 resultaron positivos y sólo 29 fueron polimicrobianos. Los m.o. aislados fueron: *Pseudomonas aeruginosa* (91), *Staphylococcus aureus* (49), *Haemophilus influenzae* (40), *Stenotrophomonas maltophilia* (33), *Moraxella catharralis* (27), *Klebsiella pneumoniae* (12), *Elizabethkingea meningoseptica* (12), Complejo *Burkholderia cepacia* (8), *Streptococcus pneumoniae* (8), *Serratia marcescens* (8), *Acinetobacter baumannii* (6) y otros bacilos gram negativos (20). De los *S. aureus* el 53% presentó meticilino resistencia y el 31% MLSb inducible, de los aislamientos de *H. influenzae* 57% fueron B-lactamasa positivos, de las *K. pneumoniae* halladas 8% fueron productoras de BLEE y 33% de carbapenemasas tipo KPC. Casi la totalidad de las muestras fueron representativas de vías aéreas inferiores, lo que estaría indicando una correcta toma de muestra. Los m.o. más aislados fueron bacilos gram negativos de los cuales un bajo porcentaje presentó multirresistencia. De los cocos gram positivos el más frecuente fue *S. aureus*, predominando los meticilino resistentes. El diagnóstico microbiológico de las neumonías asociadas a ventilación en nuestro hospital se realiza por cultivo semicuantitativo del SET, éste tiene importantes limitaciones en sus resultados y presenta un bajo rendimiento (en el 40-60% de los casos no se aísla el agente causal) por la baja sensibilidad de los cultivos debida en parte, a la contaminación de las muestras del tracto respiratorio inferior con microbiota colonizante del tracto respiratorio superior. De cualquier manera, en la neumonía asociada a ventilación mecánica, la información microbiológica nos permite conocer la epidemiología local y es esencial ya que un tratamiento inicial adecuado conlleva a una disminución de la mortalidad.

Palabras claves: neumonía, pediatría, epidemiología.

MEDEOT Romina⁽¹⁾, ASATO soledad⁽¹⁾, FIOCCHETTI Daniel⁽¹⁾, CAPELLINI Natalia⁽¹⁾, CARRIZO Silvia⁽²⁾, VALENZUELA Emanuel⁽³⁾, ROMERO Federico⁽⁴⁾, GOVEDIC Francisco⁽⁴⁾, RIERA Fernando⁽⁴⁾, BERGALLO Carlos⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Servicio de bacteriología Sanatorio Allende Cerro. ⁽²⁾ Servicio de Micología Sanatorio Allende y Hospital Rawson. ⁽³⁾ Residente del Servicio de Infectología Sanatorio Allende. ⁽⁴⁾ Servicio de infectología Sanatorio Allende. rominapmedeot@gmail.com

Introducción: La criptococosis, infección micótica oportunist, causada por hongo saprofito del medio ambiente complejo *Cryptococcus neoformans* / *Gatti C. neoformans* puede encontrarse en excrementos de palomas e ingresa al organismo por inhalación de levaduras y basidiosporas. En pulmones la primo infección es generalmente asintomática, pero en huéspedes susceptibles puede diseminarse, con predilección por sistema nervioso central presentando meningoencefalitis, con características particulares en pacientes con SIDA CD4 < 100cel / μ L. A diferencia del cuadro clínico clásico, es menos agudo, con cefalea, fiebre y examen físico no muy característico. Objetivo: Presentación de caso clínico en paciente HIV con Criptococosis diseminada. Paciente masculino 33 años, HIV diagnosticado en 2017, sin adherencia al tratamiento. Consulta en guardia médica por presentar disnea, tos, expectoración, cefalea de 5 días de evolución con inicio paulatino y predominio occipital, náuseas, vómitos, afebril y estable hemodinamicamente, con dos dosis de vacunas para covid. Exámenes realizados: Ag Covid (+), GB 5300 mil/mm³, PCR 2.64mg/dL, plaquetas 39.000mil/mm³, CD4:8 cel / μ L, CV 630.000 copias. Lucido, sin signos de foco motor, leve rigidez de nuca y no presenta fotofobia. Se interna con diagnóstico de neumonía atípica y corioretinitis por citomegalovirus y se inicia tratamiento antirretroviral. La tomografía de tórax refiere infiltrado pulmonar bilateral, predominio en zonas centrales, sin focos claros consolidativos y sin derrame pleural. En cerebro no se observan imágenes ocupantes de espacio, no se evidencia signos de sangrado intracraneal. Ante la presencia de síndrome neurológico agudo se solicita punción lumbar. Se realiza Ag de *C. neoformans* con resultado positivo, confirmado mediante la presencia de levaduras capsuladas en examen directo con tinta china. Aisladas, además en hemocultivos luego de 72 horas de incubación. El examen físico químico presenta aspecto cristal de roca, límpido, recuento de leucocitos 3 mm³, PT 0.48 g/L, glucosa 71.9 mg/dL y ácido láctico 7.28mmol/L. Antifungigrama: Anfotericina B \leq 0.25 mg/mL. Tratamiento establecido: ceftriaxona, trimetoprima-sulfametoxazol, anfotericinaliposomal, fluconazol, ganciclovir y antiretrovirales. Se solicitó punción de médula ósea ante la desmejoría, la cual también tuvo aislamiento de *C. neoformans*. Tras 7 días de internación, presenta shock séptico, acidosis metabólica y óbito.

Discusión: En pacientes HIV el LCR puede tener recuento leucocitario normal, sin presencia de hipogluorraquia o hiperproteorraquia, a diferencia de pacientes inmunocompetentes. Conclusión: El presente caso clínico puede evidenciar avanzado estado de inmunosupresión del paciente, alta carga viral, bajo recuento de linfocitos CD4, plaquetopenia y patología secundaria a covid como neumonía. Estos hallazgos demuestran que es válida la sugerencia de concomitancia criptococosis meníngea - VIH, en pacientes con cefalea continua en ausencia de otros signos, para su confirmación microbiológica rápida, precoz tratamiento antifúngico y evolución clínica.

Palabras claves: HIV, *Cryptococcus neoformans*, LCR

MENDOSA María Alejandra, LORENZ Rosana, CRISTÓBAL Sabrina, MANIAS Valeria, BARTALINI Laura, RACIG Sabrina, MACAGNO Daniela, PERETTI Silvia, NARDÍN María
Sección Microbiología, Hospital "José María Cullen", Av. Freyre 2150, 3000 Santa Fe.
microcullen@gmail.com

Las bacterias del género *Nocardia* spp. pueden producir abscesos cerebrales. Estos resultan difíciles de diagnosticar porque suelen confundirse con tumores. Se considera una enfermedad severa, presentando mortalidad global de hasta el 20%.

La diseminación por vía hemática desde un foco primario pulmonar puede afectar cualquier órgano, impactando más frecuentemente en cerebro y puede formar abscesos o granulomas, únicos o múltiples, observándose generalmente en pacientes inmunocomprometidos.

Presentamos el caso de un paciente inmunocompetente que desarrolló abscesos cerebrales por *Nocardia farcinica*, sin presentar puerta de entrada evidente que justifique las lesiones encefálicas.

Paciente masculino de 52 años, residente de Humberto Primo (Pcia. de Santa Fe), metalúrgico, inmunocompetente, tabaquista. Consultó en otra institución por cefalea de 3 meses de evolución y trastornos visuales en ojo izquierdo. Fue derivado a nuestro hospital por presentar en RMN 2 lesiones nodulares en cerebro, en región frontal derecha y occipital izquierda. Al ingreso no se encontraron lesiones de piel ni de vías respiratorias. El examen neurológico arrojó hemianopsia homónima derecha, hipoacusia derecha y alteración de la memoria. Se solicitaron estudios de laboratorio y ecocardiograma transesofágico (sin alteraciones). Los hemocultivos y el BAL resultaron negativos. Al 8° día de internación presentó dos registros febriles. Se solicitaron tres muestras de hemocultivo e inició tratamiento empírico con piperacilina-tazobactama.

Se decidió drenar los abscesos, extrayéndose material purulento que fue enviado al laboratorio de microbiología. En la coloración de Gram, se observaron bacilos ramificados, confirmados luego como ácido-resistentes con la coloración de Kinyoun. En el cultivo desarrolló *Nocardia* spp. Al 7° día de incubación se obtuvo el mismo desarrollo en una de tres muestras de hemocultivo. Se remitió la cepa al Servicio de Bacteriología Especial del INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbran" donde se confirmó por espectrometría de masas MALDI-TOF (Microflex, Bruker) como *Nocardia farcinica*. Se estudió sensibilidad antibiótica por método epsilométrico (E-test, documento EAS 022) resultando sensible a AKN (CIM 0,75 ug/ml), TMS (CIM 0,25 ug/ml), IMN (1 ug/ml) y CIP (CIM 0,38 ug/ml).

Se inició tratamiento con MER, TMS y AKN. Al 10° día, se realizó nuevo drenaje quirúrgico y se cambió la terapia antibiótica a AKN, IMN y CIP. Actualmente el paciente continúa afebril, lúcido, sin cefalea y buen estado general.

Nocardia tiene especial afinidad por SNC; pero la enfermedad cerebral primaria es rara. La clínica es insidiosa, el síntoma más común es cefalea y según la localización del absceso, puede presentar sintomatología neurológica.

En este caso no se encontró foco primario que justifique las lesiones en SNC. El tratamiento de abscesos cerebrales por *Nocardia* spp. incluye terapia antibiótica adecuada y extirpación de las lesiones por biopsia y/o aspiración. El diagnóstico de certeza de nocardiosis cerebral requiere aislamiento, identificación correcta y estudio de sensibilidad del microorganismo en una muestra biológica adecuada.

Palabras clave: Absceso cerebral, *Nocardia farcinica*, bacteriemia

MC21

COMAMONAS KERSTERSII: UN RARO PATÓGENO ABDOMINAL. EXPERIENCIA DE DOS CASOS CLINICOS EN UN HOSPITAL DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES.

MIGUEL, Candela Soledad ^(1,2), **BAROLI, Melina Isabel** ^(1,3), **STARK, Sonia** ⁽¹⁾, **CUEVAS, Fernanda** ⁽¹⁾, **PINO, Paula** ⁽¹⁾, **ESTADELLA, Mara** ⁽¹⁾, **PIANA, Erica** ⁽¹⁾

(1) Hospital Zonal General de Agudos "Dr. Alberto Edgardo Balestrini"- La Matanza-Provincia de Buenos Aires (2) Cátedra de Microbiología- Facultad de Farmacia y Bioquímica- UBA. (3) Sanatorio Finochietto-CABA. kne21882@yahoo.com.ar

Introducción: *Comamonas kerstersii* es un Bacilo Gram negativo (BGN) principalmente de origen ambiental, móvil, no fermentador de glucosa, oxidasa positiva, que reduce los nitratos a nitritos y de buen crecimiento en los medios convencionales de los laboratorios de Microbiología. Es un inusual patógeno de buena sensibilidad antimicrobiana que, si bien desarrolla de manera no fastidiosa, no puede identificarse a nivel de especie mediante métodos convencionales de pruebas bioquímicas manuales ni tampoco metodologías fenotípicas automatizadas como Vitek 2C (BioMérieux), ya que éste último no lo posee en su base de datos y lo reporta como *Comamonas testosteroni*. *C. kerstersii*, causa mayoritariamente afecciones intraabdominales siendo muy bajos los reportes en términos generales a nivel mundial y nacional y en las muestras suele estar acompañado de otros gérmenes. La evolución de los pacientes es, a menudo, favorable. Objetivo: Describir los casos clínicos de infección abdominal por *C. kerstersii* en dos pacientes jóvenes, sanos, ambulatorios, cuyo diagnóstico de ingreso fue apendicitis gangrenosa, uno de los cuales cursó con peritonitis, obtenidos en nuestro hospital en el transcurso de ocho meses. Ambos tuvieron buena evolución. Resultados: Se detectaron en los meses de octubre de 2021 y julio de 2022, dos casos de infección abdominal causados por una bacteria infrecuente, *C. kerstersii*. El desarrollo en medios de cultivo convencionales y la identificación automatizada mediante VITEK 2C (BioMérieux) indicaron que se trataba de *C. testosteroni*. Siendo que los hallazgos descriptos indican una mayor relevancia de *C. kerstersii* en este tipo de muestras (líquido abdominal) y sabiendo que la identificación final se realiza mediante Matrix Assisted Laser Desorption Ionization- Time Of Flight (MALDITOF), derivamos el aislado al Instituto Malbrán donde mediante esta técnica se confirmó que el germen presente era éste último. Conclusión: Presentamos nuestros dos casos clínicos debido a que nos resultaron relevantes hallazgos siendo que, si bien nos fueron concordantes con el diagnóstico inicial de los pacientes, se trata de un microorganismo no habitualmente detectado y, en nuestro caso, ocurrido en dos ocasiones en un período corto de tiempo.

Palabras clave: *Comamonas*, *Comamonas kerstersii*, apendicitis gangrenosa, patógenos inusuales, MALDITOF.

MC22

COINFECCIÓN Y SOBREINFECCIÓN BACTERIANA EN PACIENTES CON NEUMONÍA POR COVID-19 EN EL NUEVO HOSPITAL SAN ROQUE DE CÓRDOBA (2020).

MOLINA, Ana Paula; MUÑOZ, Verónica Laura; OLOCCO, Cecilia; VACAFLOR, Liliana; PERALTA, Nora; GERVÁN, Natalia.

Servicio de Microbiología del Nuevo Hospital San Roque - Córdoba, Argentina.
anamolina027@gmail.com

La enfermedad COVID-19 ha provocado que un gran número de pacientes ingresados en unidades de cuidados intensivos presenten riesgo de adquirir infecciones bacterianas secundarias.

Describir la coinfección/sobreinfección bacteriana y el patrón de sensibilidad antimicrobiana en pacientes con COVID-19 en la Unidad de Terapia Intensiva del Nuevo Hospital San Roque de Córdoba, Argentina.

Estudio retrospectivo, descriptivo y observacional de pacientes mayores de 18 años de edad, ingresados en la Unidad de Terapia Intensiva con COVID-19 desde marzo a diciembre de 2020.

Se incluyeron 44 pacientes; el 5% (n=2) y 73% (n=32) presentaron coinfección y sobreinfección bacteriana, respectivamente. El 89% (n=39) se encontraban ventilados mecánicamente, con promedio de duración de la internación de 32,2 días. El 50% de los pacientes falleció. El 61% (n=27) fueron hombres, la mediana de edad global fue 56 años, y las comorbilidades más frecuentes fueron hipertensión arterial (n=17, 39%), diabetes mellitus (n=10, 23%), inmunosupresión (n=7, 16%), obesidad (n=5, 11%) y enfermedad pulmonar obstructiva crónica (n=5, 11%). De los cultivos microbiológicos de muestras respiratorias, se aislaron principalmente *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* y *Pseudomonas aeruginosa*. *Klebsiella pneumoniae* presentó una sensibilidad elevada para colistín, fosfomicina, ceftazidima/avibactam y ampicilina. Se observó un 61% (n=14) de *Klebsiella pneumoniae* productoras de carbapenemasas KPC. *Acinetobacter baumannii* mostró mayor sensibilidad para colistín, tobramicina y ampicilina, mientras que *Pseudomonas aeruginosa* a ampicilina, gentamicina, ciprofloxacina y colistín.

Existe una alta prevalencia de sobre infecciones bacterianas en pacientes con COVID-19 que requieren hospitalización, principalmente en aquellos con comorbilidades específicas, complicaciones, estancia prolongada y ventilación mecánica.

Palabras claves: COVID-19; SARS-CoV-2; coinfección; sobreinfección; patrón de susceptibilidad a los antimicrobianos.

**PAIRA Daniela Andrea⁽¹⁾, OLIVERA Carolina⁽¹⁾, TISSERA Andrea⁽²⁾, OLMEDO José⁽³⁾,
MOLINA Rosa⁽²⁾, SAKA Héctor Alex⁽¹⁾, MOTRICH Rubén Darío⁽¹⁾.**

⁽¹⁾CIBICI-CONICET, Departamento de Bioquímica Clínica, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba.⁽²⁾Laboratorio de Andrología y Reproducción (LAR), Córdoba.⁽³⁾Fundación Urológica Córdoba para la Docencia e Investigación Médica (FUCDIM), Córdoba.

dpaira.cibici@gmail.com

Chlamydia trachomatis (CT) es la infección bacteriana de transmisión sexual más prevalente a nivel mundial. Es una bacteria intracelular obligada, Gram-negativa. Si bien la terapia antimicrobiana específica es muy efectiva, esta bacteria causa una elevada tasa de infecciones asintomáticas ocasionando que los pacientes no busquen tratamiento y constituyan focos de diseminación de esta. El linfogranuloma venéreo (LGV) es causado por CT de los genotipos L1, L2 y L3. Hasta 2017, no se habían registrado casos confirmados de LGV en Argentina. Desde septiembre de 2017 hasta julio de 2018, se reportaron 33 casos de infección por CT biovar LGV, que correspondieron a pacientes masculinos, que refirieron haber mantenido relaciones sexuales con hombres, el 90% de ellos VIH positivos, y presentando manifestaciones clínicas variadas (úlceras perianales, proctitis, secreción). El presente trabajo constituye el reporte de un caso clínico de un paciente masculino de 36 años, heterosexual, HIV negativo, que se presenta a la consulta en agosto de 2018 refiriendo síntomas de epididimitis de más de 6 meses de evolución, con un aumento de tamaño del cordón testicular derecho y dolor intenso a la palpación, aumento de tamaño de los testículos e hidrocele. Se obtiene una muestra de semen por masturbación y se realiza espermograma completo y detección de uropatógenos por cultivo y PCR. Los resultados revelan oligoastenoteratozoospermias inleucocitospermias. Se detecta la infección por CT mediante amplificación del gen *ompA* y del plásmido críptico. El espermocultivo reveló ausencia de co-infección con gérmenes comunes (*E. coli*, *Enterococcus faecalis*, etc.). Asimismo, se obtuvieron resultados negativos en la detección por PCR de HPV, *Ureaplasma urealyticum*, *Mycoplasma hominis*, *Mycoplasma genitalium*, HSV tipos 1 y 2, *Trichomonas vaginalis*, *Treponema pallidum* y *Neisseria gonorrhoeae*. Ante la infección con CT, se continuó con el secuenciamiento del gen *ompA*, determinándose que correspondía al genotipo L2; y se realizó el análisis epidemiológico molecular por MLST Uppsala (secuenciando genes *HctB*, *CT046*, *CT144*, *CT172* y *PbpB*) revelando que pertenecía al ST 144. Llamativamente, el paciente no presentaba linfadenopatías externas. Luego del diagnóstico de infección por CT, el paciente recibió tratamiento con doxiciclina 100 mg/12h durante 7 días, y la clínica remitió paulatinamente hasta su resolución. Luego de 2 meses, se obtuvo una nueva muestra de semen cuyo análisis arrojó resultados negativos para CT, al igual que para el resto de los uropatógenos estudiados. Desde el punto de vista epidemiológico, sería el primer reporte de detección de CT LGV-L2 en Argentina, en un paciente masculino, heterosexual, HIV negativo, con sintomatología clínica de epididimitis crónica, constituyendo valiosa información epidemiológica con significativo impacto en salud pública.

Palabras clave: *Chlamydia trachomatis*, LGV, epididimitis, caso clínico.

PEREZ Florencia^(1,2), **SEGOVIA Glenda**⁽³⁾, **ALVAREZ Claudia**⁽³⁾, **ZUBRIGGEN María Laura**⁽³⁾, **CRISTOBAL Sabrina**⁽³⁾, **MENDOSA María Alejandra**⁽³⁾, **MÉNDEZ Emilce**⁽³⁾.

1Alkemy Diagnóstico. 2 Alumna Maestría Microbiología Molecular – (ANLIS-UNSAM). 3 Bacteriología Clínica – FCB (UNL)
bioq.perezflorencia@gmail.com

Las infecciones de transmisión sexual (ITS) crecieron en los últimos años, siendo *Mycoplasma genitalium* (MG) un patógeno emergente. Esta infección en ambos sexos puede ser asintomática, producir alteraciones en el aparato reproductor y rara vez complicaciones. En hombres está fuertemente asociado con uretritis no gonocócica y uretritis no gonocócica no chlamidial. En mujeres se asoció significativamente con un mayor riesgo de cervicitis, enfermedad pélvica inflamatoria, endometritis, parto prematuro, abortos espontáneos e infertilidad. La prevalencia de esta infección tanto en hombres como en mujeres en la población general oscila entre 1 – 2 %, aunque este valor varía mucho en comparación con aquellos países que cuentan con una mejor tecnología para la detección de este patógeno. Una preocupante situación es la emergencia de resistencia a los antimicrobianos ya que compromete la efectividad del tratamiento y el control de las ITS. El objetivo de este estudio fue poner a punto la técnica de PCR para la detección de *Mycoplasma genitalium*. Se recolectaron 201 muestras de pacientes (7exudados uretrales masculinos y 194exudados endocervicales) que concurren al Laboratorio Alkemy Diagnóstico, en la ciudad de Santa Fe, durante el período setiembre 2021 a junio 2022 y se procesaron en el laboratorio de Bacteriología Clínica –FCB (UNL). La detección de *Mycoplasma genitalium* se realizó a través de la amplificación del gen *mgpB* que codifica para la proteína de adhesión MgPay se verificó la ausencia de inhibidores de PCR mediante la amplificación del gen que codifica la β -actina. De las 201 muestras analizadas, se detectó la presencia de *Mycoplasma genitalium* en 6 muestras, dando como resultado una prevalencia global de 2,99%. Las pacientes cuyos resultados fueron positivos, mostraron alteraciones en el cuello de útero al examen ginecológico; los resultados del PAP estuvieron alterados y el principal síntoma asociado fue dolor pélvico. Otras estuvieron relacionadas a estudios de fertilidad. El único hombre cuya muestra dio un positiva, refirió dolor uretral. Estos resultados coinciden con algunas de las bibliografías internacionales, siendo superior a la comunicada por otros autores. Se concluye que se debe dar importancia a la búsqueda de este patógeno frente a casos de infertilidad, alteraciones macroscópicas del cuello de útero, dolor pélvico y dolor uretral masculino.

Mycoplasma genitalium, infección de transmisión sexual, PCR

MC25

DETECCIÓN DE AGENTES CAUSALES DE INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL: BENEFICIOS DE INCORPORAR TÉCNICAS DE BIOLOGÍA MOLECULAR EN LA RUTINA DIAGNÓSTICA.

SALIDO Jimena^{1,2}, GOMEZ Paula¹, VANNINI MaríaVerónica¹, ALE Carolina¹, ORDOÑEZ Agustina¹, GALVAN Luciana¹, PEREYRA Roxana¹, DANTUR Yanina¹, FLORES Daniel¹.

¹ Laboratorio Flores SRL, Monteagudo 785, San Miguel de Tucumán. ²Cátedra de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Tucumán. jimenasalido@labflores.com.ar

En los últimos años se ha registrado un incremento en los casos de infecciones de transmisión sexual (ITS), principalmente entre jóvenes. Si bien las consecuencias de las ITS no tratadas pueden ser graves, muchas se pueden prevenir realizando pruebas de detección adecuadas. Los microorganismos más frecuentes asociados a ITS (*Chlamydia trachomatis/Ct*, *Neisseria gonorrhoeae/Ng*, *Mycoplasma hominis/Mh*, *Mycoplasma genitalium/Mg*, *Ureaplasma urealyticum/Uu* y *Trichomonas vaginalis/Tv*) son, muchas veces, de difícil diagnóstico. Los métodos tradicionales para su estudio presentan desventajas, como una menor sensibilidad. En este contexto, la incorporación de técnicas moleculares puede ser muy beneficiosa. Nos propusimos evaluar el rendimiento de técnicas de biología molecular (Real-Time PCR) con respecto a técnicas convencionales para el diagnóstico de microorganismos causantes de ITS (*Ct*, *Ng*, *Uu*, *Mh*, *Mg* y *Tv*) en un laboratorio de análisis clínicos de la ciudad de San Miguel de Tucumán. Para ello, se procesaron 28 muestras de hisopado endo/exocervical de pacientes sospechosas de ITS para la investigación, tanto mediante técnicas convencionales utilizadas en el laboratorio (cromatografía para *Ct*, métodos colorimétricos para *Ureaplasma sp* y *Mycoplasma sp*; microscopía óptica y cultivo para *Ng* y microscopía óptica para *Tv*), como por biología molecular (Real-time PCR, SolGent Molecular Diagnostics), paralelamente. De las muestras evaluadas, 16 resultaron negativas para los seis patógenos estudiados y dos fueron coincidentes por ambos métodos (convencional y RT-PCR). Diez de las 28 muestras analizadas (35,7%) fueron detectadas como positivas por RT-PCR pero negativas por técnicas convencionales: tres para *Mh*, dos para *Mg*, una para *Ct* y cuatro coinfecciones (*Uu/Tv - Ct/Ng - Ct/Mh - Ct/Uu*). De las muestras estudiadas un 35,7% fueron diagnosticadas como negativas por los métodos convencionales utilizados, cuando en realidad eran positivas. Este hecho refleja la menor sensibilidad que poseen estas metodologías, así como el impacto que una baja carga microbiana puede tener en el diagnóstico de las mismas. Muchos de los patógenos responsables de ITS, como *Ct* y *Mycoplasma*, son agentes no cultivables o de difícil aislamiento. Además, tanto la toma de muestra como el uso de antibióticos o tópicos de uso local, influyen en gran medida en los resultados. Estos aspectos podrían subsanarse mediante la implementación de técnicas de biología molecular, que cuentan entre sus ventajas intrínsecas con una gran sensibilidad y especificidad, precinden de microorganismos viables y proveen resultados con rapidez; permitiendo un diagnóstico precoz y certero. Esto último, impacta positivamente en la evolución del paciente en sí, así como en la prevención de la transmisión y diseminación de este tipo de patologías. De lo planteado, resalta la necesidad de sumar al diagnóstico convencional, técnicas de biología molecular en el estudio de estas patologías. Muchos laboratorios, gracias a la pandemia de SARS-CoV-2, han incorporado la tecnología necesaria para desarrollar estas técnicas. Es así que sólo resta ponerlas al servicio de la comunidad médica, mediante difusión y capacitación, logrando de esta forma que se solicite la búsqueda de los mencionados patógenos por biología molecular de manera rutinaria.

ITS, Biología Molecular, Diagnóstico.

Saúl Clara⁽¹⁾, Bucciarelli Ricardo⁽¹⁾, Suliá Laura⁽¹⁾, Salinas Daniel⁽¹⁾

1 Hospital Alexander Fleming. Mendoza. Argentina clarysweet@gmail.com

El Panel FilmArray™ Gastrointestinal (GI) es un sistema automatizado de PCR multiplex que extrae, amplifica y detecta ácidos nucleicos permitiendo la identificación rápida y precisa de un amplio rango de patógenos gastrointestinales, incluyendo virus, bacterias y parásitos que causan diarrea infecciosa. Esta patología es la segunda causa de morbi mortalidad entre los lactantes y niños. A pesar de que la mayoría son autolimitadas, algunos casos resultan en secuelas como el caso de SUH en infección por STEC, síndrome de Guillan Barre seguido de una infección por *Campylobacter jejuni*, síndrome de malabsorción por EAEC o *Cryptosporidium*. El objeto de este trabajo es realizar la evaluación retrospectiva de los resultados obtenidos con el panel Filmarray GI en muestras de materia fecal de pacientes con diagnóstico de diarrea en las cuales no se identificó patógeno por los métodos microbiológicos e inmunocromatográficos de que disponemos en nuestro laboratorio. Se estudiaron los registros de 131 muestras procesadas en el Área de Microbiología de un hospital pediátrico, sin hallazgos por métodos convencionales, a los cuales se les realizó panel Filmarray™ GI (BioemerieuxBioFireDiagnostic LCC). Se obtuvieron 93 (70,9 %) resultados positivos con el panel. Se detectó un enteropatógeno en 54 casos (58,1 %), dos en 22 (23,6 %), y tres o más en 17 (18,3 %). La bacteria más frecuentemente detectada fue *Campylobacter sp.* (37/93, 39,7 %). El patógeno viral más frecuente fue Norovirus, (8/93, 8,6 %), seguido por Sapovirus (6/93, 6,4 %). El parásito *Giardia lamblia* fue detectado en 4 muestras (4,3 %). El grupo de las *Escherichia coli* diarreogénica (ECD) fue detectada en 54 muestras (58,1 %), en 19/54 (35,2 %) como único patógeno y en 35/54 (64.8 %) junto a otro patógeno. La frecuencia de los serotipos de ECD fue: EPEC 25/54 (46,2 %), EAEC 21/54 (38 %); EIEC 14/54 (25,9 %); STEC 11/54 (20,4 %); *E.coli* O157 8/54 (14,8 %) y ETEC 5/54 (9,2 %). Pudimos observar un importante número de diarreas producidas por *Campylobacter sp.*, STEC, *E. coli* O 157, y virus como Norovirus y Sapovirus, en muestras sin resultados por métodos convencionales. Se ha descrito la importancia de la ECD como causante de diarreas en niños por lo que la disponibilidad de estos paneles multiplex nos ha permitido su pronta identificación y comunicación a los pediatras. Se concluye que la implementación del panel Filmarray GI en nuestra institución permitió incrementar la identificación de enteropatógenos para los cuales no disponemos de técnicas diagnósticas y de esta manera aportar al conocimiento etiológico de la diarrea infantil, colaborando con el profesional médico en el tratamiento adecuado y oportuno de los pacientes.

Palabras claves: FilmArray; diarreas; pediatría

SEGOVIA Glenda⁽¹⁾, ALVAREZ Claudia⁽¹⁾, CRISTOBAL Sabrina^(1,2), ZUBRIGGEN María Laura⁽¹⁾, ROLDAN Liliana⁽³⁾, BARONI María Rosa⁽¹⁾, MENDOSA María Alejandra^(1,2), MENDEZ Emilce⁽¹⁾

1 Bacteriología Clínica – FBCB (UNL). 2 Sección Microbiología-Laboratorio Central-Hospital J.M.Cullen- Santa Fe. 3 Instituto Médico de la Mujer-Santa Fe.

gsegovia@fcb.unl.edu.ar

Las infecciones de transmisión sexual (ITS) constituyen un tema de permanente actualidad y es importante revisar sus aspectos epidemiológicos actuales, así como los factores que favorecen su difusión y las pautas generales para su prevención y control. *Chlamydia trachomatis* (CT) es un importante agente etiológico causante de ITS y se asocia con complicaciones como cervicitis, dispareunia, dolor pelviano, embarazo ectópico, prostatitis en el hombre y hasta infertilidad en ambos sexos. En Argentina, los estudios sobre poblaciones susceptibles son escasos y los valores de prevalencia de infección por CT informados oscilan entre 6% y 9% dependiendo del número de muestras estudiadas. Aproximadamente el 75% de las mujeres y el 50% de los hombres son asintomáticos. La mayor incidencia se presenta en jóvenes con patrones de comportamiento sexual de alto riesgo; por lo que se ha recomendado el diagnóstico precoz de la infección para prevenir sus complicaciones. El objetivo fue determinar la prevalencia de CT en muestras derivadas al laboratorio de Bacteriología Clínica-FBCB (UNL) que ofrece un servicio a laboratorios de centros de salud de la región centro-norte. Se estudiaron 850 muestras de exudados genitales (834 mujeres y 16 hombres) durante el período enero 2017 a junio 2022. La investigación de CT se realizó mediante la técnica de PCR del plásmido críptico. Se verificó la ausencia de inhibidores de PCR mediante la amplificación del gen de la β -actina. De las 850 muestras analizadas, se detectó la presencia de CT en 90 de estas, dando como resultado una prevalencia global de 10,6%. De las muestras positivas; 88 provenían de mujeres y 2 de hombres. En las mujeres cuyos resultados fueron positivos, se observó inflamación y sangrado del cuello del útero al examen ginecológico; leucorrea, dispareunia y resultados de vaginitis y vaginosis bacteriana en el estudio microbiológico. Algunos estudios fueron solicitados por infertilidad. Respecto a las muestras masculinas, un paciente presentó secreción purulenta y el otro fue control post tratamiento de pareja positiva. Se concluye que la búsqueda de este patógeno mediante la técnica de PCR, eficaz y segura, contribuye a un buen diagnóstico a fin de evitar complicaciones futuras.

Chlamydia trachomatis-Infección de transmisión sexual-PCR-Prevalencia

MC28

CARACTERIZACIÓN DE AISLAMIENTOS HUMANOS DE *LEPTOSPIRA INTERROGANS* CAUSANTES DE SÍNDROME HEMORRÁGICO PULMONAR POR LEPTOSPIROSIS.

SIGNORELLI NUÑEZ, GEORGINA¹; CHIANI, YOSENA²; LANDOLT, NOELIA², JACOB, PAULINA²; SCHMELING, MARIA FERNANDA²; MARGENET, LETICIA²; SANTANGELO, M. DE LA PAZ¹; CAIMI, KARINA¹

¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO, INTA-CONICET) Castelar, Buenos Aires, Argentina. 2. INER, SANTA FE, ARGENTINA caimi.karina@inta.gob.ar

La leptospirosis es una zoonosis reemergente extendida mundialmente causada por bacterias pertenecientes al género *Leptospira*. La enfermedad puede ser contraída tanto a través del contacto directo con animales infectados o indirectamente por el contacto con ambientes contaminados, donde la principal vía de transmisión es el agua. En el humano abarca un amplio rango de síntomas no específicos como fiebre, mialgia y cefalea sin signos específicos produciendo desde una infección subclínica a un síndrome severo con hemorragias y fallas en distintos órganos principalmente riñón, lo que se conoce como Síndrome de Weil. En los últimos años se observó tanto a nivel local como internacional, la aparición más frecuente de formas severas de la enfermedad como el síndrome de hemorragia pulmonar severo (SHPS) que suele confundirse clínicamente con una neumonitis viral y que posee una tasa de mortalidad mayor al 50%. Por esta razón el objetivo de este trabajo fue la caracterización molecular de 3 cepas de *Leptospira interrogans* productoras de SHPS. Los aislamientos se lograron a partir de muestras de suero de pacientes pertenecientes a las provincias de Santa Fe y Entre Ríos. En los tres casos los pacientes presentaron diagnóstico comprobado de Leptospirosis con desenlace fatal. La caracterización serológica indicó que pertenecen a serovariedades que circulan generalmente en el humano, Canicola, Icterohaemorrhagiae y Pomona. La tipificación molecular por Multilocus Sequence Typing (MLST) indicó que las cepas pertenecen a genotipos de circulación mayoritaria en Argentina: ST3, ST47 y ST52 respectivamente. Estos genotipos están íntimamente relacionados con los serogrupos mencionados. La tasa de crecimiento en cultivo de las cepas fue mayor respecto de la cepa de referencia alcanzando la fase exponencial entre los 7 y 15 días de cultivo mientras que la cepa de referencia lo hace a partir del día 16. Asimismo, las cepas mostraron una morfología diferencial al microscopio de fluorescencia que fue comprobada por microscopía electrónica de transmisión, siendo estas de mayor tamaño que la morfología observada en la cepa de referencia. Por otro lado, las cepas fueron inoculadas en el modelo de hámster a fin de recuperar su virulencia. Las tres cepas presentaron diferente grado de virulencia respecto al control, por lo que la eutanasia de los animales se produjo a diferentes tiempos post infección. El análisis macroscópico permitió observar micro-hemorragias en el pulmón pudiéndose recuperar una de las cepas a partir de dicho órganos y no así de orina. Estos resultados indican que, si bien las cepas pertenecen a serogrupos y genotipos de circulación habitual en Argentina, presentan un grado de virulencia mayor lo que podría ser la razón de la presentación clínica observada en los pacientes, siendo necesario profundizar en el conocimiento de las mismas a fin de identificar posibles blancos de diagnóstico diferencial.

SOTELO, Ailin A.⁽¹⁾, **DELUCA, Gerardo D.**⁽²⁾⁽³⁾

1. *Instituto de Medicina Regional. Universidad Nacional del Nordeste.*
2. *Cátedra de Microbiología. Facultad de Medicina. Universidad Nacional del Nordeste.*
3. *Centro de Estudios Moleculares. Resistencia-Chaco.*

Mail: ailin.angelina.sotelo@gmail.com

El cáncer de cabeza y cuello representa el 5º tipo de cáncer más frecuente en población general y se estima que el alrededor del 72% de los nuevos casos son VPH (Virus Papiloma Humano) positivos. Si bien la epidemiología de la infección por VPH ha sido estudiada en el pasado por su conocida relación con el cáncer cervical, aún restan estudios que permitan elucidar el rol de este virus en cavidad oral. El objetivo del presente estudio es aportar, por primera vez en Argentina, información epidemiológica que permita describir el estado de situación actual sobre la presencia de VPH en cavidad oral de personas VIH positivas dentro del sistema de salud pública de la Provincia de Corrientes. Todos los participantes voluntarios firmaron previamente un consentimiento informado y autocompletaron una ficha epidemiológica con el fin de obtener información acerca de factores socio-conductuales. La toma del material de muestra se realizó mediante enjuagado bucal con 10 mL de solución fisiológica. La extracción de ácidos nucleicos se realizó por métodos comerciales. Posteriormente, las muestras fueron testeadas para evaluar la presencia de ADN de VPH por PCR convencional utilizando una PCR anidada (PGMY-GP+) y luego fueron genotipadas por RLB (Reverse Line Blot). Las muestras que no pudieron tipificarse por esta técnica fueron secuenciadas. Los datos obtenidos se analizaron mediante el programa PAWS statistics versión 20, usando Chi-cuadrado para obtener la significación estadística ($p \leq 0.05$). Se obtuvo material de 141 pacientes de los cuales 133 fueron aptos. Se detectaron 26 casos positivos (19,5%) para VPH, de los cuales 18 (69,2%) fueron observados en personas con sexo biológico masculino y 8 en personas sexo biológico femenino (30,8%). Un total de 17 infecciones fueron por un solo genotipo y 9 resultaron coinfecciones por dos o más tipos virales. Un 69,2% (18/133) de los casos positivos presentaron al menos un genotipo de alto riesgo. Se evaluó la significancia estadística de las variables: edad, identidad de género, orientación sexual, edad de inicio de relaciones, anticonceptivos, preservativo, sexo oral, antecedentes de VPH genital, consumo de alcohol y tabaco. Se observó una relación de mayor riesgo en la presencia de VPH en personas no heterosexuales versus heterosexuales ($p=0.031$, OR=2.75, IC=1.074-7.121), una relación negativa en el uso de anticonceptivos ($p=0.026$, OR=0,31 IC=0,107-0,905) y se encontró significancia estadística en relación al consumo de tabaco ($p=0.024$, OR=0,31 IC=0,154-0,895). Dos de las muestras tipificadas por secuenciación dieron como resultado VPH-13, un genotipo de bajo riesgo que se ha descrito como prevalente en Sudamérica, más precisamente en comunidades indígenas. Resaltamos la importancia de contar con datos locales de las infecciones prevalentes en la región, generando información a ser tenida en cuenta a nivel socio-sanitario para poder generar nuevas políticas en salud relacionadas al impacto de estas infecciones teniendo en cuenta el efecto de algunas prácticas habituales en el posible desarrollo de enfermedades graves.

Palabras clave: VPH, HIV, cavidad oral

TACCHINI María del Mar⁽¹⁾, DINGIANDI Ana Laura⁽¹⁾, FIGUEROA Myrian⁽¹⁾, VENEZUELA Fernando⁽²⁾, MOSMANN Jessica⁽²⁾, CUFFINI Cecilia⁽²⁾.

⁽¹⁾Hospital Misericordia Nuevo Siglo, Córdoba, Argentina. ⁽²⁾Instituto de Virología Dr. J.M. Vanella, Córdoba, Argentina. mmtacchini@hotmail.com

La infección por *Chlamydia trachomatis* (*C.t*) en la persona gestante (PG) se estima del 0,1-25 % y el recién nacido (RN) tiene una probabilidad del 50-70 % de infectarse en el parto eutócico aunque también descrito en cesáreas. El riesgo de desarrollar conjuntivitis y neumonía en RN de personas con infección aguda por *C.t* es del 25-50% y 3-20% respectivamente. La prevalencia de conjuntivitis varía según las cifras de infección PG, metodología y región estudiada. Generalmente resuelve espontáneamente, pero algunos RN pueden mantener una infección persistente con secuelas graves. OBJETIVOS: Conocer la frecuencia ocular de *C.t* en RN del Hospital Misericordia Nuevo Siglo (HMNS), relacionarla con factores de riesgo asociados de las ITS en PG. Analizar retrospectivamente *Mycoplasma genitalium* (*M.g.*), *Neisseria gonorrhoeae* (*N.g.*) y *Treponema pallidum* (*T.p.*) en las muestras conjuntivales. MATERIAL Y MÉTODOS: Trabajo de cohorte, descriptivo, transversal, observacional, prospectivo en hisopado conjuntival de todos los RN. Se procesaron en el laboratorio de microbiología HMNS mediante cultivo para gérmenes comunes en sintomáticos y mediante PCR para *C.t*, *M.g.*, *N.g.* y *T.p.* en Instituto de Virología Dr. J. M. Vanella. Análisis estadístico mediante el programa Infostat. RESULTADOS: Se estudiaron 225 RN asintomáticos. El 25,3 % (n=57) fue *C.t* positivo: 29 niñas y 28 niños; rango de semanas de gestación (34 – 41), mediana 39; 3 embarazos sin control; parto vaginal: 56%, cesárea: 44%. El 57% de las PG de RN positivos presentó algún síntoma de ITS, 35 % algún antecedente obstétrico vinculado a ITS y 3 PG tuvieron otra ITS (2 HPV, 1 sífilis); la edad fue $X=25$, $M=23$, $r:[15-42]$. No hubo diferencias significativas entre los casos positivos y las variables estudiadas. Se realizaron controles de hisopado de 20 casos positivos: la PCR siguió positiva en el primer control de 8 RN entre los 13 – 25 días. Ningún RN presentó síntomas conjuntivales ni respiratorios en los controles. Un RN con síntomas compatibles con *C.t* resultó PCR negativa. Se detectó *N.g.* en 3,6% (n=8) de las muestras; ninguno sintomático; 1 coinfección con *C.t*. DISCUSIÓN: La conjuntivitis por *C.t* es mayormente asintomática y se autolimita en la mayoría de los casos no tratados durante los primeros meses, pero la persistencia en algunos niños puede ulcerar la córnea y provocar ceguera. La edad de las PG de RN positivos refleja la prevalencia de *C.t*, al igual que su naturaleza asintomática. Actualmente se recomienda su detección en las PG durante la primera visita prenatal y al tercer trimestre si tienen alto riesgo (25 años, nuevas o múltiples parejas). En nuestros resultados la infección perinatal sería independiente de parto o cesárea, lo que agrega valor para una oportunidad de pesquisa en el control de esta ITS y una alternativa preventiva en la infección del RN. La detección de *N.g.* evidencia la efectividad de la profilaxis. Y un resultado positivo siempre implica el tratamiento de la PG y la pareja.

Palabras claves: Conjuntivitis neonatal, *Chlamydia trachomatis*

URQUIZA Daiana J^(I), **ESPINDOLA Sonia L**^{(I)(IV)}, **GONZALEZ G. María del Carmen**^(I), **LUDOJOSKI Carina**^(I), **LACZESKI Margarita**^{(II)(III)(IV)}, **CARBALLO Graciela**^{(I)(II)}

^(I)Sector de Biología Molecular, Laboratorios CEBAC. ^(II)Sector de Bacteriología, Laboratorios CEBAC. ^(III)Cátedra de Bacteriología. FCEQyN. UNaM. ^(IV)Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Dai_urquiza@hotmail.com

Chlamydia trachomatis (CT) es el patógeno más frecuente asociado a infecciones bacterianas de transmisión sexual. Puede afectar a hombres como a mujeres. En estas, se asienta en el endocervix y se propaga a las trompas de Falopio a través del endometrio lo que provoca un cuadro de enfermedad inflamatoria pélvica (EPI) responsable de infertilidad, dolor abdominal crónico, embarazo ectópico e infecciones en el recién nacido. Un bajo porcentaje de mujeres presenta síntomas como cervicitis y vulvovaginitis con leucorrea, prurito, ardor y dispareunia. Sin embargo, la mayoría son asintomáticas; este grupo genera un interés particular debido a que la falta de diagnóstico podría afectar a la paciente, a sus parejas sexuales; llevar a complicaciones reproductivas severas e incluso generar complicaciones en el recién nacido si estuviese embarazada. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue estudiar la importancia del diagnóstico precoz de CT mediante qPCR.

Se realizó un estudio retrospectivo de mayo de 2020 a junio de 2022 en pacientes femeninas (P) que acudieron a Laboratorios CEBAC de Posadas, Misiones con pedido de qPCR (reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real) para CT en hisopado endocervical. Esta técnica permitió la detección de genes que codifican el plásmido críptico. Se analizaron n= 2284 muestras. Se incluyeron en el estudio solo P positivas (n=100). Se agruparon de la siguiente manera: grupo I: P menores de 15 años n=2; grupo II: P entre 15 y 35 años n=81 y grupo III: P mayores de 35 años n=17.

Las P positivas correspondieron al 4,4 % de las muestras analizadas (edad 29± 9), el 81% de éstas pertenecieron al grupo II. Del total, 11 mujeres estaban embarazadas. Analizando el motivo de consulta médica, el 47% acudió por síntomas (n=34 leucorrea; n=3 cervicitis, n=3 metrorragia, n=3 infertilidad, n=4 vaginismo) mientras que, el 53% fueron a un control de rutina. El 35% de las P presentaron coinfección con otra bacteria: *Ureaplasma urealyticum* n= 19; *Mycoplasma hominis* n= 11 y *Neisseria gonorrhoeae* n= 5.

La prevalencia de la infección por CT en la población estudiada concuerda con lo publicado en la bibliografía. La mayoría de las P eran jóvenes en edad fértil y un alto porcentaje asistió a la consulta por control anual. La ausencia de síntomas podría llevar a una infección crónica y desencadenar dificultades reproductivas severas. A su vez, está descrito que las coinfecciones podrían aumentar el riesgo. Sería fundamental implementar programas anuales de control de CT y otros patógenos de transmisión sexual en mujeres en edad fértil. Estos permitirían realizar diagnóstico y tratamiento temprano de la infección y así reducir la frecuencia de cuadros severos relacionados a la infección por CT tanto en P como en sus parejas sexuales o neonatos.

Palabras claves: *Chlamydia trachomatis*, enfermedad inflamatoria pélvica, infección asintomática en mujeres, diagnóstico qPCR.

VERA V.⁽¹⁾, OCAÑA CARRIZO A.⁽¹⁾, CALFÍN R.⁽²⁾, CORREA M.⁽¹⁾, COMETTO M.⁽¹⁾, GONZALEZ R.⁽¹⁾, SUBIJANA M.⁽¹⁾, NAVARRO M.⁽¹⁾

1 Dpto. Bacteriología, Laboratorio Central, Hospital Nacional de Clínicas, Facultad de Ciencias Médicas, Córdoba. 2 Servicio de Ortopedia y Traumatología, Hospital Nacional de Clínicas, Facultad de Ciencias Médicas, Córdoba. Correo electrónico: vicvera_si@hotmail.com

Actinotignum schaalii (*A. schaalii*), anteriormente *Actinobaculum schaalii*, es un bacilo gram positivo anaerobio facultativo descrito como causa de infecciones urinarias en niños y en pacientes ancianos con patologías urológicas predisponentes.

Presentamos el caso de un *paciente femenino de 88 años, geriatrizada con antecedentes de hipertensión y demencia senil que ingresó a la Institución por fractura de cadera derecha en plan de osteosíntesis. Laboratorio: GB 14.100/mm³, Hb 9.4g/dL, Hto 27.3%, Glucemia 168mg/dL, Urea 59mg/dL, Creatinina 1.14mg/dL. En las 24h posteriores al ingreso presentó retención aguda de orina y se solicitó urocultivo obtenido a través de sonda vesical. Examen físico químico de la orina: pH 6, nitritos negativo y recuento de leucocitos 85/mm³. La muestra fue inoculada en placas de agar cisteína-lactosa deficiente en electrolitos y agar Chrom ID[®] CPS (bioMérieux) que fueron incubadas en aerobiosis a 35°C. A las 24h de incubación las mismas no presentaron desarrollo microbiano. Se realizó Gram y resiembra de la orina en agar sangre ovina al 5% en atmósfera con 5% de CO₂ a 35°C, observándose a las 24h un débil crecimiento de pequeñas colonias grisáceas con un recuento mayor a 10⁵ UFC/mL. La coloración mostró bacilos gram positivo pleomórficos. El aislamiento fue identificado como *A.schaalii* por pruebas bioquímicas manuales (test de CAMP, catalasa, oxidasa, ureasa, hidrólisis de esculina, hidrólisis de hipurato, glucosa, maltosa, sacarosa, manitol, fosfatasa alcalina, PYR, SPS y α-glucosidasa), por tarjetas de identificación Vitek 2C ANC (bioMérieux) y por MALDITOF. No existen normas para el estudio de la sensibilidad antimicrobiana. Se realizó antibiograma tentativo por difusión con discos en agar MuellerHinton con 5% de sangre ovina incubados a 35°C en 5% de CO₂ por 48h. Se utilizaron los puntos de corte para estafilococos, resultando sensible a: amoxicilina-clavulánico, cefazolina, fosfomicina, vancomicina, tetraciclina, linezolid, nitrofurantoína, rifampicina, gentamicina, ciprofloxacina y resistente a trimetoprima-sulfametozaxol. La paciente recibió profilaxis prequirúrgica con cefazolina y después de cinco días de internación fue dada de alta con cefalexina como tratamiento ambulatorio con buena respuesta.*

A. schaalii es un microorganismo comensal del tracto genitourinario considerado actualmente como uropatógeno emergente. Muchas veces es subdiagnosticado debido a su lento crecimiento en medios de cultivo habituales y a su dificultosa identificación con métodos fenotípicos convencionales. La realización de la coloración de Gram, en toda orina con sedimento patológico y cultivo negativo en los medios usuales, es fundamental para sospechar la presencia de gérmenes fastidiosos. Frente a microorganismos de difícil recuperación se debe pensar en *A. schaalii* por lo que la incubación de los medios de cultivo dos a tres días en atmósfera con 5% de CO₂ podría facilitar su detección.

Palabras clave: *A. schaalii*, infección urinaria, adulto mayor

MICROBIOLOGIA GENERAL

MG1

ADICION DE FUENTES DE ACIDO CITRICO EN LA FERMENTACION DE PASTAS DE SOJA CON LACTOBACILOS: INFLUENCIA DURANTE PROCESOS POST-PRODUCCIÓN.

AVILA HAEL G. Natividad⁽¹⁾, NACCHIO Bárbara L. ⁽¹⁾, MEDINA Roxana B. ^(1, 2), GARRO, Marisa S.⁽¹⁾

1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA)-CONICET-CCT NOA Sur. Chacabuco 145 (T4000ILC). Tucumán. 2 Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán, Avda. Pte. N. Kirchner 1900, (T4000INH). Tucumán, E-mail: mgarro@cerela.org.ar

Las bacterias lácticas son utilizadas en la producción de diversos alimentos fermentados, consideradas organismos GRAS, tienen múltiples aplicaciones, siendo una de ellas mejorar el perfil sensorial de alimentos fermentados de soja. Esta leguminosa presenta aroma y sabor a poroto, y oligosacáridos no digeribles disminuyendo la aceptación del consumidor. Otro cultivo económico importante son los cítricos, la mayoría de los subproductos de su procesamiento no son utilizados (cáscara, pulpa, semillas). En este marco, el uso de la fermentación en estado semisólido utilizada para recuperar residuos y subproductos, mejora los atributos sensoriales y de salud por la producción de compuestos funcionales. El objetivo de este trabajo fue estudiar la vida de estante y aceptabilidad de productos fermentados de soja con agregado de residuos de naranja, evaluando además procesos de post producción. Se preparó pasta de soja (PS) con un 65% de humedad y se fraccionó en tres muestras: PS, PS con cáscara de naranja al 5% y PS con pulpa de naranja al 15%. Se inoculó al 2% con *Lacticaseibacillus paracasei* sub sp. *paracasei* CRL 207 y se incubó a 37°C durante 16 horas. Finalizada la fermentación, se neutralizó la acidez y las muestras se separaron en dos grupos: húmedas y deshidratadas. La deshidratación se realizó a 45°C durante 14 h. Todas las muestras fueron envasadas, selladas al vacío y se almacenaron a 4°C durante 0, 7, 14, 21 y 28 días. En cada tiempo se determinó pH, humedad, proteínas totales, compuestos fenólicos y diacetilo-acetoína. Las determinaciones sensoriales se realizaron con panel no entrenado usando una escala hedónica de 1 (me disgusta mucho) a 7 (me gusta mucho). El pH de cada una de las muestras deshidratadas se mantuvo en 6,50±0,05 durante el almacenamiento, mientras que las pastas húmedas disminuyeron el pH (4,64±0,09) a los 28 días. El mismo comportamiento se observó en la cantidad de proteínas totales, disminuyendo con el almacenamiento en las muestras húmedas y manteniéndose constante en las pastas secas. El porcentaje de humedad se mantuvo estable (65 % en las muestras húmedas y 1% en las pastas deshidratadas) durante el ensayo. Los compuestos fenólicos no se modificaron en las muestras deshidratadas (8,49±1,40 µg ácido gálico/g de pasta), mientras que en las húmedas se observó una disminución de los mismos en los 28 días (6,33±0,13 a 4,96±0,89 µg ácido gálico/g de pasta). Con respecto adiacetilo-acetoína, compuestos de aroma, se detectaron en todas las muestras y se mantuvo durante el almacenamiento. La evaluación sensorial de sabor, color, olor, textura, dureza y apariencia en las muestras de PS (húmeda y seca) con agregado de naranja presentaron el puntaje más alto (5-7 de la escala hedónica). En resumen, el almacenamiento de PS fermentada húmeda afecta la concentración de proteínas y pH, mientras que la producción de compuestos de aroma no se modificó en PS húmeda y deshidratada. Sensorialmente las PS con agregados de naranja (cáscara y pulpa) presentan mayor aceptabilidad que las PS sin agregados por lo que se propone el agregado de este cítrico durante la fermentación.

Palabras claves: bacterias lácticas, fermentación en sustrato sólido, soja, cítricos, vida de estante

MG2	PRESENCIA DE BACTERIAS ANAEROBIAS SULFITOS REDUCTORES MESÓFILOS Y TERMÓFILOS EN CHACINADOS COMERCIALIZADOS EN LA CIUDAD DE CÓRDOBA, ARGENTINA.
------------	---

BAMBICHA Ruth⁽¹⁾ , BARELLO Maria del R⁽¹⁾ , JACOME Oscar Javier⁽¹⁾ , REYNOSO Daniela⁽¹⁾ , FIORE Angel⁽¹⁾ , RONDINI Alina⁽¹⁾

(1) *Laboratorio de Alimentos – Dirección de Calidad Alimentaria – Municipalidad de Córdoba*
 Correo electrónico: labalimentos@cordoba.gov.ar

Los anaerobios sulfito-reductores (ASR) constituyen un grupo bacteriano asociado al género *Clostridium* spp. Son bacilos gram positivos anaerobios obligados, formadores de esporas que tienen la propiedad de reducir el ion sulfito a sulfuro en presencia del citrato férrico u otra sal de metales pesados. La A_w mínima para su desarrollo es 0,95 y valores de pH entre 7 - 7,4, de modo que son fácilmente inactivadas a pH ácido o básico. Son ubicuas en el medio ambiente, y sus esporas se encuentran habitualmente en el suelo, polvo, sedimentos, medios acuáticos, vegetación en descomposición y en el tracto digestivo de los animales, incluido el hombre. Por ello pueden transmitirse a una amplia gama de alimentos, tanto crudos y parcialmente tratados tales como carnes curadas principalmente chacinados y salazones. El rango de temperatura de crecimiento permite dividirlos en dos grupos: bacterias mesófilas que crecen a 37°C y las termófilas que se desarrollan a 50°C. La aplicación de un tratamiento térmico adecuado para eliminar los microorganismos presentes en los alimentos, utilizan temperaturas elevadas coincidentes con el rango óptimo del crecimiento de bacterias termófilas, principalmente las formadoras de esporas, constituyendo un problema emergente en la industria alimenticia y en los consumidores. En base a lo planteado, se analizó el impacto de las bacterias anaerobias sulfito reductoras mesófilas y termófilas presentes en productos chacinados elaborados y comercializados en el ejido de la ciudad de Córdoba. Se procesaron 17 muestras de chacinados embutidos y no embutidos, analizadas bajo la metodología ISO 15213:2003 en búsqueda de ASR mesófilos (37°C) y termófilos (50°C) referidos al artículo 302 del capítulo VI del C.A.A. De acuerdo a los criterios microbiológicos establecidos, el 29,4% (5/17) de las muestras superaron los límites para ASR mesófilos; de éstas últimas muestras (2/5) se evidenció la presencia de ASR termófilos en recuentos superiores $M > 1000$ UFC/ g. En base a los resultados obtenidos podemos sugerir la importancia de implementar en el C.A.A. la búsqueda y recuento de anaerobios sulfito reductores termófilos en chacinados embutidos y no embutidos para la evaluación de la eficacia de los rangos de temperaturas aplicadas en la etapa de cocción de aquellos que la requieran.

Palabras claves: anaerobios sulfitos reductores, termófilos, mesófilos

BARRIL PATRICIA ANGÉLICA (1,2), JAUREGUIBERRY MARÍA VIRGINIA (1), LEOTTA, GERARDO ANIBAL (2,3), EPSZTEYN SERGIO ALEJANDRO (4), MOZGOVOJ MARINA VALERIA (3,5), SIGNORINI MARCELO LISANDRO (2,5,6), OTEIZA JUAN MARTÍN (1,2)

1 Centro de Investigación y Asistencia Técnica a la Industria (CIATI), Centenario, Neuquén, Argentina. 2 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. 3 Instituto de Ciencia y Tecnología de Sistemas Alimentarios Sustentables (ICYTESAS), Argentina. 4 Dirección General de Higiene y Seguridad Alimentaria (DGHYSA), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. 5 Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina. 6 Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL), Rafaela, Santa Fe, Argentina. patricia.barril@gmail.com

Las Enfermedades Transmitidas por los Alimentos (ETAs) constituyen una importante causa de morbilidad y mortalidad en todo el mundo. El consumo de vegetales es parte importante de una dieta saludable, sin embargo, muchos de éstos son consumidos sin ningún tipo de cocción, y a menudo sin lavar, lo que los hace potencialmente peligrosos en caso de que exista algún tipo de contaminación por microorganismos patógenos. El objetivo de este estudio fue evaluar la presencia de virus entéricos (norovirus, virus de la hepatitis A, rotavirus y enterovirus) así como de cepas patógenas de *Escherichia coli* en vegetales que se cosechan y comercializan en Argentina. Durante un período de un año, se colectaron un total de 88 muestras de vegetales de hoja verde, las cuales se analizaron siguiendo los protocolos descriptos en las normas ISO 16649-3:2015 para el recuento de *E. coli* (NMP), ISO 16654:2001 para la detección de *E. coli* O157:H7, ISO/TS 13136:2012 para la detección de STEC no-O157, e ISO 15216-2:2019 para la detección de norovirus y virus de la hepatitis A. La detección de rotavirus y enterovirus se realizó mediante PCR en tiempo real con sondas Taqman. El 6.8 % (n=6) de los vegetales analizados mostró contaminación por virus entéricos. Tres muestras de lechuga, una de acelga y una de rúcula resultaron positivas para norovirus genogrupo II, mientras que una muestra de acelga resultó positiva para el virus de la hepatitis A. Asimismo, el 62.5 % de las muestras presentaron niveles detectables de *E. coli*, siendo la rúcula el vegetal que mostró la mayor prevalencia (91.7 %). Los recuentos de *E. coli* oscilaron entre <3 y $2,4 \times 10^7$ NMP/g, siendo la media $7,1 \times 10^1$ NMP/g. No se detectaron cepas patógenas de *E. coli* (O157:H7 o STEC no-O157). No se observó correlación entre las detecciones de virus y de *E. coli* en las muestras analizadas ($P=0.083$). La detección de genoma de virus entéricos y de recuentos elevados de *E. coli* en vegetales de Argentina, sugiere la necesidad de establecer medidas de control frente al riesgo para la salud de los consumidores.

Palabras clave: Virus, Bacterias, Contaminación, Transmisión Alimentaria.

BITANCOR, Mariana⁽¹⁾, MARAZ, Fabiana⁽¹⁾, ANCASI, Edgardo⁽¹⁾, MEDINA, Roxana⁽²⁾

¹Laboratorio de Microbiología General y de los Alimentos, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu;

²Centro de Referencia para Lactobacilos-CONICET. E-mail: faby_m1687@hotmail.com

El uso de cultivos microbiológicos protectores como un nuevo enfoque para la conservación de alimentos está despertando cada vez más interés en el sector alimentario, especialmente en el contexto de mercado actual, en el que el uso de barreras microbiológicas convencionales basadas en aditivos químicos es visto cada vez con más desconfianza entre los consumidores. El objetivo del presente estudio fue evaluar la acción inhibitoria de diferentes cepas de levaduras frente a patógenos de importancia alimentaria como *Listeria monocytogenes*, *E. coli*, *Salmonella*, *Staphylococcus aureus* y *Bacillus cereus*. A partir de 36 muestras de quesos frescos de cabra de origen artesanal se tomaron 25 gr de muestra y se efectuaron diluciones decimales de cada una. Luego estas, se sembraron en placas con agar Saboureaud glucosado con cloranfenicol al 0,01% e incubadas a 25-28° C por 72 hs. En base a las características morfológicas, macroscópicas y microscópicas, se aislaron un total de 113 cepas que luego fueron caracterizadas en cuanto a su efecto inhibitorio frente a los patógenos nombrados anteriormente. Cada cepa fue cultivada en caldo YPD a 25° C por un periodo de 48 h, luego centrifugadas a 10000 rpm durante 10 min. para separar el sobrenadante del pellet. El sobrenadante obtenido fue sembrado siguiendo el método difusión en pocillo, mezclando en el agar BHI atemperado a 45 °C un volumen de 50 ul de cada patógeno crecido en caldo Nutritivo por 24 hs, para luego sembrar en cada pocillo 30 ul del sobrenadante de cada levadura. La totalidad de las cepas aisladas fueron identificadas por pruebas fenotípicas según la metodología propuesta por Kurtzman (2000). Aquellas que presentaron mejor actividad inhibitoria fueron identificadas por métodos moleculares mediante la amplificación por PCR de los espaciadores transcritos internos entre los genes ribosomales 18S y 26S, utilizando los cebadores universales ITS1(5'TCCGTAGGTGAACCTGCGG 3') e ITS4(5'TCCTCCGCTTATTGATATGC3'). Una vez amplificados los fragmentos, los mismos fueron purificados y secuenciados. Dichas secuencias fueron analizadas utilizando el programa BLAST y la base de secuencias génicas del GENBANK. Las especies identificadas fueron *Debaryomyces hansenii*, *Kluyveromyces lactis*, *Candida zeylanoides*, *Yarrowia lipolitica*, *Candida parapsilosis*, *Pichia fermentans*, *Pichia membranifasciens*, *Pichia kudriavzevii*, *Meyerozyma guilliermondii*, *Dekkera bruxellensis*, *Candida versatilis*, *Candida albicans* y *Rodotorula spp.* Se pudo observar que algunas cepas de *K.lactis*, *Y.lipolitica*, *P. fermentans*, *C. zeylanoides* y *M.guilliermondii* pudieron inhibir la totalidad de las especies patógenas ensayadas. Algunas cepas de *C. parapsilosis* inhibieron a *E. coli* y *B.cereus*, mientras que otras pudieron inhibir únicamente a *S.aureus*. El resto de las especies aisladas manifestaron diferentes e interesantes resultados. Este estudio preliminar nos permitió demostrar la acción antibacteriana de las levaduras lácteas frente a los patógenos ensayados. Las cepas de *Y. lipolitica*, *D. hansenii* y *K. lactis* podrían ser utilizadas en la elaboración de alimentos, con la finalidad de mejorar la seguridad y conservación de los mismos, permitiendo así, revalorizar la importancia de la microbiota autóctona. Mientras que al resto de las especies se les deben realizar otros estudios complementarios para demostrar la seguridad de su posible uso.

Palabras claves: matriz láctea, actividad antagónica, identificación genotípica, seguridad alimentaria.

BUENO, Dante J. ^(1,2); **CIMINO MARCLAY, Yamila M.** ⁽¹⁾, **ALBA, Jordan Q.** ⁽²⁾, **CLAPIER, Lucas J.** ⁽²⁾, **CORNEJO, Oscar** ⁽³⁾, **GAMERO, Horacio** ⁽³⁾

¹ INTA EEA Concepción del Uruguay, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. ² Facultad de Ciencia y Tecnología, Sede Basavilbaso, Universidad Autónoma de Entre Ríos, Basavilbaso, Entre Ríos, Argentina. ⁽³⁾ Grupo Gran Tres Arroyos, Concepción del Uruguay, Entre Ríos. C. electrónico: bueno.dante@inta.gob.ar

La crianza de aves implica una diversidad de riesgos asociados al ambiente y constante exposición a diversos contaminantes: virus, bacterias, parásitos, hongos y polvo, que afectan la ganancia de peso e incrementa la mortalidad. Por eso, es muy importante hacer una buena desinfección de galpones y utilizar productos eficaces. Existen pocos estudios de la resistencia de los desinfectantes comerciales sobre bacterias y hongos de interés en avicultura. Por ello, en este estudio se aislaron bacterias y hongos de aves y ambientes avícolas y se evaluó la resistencia *in vitro* a diferentes agentes desinfectantes utilizados en producción avícola. Huevos picados sin nacer, material de la cama y piso de granjas de reproductores pesados y placas con medios generales y selectivos expuestas al ambiente de diferentes incubadoras de huevo fueron utilizados para el aislamiento de Enterobacterias, *Pseudomonas* spp., *Staphylococcus* spp. y *Aspergillus* spp. Se seleccionaron 19 y 22 cepas bacterianas (*E. coli*, *Klebsiella* spp., *Proteus mirabilis*, *Pseudomonas aeruginosa*, y *Staphylococcus aureus*) y fúngicas (*Aspergillus fumigatus* y *Aspergillus flavus*), respectivamente, y se estudiaron la dosis inhibitoria mínima (DIM) en agar Mueller-Hinton de 11 productos desinfectantes comerciales, utilizando 10 concentraciones diferentes de cada uno de ellos. A su vez, se consideró la respuesta como sensible, intermedio y resistente cuando la DIM fue menor, igual y mayor a la máxima dosis recomendada por el fabricante, respectivamente. Además, se ensayó la sensibilidad de la mezcla de los desinfectantes PL308 1%-Profoam1%. Por otro lado, se estudió el efecto en medio líquido sobre el crecimiento de 10 y 11 cepas de bacterias (*E. coli*, *Klebsiella* spp., *Proteus mirabilis*, *Pseudomonas* spp. y *Staphylococcus aureus*), y hongos (*Aspergillus fumigatus* y *Aspergillus flavus*), respectivamente, de un desinfectante preparado con lavandina, agua desmineralizada estéril, bromuro de sodio y ácido cítrico (producto L). Todas las cepas fueron resistentes a la mezcla PL308 1%-Profoam1%, aunque las mismas mostraron diferentes DIM con los desinfectantes comerciales individuales, encontrándose diferencias dentro de los tipos bacterianos, y entre las bacterias y los hongos ensayados. La mayoría de las cepas bacterianas y fúngicas fueron resistentes a 5 y 10 desinfectantes ensayados, respectivamente. Por otra parte, todas las cepas ensayadas fueron sensibles al producto L con un efecto inmediato (tiempo 0). La selección de un desinfectante apropiado para una instalación de animales es una decisión compleja y multifactorial que requiere la consideración del espectro de actividad, la seguridad humana, la seguridad ambiental y los efectos en el comportamiento de los animales. En este estudio se encontró un gran porcentaje de cepas resistentes a las concentraciones del desinfectante indicadas como efectivas por el fabricante, aun sin considerar a la materia orgánica como barrera. Por ello, a la vista de la diversidad de sustancias, lo variado de sus usos y las dosis, recomendamos que los avicultores recaben de los laboratorios la máxima información antes de decidirse por uno de ellos, pues la buena selección es fundamental para desinfectar con éxito.

Palabras claves: desinfectantes, bacterias, hongos, avicultura.

CANZ, María José ⁽¹⁾, **ANDINA, Laura** ⁽²⁾, **VIZOSO PINTO, María Guadalupe** ⁽²⁾, **RODRIGUEZ VAQUERO, María José** ⁽¹⁾

⁽¹⁾Cátedra de Microbiología General, Instituto de Microbiología, Universidad Nacional de Tucumán (UNT-CONICET). ⁽²⁾Laboratorio de Biología de las Infecciones. INSIBIO (CONICET-UNT). Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Tucumán.

majucanz@gmail.com

Las enfermedades transmitidas por los alimentos constituyen un importante problema de salud a nivel mundial. La salmonelosis es una enfermedad zoonótica que resulta de la infección por una amplia gama de serovares de *Salmonella*, siendo las aves infectadas la principal fuente relacionada con brotes infecciosos. A pesar de que los ovoproductos utilizados en alimentación se cuecen o se manipulan de tal forma que se eliminan las especies de *Salmonella*, constituyen un potencial peligro para productos insuficientemente cocidos. Recientes investigaciones utilizan bacteriófagos líticos como una alternativa prometedora para el control de variedades entéricas de *Salmonella* en matrices alimentarias. El objetivo de este trabajo es determinar la susceptibilidad de *Salmonella* Enteritidis y *Salmonella* Typhimurium ATCC14028 ante el bacteriófago Sal400J, en medio de cultivo y utilizando crema pastelera como matriz alimentaria. Los resultados demostraron que la actividad lítica más significativa fue durante las primeras horas de tratamiento y estuvo relacionada con la multiplicidad de infección, la temperatura de trabajo y la cepa bacteriana. En base a estos resultados se diseñó un estudio para determinar si Sal400J reduce la población de *Salmonella* a MOI 0,1, 1, 10 y 100, en crema pastelera. La matriz alimentaria recién preparada se fraccionó en muestras de un gramo y se inocularon con *Salmonella* a fin de llegar a 10⁶ UFC/g. Con la adición del bacteriófago a una MOI 100 a 37 y 25°C, se observó la mayor tasa de reducción de recuentos de *S. Typhimurium* ATCC 14028 y *S. Enteritidis* a las 3 h de tratamiento, alrededor de 3 y 2 unidades logarítmicas con respecto al control, respectivamente. Sin embargo, a temperatura ambiente el fago inhibió la población bacteriana durante mayor tiempo. La incubación a 4°C no mostró un cambio significativo en el número de células de *Salmonella*. *Los resultados obtenidos en este trabajo demostraron que Sal400J actúa sobre Salmonella y reduce el número de células viables de la misma en crema pastelera, a temperatura ambiente y a 37°C. Por lo cual, la adición de este bacteriófago es una alternativa natural, inocua y económica para el control de Salmonella en alimentos a base de huevo.*

Palabras claves: bacteriófagos, *Salmonella*, salmonelosis, biocontrol.

MG7**SEROPREVALENCIA DE LEPTOSPIROSIS EN ARDILLAS NUCA BLANCA (*Sciurus stramineus*) EN EL CAMPUS DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE PIURA. PERÚ.****ELERA OJEDA, ROSARIO⁽¹⁾; GÓMEZ LAMA, RAPHAEL⁽²⁾; GUERRA DELGADO, MARCO⁽¹⁾; GUERRA ELERA, FERNANDA⁽³⁾**

1 Universidad Nacional de Piura. 2 Centro Veterinario Animal Life. 3 Dirección Regional de Salud

relera6@gmail.com, relerao@unp.edu.pe

Tras el periodo de lluvias en el 2017, después del Fenómeno del Niño, la Dirección Regional de Salud (DIRESA), reportó 31 casos de leptospirosis humana, la cual es transmitida por los roedores, presentándose mayor prevalencia en los distritos de Castilla, Sullana y Chulucanas. La ardilla nuca blanca es un roedor cuyas poblaciones son endémicas en la costa noroeste del Perú como es en la ciudad de Piura; existiendo poblaciones apreciables en los parques de Piura, siendo la población de la Universidad Nacional de Piura (UNP), una de las más importantes por su densidad y convivencia con alumnos, profesores y personal administrativo. Por tal motivo, se trató de identificar si la ardilla que habita estos parques, se comporta como vector de *Leptospira* para el ser humano y para otros animales. El objetivo fue determinar la prevalencia de anticuerpos contra *Leptospira interrogans* en ardillas nuca blanca (*Sciurus stramineus*) capturadas en el campus de la UNP (serovares *icterohaemorrhagiae*, *canicola*, *georgia grippotyphosa*). Una vez obtenida la autorización por parte del Servicio Forestal y de Fauna Silvestre (SERFOR), se capturaron 54 ejemplares. La prevalencia se determinó mediante la prueba serológica indirecta de microaglutinación (MAT), cada suero se enfrentó a 24 serovares de la cuales sólo reaccionaron 12 serovares: *L. icterohaemorrhagiae* (100%), *L. autumnalis* (90,74%), *L. ballum* (85,19%), *L. bratislava* (74,07%), *L. grippotyphosa* (68,52%), *L. coxi* (46,30%), *L. Pomona* (50%), *L. panama* (48,15%) *L. javanica* (3,70%), *L. varillal* (3,70%), *L. canicola* (1,85%), *L. hursbridge* (1,85%) con títulos entre 1/100 y 1/3200, de los cuales el mayor porcentaje reaccionó al serovar *icterohaemorrhagiae*. No hubo reacción positiva a *L. georgia*, ni a otros 11 serovares: *L. australis*, *L. bataviae*, *L. copenhageni*, *L. cynopteri*, *L. djasiman*, *L. hardjo*, *L. hebdomadis*, *L. pyrogenes*, *L. sejroe*, *L. tarassovi*, *L. wolffi*; 53 sueros de ardillas reaccionaron a más de dos serovares, solo uno reaccionó a un serovar. Las ardillas tuvieron una exposición previa al antígeno antes de la toma de muestra y no presentan infección visible a leptospirosis, aumentando el riesgo epidemiológico por la eliminación constante de la bacteria por la orina. Con los resultados se ha observado que la prueba diagnóstica utilizada en el Instituto Nacional de Salud (INS), es muy sensible para detectar anticuerpos anti-*Leptospira*, lográndose detectar serovares a diferentes títulos de anticuerpos. Se concluye que el total de las ardillas nuca blanca (*Sciurus stramineus*) capturadas en el campus de la UNP, presenta anticuerpos contra *Leptospira interrogans* en suero sanguíneo. No hubo diferencias por sexo, ni edad. Todas las facultades tienen especímenes reactivos a *L. icterohaemorrhagiae* y *L. grippotyphosa* (100% de prevalencia) y a *L. canicola* (33,33%) y no hubo reacción ninguna a *L. Georgia* (0% de prevalencia) en todas las facultades de la UNP.

Palabras claves: Seroprevalencia, Leptospirosis, *Sciurus stramineus*, ardillas.

MG8	DETECCIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS DE <i>MYCOBACTERIUM BOVIS</i> EN SANGRE DE BOVINOS INFECTADOS: ¿UNA POSIBLE ESTRATEGIA DE DETECCIÓN RÁPIDA?
------------	--

ENCINAS, MICAELA^{(1)*}; FERRARA MUÑIZ, XIMENA⁽¹⁾; GARBACCIO, SERGIO⁽²⁾; SAMMARRUCO, ROMINA⁽²⁾; RUIZ MENNA, VICTORIA⁽²⁾; GARRO, CARLOS⁽²⁾; DELGADO, FERNANDO⁽²⁾; ZUMÁRRAGA, MARTÍN⁽¹⁾; EIRIN, MARÍA EMILIA⁽¹⁾

1INTA, Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABiMo), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. 2INTA, Instituto de Patobiología Veterinaria (IPVet), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

*Correo electrónico: encinas.micaela@inta.gob.ar

En Argentina, la tuberculosis bovina (TBB) es endémica y afecta a especies de importancia pecuaria y al hombre. La prueba de la tuberculina (PT), empleada en los programas de control de la TBB, detecta al bovino infectado con *Mycobacterium bovis* (*M. bovis*). Dicha infección, genera una inflamación granulomatosa de los órganos afectados, que pueden ser uno o múltiples, dependiendo de la vía de ingreso de *M. bovis* y de la dosis infectiva, entre otros. Existen numerosos reportes de la aplicación de la PCR basada en la amplificación de la secuencia de inserción IS6110 para detectar ADN de *M. bovis* en distintas muestras biológicas (tejidos, leche, hisopado nasal), pero poco se ha explorado sobre su utilidad en muestras de sangre.

El objetivo fue determinar la presencia de ADN de *M. bovis* en sangre de bovinos positivos a la PT, en base a la detección de IS6110, y así evaluar esta matriz como muestra potencial para la detección rápida del agente causal de la TBB.

Se obtuvo sangre por punción yugular de 67 bovinos lecheros positivos a la PT. El ADN se extrajo con el kit Qiagen (QIAamp® DNA Blood kit) y se cuantificó por espectrofotometría con lectura de la absorbancia a 260nm (A_{260nm}). Se evaluó la calidad (A_{260nm}/A_{280nm}) e integridad del material genético por electroforesis en gel de agarosa 0.8% teñido con bromuro de etidio y por amplificación por PCR de una fracción (450pb) del gen 16S ARN ribosomal mitocondrial (16SARNrmt). Se investigó la presencia de genoma de *M. bovis* por PCR-touchdown IS6110 (245pb). El resultado se visualizó por electroforesis en gel de agarosa al 1,2% teñido con bromuro de etidio.

La concentración media de ADN fue de $(46,91 \pm 44,3) \mu\text{g}/\mu\text{L}$ (Min: 6,83; Max: 214,14 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$), con una relación A_{260nm}/A_{280nm} de $1,73 \pm 0,41$ (Min: 1,25; Max: 3,25). El 95,5% (64/67) de las muestras fueron positivas por PCR 16SARNrmt, sugiriendo que, a pesar de la calidad variable, el ADN se mantuvo íntegro luego de la extracción. El 4,5% (3/67) de las muestras fueron negativas (valores de cantidad/calidad de: 23,95 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ /1,68; 15,41 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ /1,92; 13,25 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ /1,69). Por PCR-touchdown IS6110 el 27% (18/67) de las muestras fueron positivas, confirmándose la presencia de ADN de *M. bovis* en sangre de bovinos positivos a la PT. Se detectó inhibición de la polimerasa en el 66,7% (12/18) de las muestras PT positivas, ya que el resultado positivo se obtuvo al diluir el templado al décimo, lo que sugiere que el kit de extracción no lograría eliminar la presencia de inhibidores. Si bien los resultados son preliminares, resultan promisorios para evaluar la estrategia de PCR-touchdown IS6110 en sangre para la detección de animales tuberculosos anérgicos que no responden a la PT.

Palabras claves: tuberculosis bovina, detección rápida, sangre.

FARA Agustina⁽¹⁾, **PALACIOS Jorge**⁽¹⁾, **JUÁREZ Luz**⁽¹⁾, **ZÁRATE Gabriela**^(1,2), **MONTILLA Antonia**⁽³⁾.

(1) Centro de Referencia para Lactobacilos (CONICET-CERELA), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina. (2) Universidad de San Pablo, Tucumán (3) Instituto de investigación en Ciencias de la Alimentación (CSIC-UAM), Madrid, España. E-mail: afara@cerela.org.ar

Los prebióticos fueron redefinidos por la Asociación Científica Internacional de Probióticos y Prebióticos (ISAAP) en 2017, como sustratos utilizados de manera selectiva por los microorganismos del huésped, confiriéndole beneficios para su salud. Los prebióticos más reconocidos son los carbohidratos, entre ellos, los galactooligosacáridos (GOS). Uno de los requisitos para que un compuesto sea considerado prebiótico es su resistencia a la digestión gastrointestinal. La mayoría de los estudios se han centrado en la síntesis, estructura y propiedades tecnológicas de los GOS, pero pocos han evaluado sus modificaciones durante su paso por el tracto gastrointestinal superior. En el presente estudio, evaluamos la digestibilidad de GOS sintetizados por *Acidipropionibacterium acidipropionici* LET120, mediante el uso vesículas de membrana del borde en cepillo (BBMV) del epitelio de cerdo como modelo de mucosa intestinal de mamífero. Las BBMV se obtuvieron del intestino delgado de cerdos jóvenes, de 10 meses de edad. La mucosa intestinal se homogeneizó con buffer fosfato de sodio con manitol 50 mM, y centrifugó a 3000 x g durante 30'. El sobrenadante se ultra-centrifugó durante 40' y el pellet resultante se liofilizó y mantuvo a -80 °C hasta su uso. La digestión de los oligosacáridos se realizó mezclando BBMV (10 mg mL⁻¹) con 0,2 mg mL⁻¹ de LET120-GOS. Se incubó en agitación constante, a 37 °C y se tomaron alícuotas a las 0, 1, 2, 3, y 5 h. La cuantificación de oligosacáridos se realizó por cromatografía de gases con detector de ionización de llama (GC-FID). En trabajos anteriores se logró sintetizar y semi-purificar LET120-GOS usando β -galactosidasa de *A. acidipropionici* LET120 a partir de lactosa, obteniéndose una mezcla compuesta por 57% de GOS, con mayor proporción de oligosacáridos con enlaces $\beta(1\rightarrow3)$, seguida por $\beta(1\rightarrow6)$ y $\beta(1\rightarrow4)$. Luego de la reacción con BBMV, la mezcla de oligosacáridos sintetizados por las propionibacterias se degradó parcialmente. La mayor hidrólisis se observó a las 5 h de digestión, en donde se llegó a degradar el 48% de los LET120-GOS con una tasa de hidrólisis de 10. La estructura y composición de los oligosacáridos influyó en la hidrólisis. Los compuestos con enlace $\beta(1\rightarrow3)$ mostraron una menor resistencia a las enzimas digestivas de cerdo en comparación con los oligosacáridos con enlaces $\beta(1\rightarrow4)$ y $\beta(1\rightarrow6)$. A las 2 h, tiempo promedio de permanencia fisiológica en el intestino, las enzimas de BBMV lograron digerir 45% del trisacárido 3'Galactosil-lactosa. Sin embargo, al finalizar la hidrólisis, se observó un remanente de 60% de 6'Galactosil-Lactosa y 70 % de 4'Galactosil-lactosa que estarían disponibles para ser fermentados en el colon. Los resultados obtenidos en este trabajo sugieren que el uso de enzimas intestinales de mamíferos, como intestino delgado de cerdo es una estrategia útil para evaluar la digestibilidad de oligosacáridos potencialmente prebióticos. Son necesarias mayores investigaciones sobre la digestibilidad de compuestos que pretenden usarse como ingredientes funcionales.

Palabras Clave: Digestión, Prebiótico, GOS, BBMV.

**GONZÁLEZ Agustina⁽¹⁾, AQUILI Virginia⁽¹⁾, OVEJERO Triana⁽¹⁾, SORTINO Maximiliano⁽²⁾,
Integrantes CEREMIC⁽²⁾, CASABONNE Cecilia⁽¹⁾**

(1) Área Bacteriología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas de la Universidad Nacional de Rosario. (2) Centro de Referencia de Micología (CEREMIC), Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas de la Universidad Nacional de Rosario. agustina5gonzalez@hotmail.com

El Cannabis, al igual que cualquier planta o producto alimenticio, puede contener contaminantes microbiológicos potencialmente perjudiciales para la salud. En general, se asocian bacterias y hongos que, dependiendo de las condiciones de cultivo, secado, procesado, conservación y manipulación, pueden estar presentes e incluso desarrollarse en el producto final. La presencia de estos contaminantes microbianos puede afectar la actividad terapéutica y la salud del paciente. La Universidad Nacional de Rosario, en el marco de su compromiso con la salud pública, brinda un servicio cuyas finalidades asegurar un consumo seguro. El objetivo de este trabajo fue evaluar la calidad microbiológica de muestras de aceite de Cannabis según lo establecido por la Farmacopea Argentina (FA) para productos farmacéuticos no obligatoriamente estériles de administración oral. A fin de determinar el nivel de contaminación microbiana, se analizaron 50 muestras de aceites de Cannabis que fueron derivadas a la mencionada institución. En todas ellas se determinó el recuento total de microorganismos aerobios viables totales, de *Enterobacteriaceae* y de hongos y levaduras. Además, se evaluó la presencia/ausencia de bacterias con potencial patogénico como *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus*. Para ello, se utilizaron los medios de cultivo nutritivos y los medios selectivos/diferenciales descriptos en la FA. La identificación bacteriana se realizó empleando pruebas bioquímicas metabólicas. Los resultados se analizaron de acuerdo a lo establecido por la FA (8va Edición, Volumen<90>): total de hongos y levaduras ≤ 10 unidades formadoras de colonias por ml (UFC)/ml, microorganismos aerobios viables totales ≤ 1000 UFC/ml; total de *Enterobacteriaceae* ≤ 100 UFC/ml y ausencia de *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* y de *Salmonella* spp. El análisis de los resultados mostró que el 8.0% y el 2.0% de las muestras analizadas presentaron un recuento de microorganismos aerobios viables y de *Enterobacteriaceae* superior al límite establecido por la FA, respectivamente. El recuento de hongos y levaduras resultó menor al especificado por la FA. Asimismo, se recuperó *Staphylococcus aureus* en el 4.0% y *Escherichia coli* en el 2.0% de las muestras analizadas. No se obtuvo desarrollo de *Pseudomonas aeruginosa* y de *Salmonella* spp. Este trabajo demuestra la importancia del control de calidad microbiológico del aceite de Cannabis como indicador de higiene del proceso de producción y decontaminación por microorganismos potencialmente patógenos para el hombre, especialmente en pacientes inmunosuprimidos. De esta manera, se garantiza la calidad del producto, eficacia de acción y efecto terapéutico y la seguridad del producto hacia la población.

Palabras claves: Cannabis, calidad, microbiología

JUGO GIUGGIOLINI, Ana Daniela María⁽¹⁾, LESCANO FARIAS Lara Valeria⁽¹⁾ y NEDIANI, Miriam Teresa⁽¹⁾

1 Facultad de Agronomía y Agroindustrias. Universidad Nacional de Santiago del Estero. E-mail: anadanielajugo15@gmail.com

La contaminación microbiana de las canales está determinada por el estado de salud del animal antes de la faena, las condiciones de transporte y sobre todo por las condiciones higiénicas durante la faena y los métodos utilizados para el acondicionamiento de la carne. Estos procedimientos no sólo influyen en la carga microbiana, sino también en el tipo de microorganismos presentes. Por otro lado, en los últimos años, ha incrementado la demanda de los consumidores por alimentos con bajo contenido en sodio, debido a la sensibilización por parte de los profesionales de la salud para limitar el consumo de sodio, al asociarse éste con un mayor riesgo de ciertas afecciones, como la hipertensión y la enfermedad cardiovascular. En respuesta, muchos países han adoptado estrategias para la reducción de sodio, sin embargo, para alimentos como la carne procesada, la creación de formulaciones reducidas en sodio continúa siendo un desafío. El contenido de sodio en la carne procesada tiene un papel importante tanto en las propiedades funcionales como las sensoriales y la estabilidad microbiana. En este trabajo se plantearon como objetivos la elaboración de jamones bajos en sodio aplicando dos formulaciones diferentes así como el análisis de la evolución microbiológica para verificar la calidad y seguridad alimentaria. Se utilizó carne caprina de animales faenados a campo por los productores rurales, las cual fue mejorada mediante el agregado de ácido láctico al 2% para disminuir la carga microbiana inicial de la materia prima. Las diferencias en la formulaciones radicaron en los ingredientes y su dosificación, formulación A: Sal de cura hiposódica (Sal de sodio 33% y potasio 66%, sal nitro, fosfatos, azúcar blanca, clavo de olor y coriandro) y formulación B: Sal de cura tradicional con sal hiposódica (Sal de sodio 33% y potasio 66%, sal nitro, fosfatos, azúcar blanca, clavo de olor y pimienta blanca). Luego de su elaboración, se permitió una fermentación espontánea bajo condiciones ambientales típicas de la región, durante 4 días, seguidos de una maduración hasta la pérdida de 40% de agua. Se analizó el perfil microbiológico de los productos de acuerdo a las técnicas especificadas por el ICMSF para determinar si se ajustan a lo estipulado por el Código Alimentario Argentino (CAA) para coliformes totales, fecales y *Salmonella spp.* La formulación A no evidenció desarrollo de coliformes mientras B presentó 2400 NMP/g de coliformes totales y fecales, en ambos casos se detectó la presencia de *Salmonella spp.* Los resultados muestran que los productos artesanales elaborados mediante fermentación espontánea no aseguran calidad higiénica y sanitaria, por lo tanto, es importante contar con materia prima de calidad instando a los productores rurales a llevar a cabo la faena de los animales en establecimientos frigoríficos autorizados. Al mismo tiempo la adición de cultivos iniciadores autóctonos garantizaría un producto homogéneo, estandarizado y apto microbiológicamente ya que constituyen una barrera adicional para el control del desarrollo microbiano importante en aquellos productos cuyo contenido de cloruro de sodio es reducido.

Palabras clave: Jamones, carne caprina, calidad microbiológica.

MG12	EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD FERMENTATIVA DE LEVADURAS NATIVAS DEL BAGAZO DE LA CAÑA DE AZÚCAR PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL
-------------	---

KRENTZ Mikaela S⁽¹⁾, ZUBRESKI Emilce R⁽¹⁾, MERELES RODRIGUEZ Beda E⁽¹⁾, VALLEJOS Maria⁽¹⁾, FELISSIAS Fernando⁽¹⁾, KLEIN Andrés⁽¹⁾, SAMBUCHETTI Yeni⁽¹⁾, LANDAINA Karina⁽¹⁾, RIGO José Ignacio⁽¹⁾, CHADE Miriam E⁽¹⁾.

⁽¹⁾ Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones Mariano Moreno 1375. Posadas. Misiones. e-mailmikakrentz@gmail.com

Existe un continuo incremento en el consumo de energía alrededor del mundo, como consecuencia del desarrollo industrial y el crecimiento de la población. Sin embargo, las fuentes convencionales de energía como los combustibles fósiles no pueden satisfacer en su totalidad tal demanda energética; las cantidades de estas fuentes no renovables son limitadas y ejercen un impacto negativo en el medio ambiente. El bioetanol se perfila como un recurso energético potencialmente sustentable, de alta viabilidad técnica, que puede ofrecer ventajas medioambientales y económicas a largo plazo, puesto que, a diferencia del petróleo, éste se obtiene a partir de procesos de conversión basados en el uso de fuentes vivas como microorganismos. Son escasos los estudios en los que la selección de levaduras para la producción de etanol, proceden de residuos lignocelulósicos. El presente trabajo tuvo como objetivo aislar e identificar levaduras nativas del bagazo de la caña de azúcar, proveniente del Ingenio Azucarero de la localidad de San Javier en la provincia de Misiones, Argentina, capaces de producir bioetanol a partir de la fermentación de la glucosa en medios sintéticos. Para el aislamiento de levaduras se utilizó un método estandarizado para el control microbiológico de muestras sólidas. Se aislaron cuatro cepas, que fueron identificadas fenotípica y genotípicamente mediante estudios sistemáticos de sus características macro-micro morfológicas, bioquímicas, espectrometría de masas y secuenciación del ARN ribosomal, respectivamente. Los aislados fueron identificados como *Pichia membranifaciens*, complejo de especies *Candida famata* y *Saccharomyces cerevisiae*. Se evaluó la producción de bioetanol, cuantificado mediante cromatografía líquida de alta eficacia, a través de la fermentación de glucosa en cultivos tipo Batch discontinuos agitados en baños termostáticos, por *Saccharomyces cerevisiae* nativo, considerado microorganismo universal para la producción de bioetanol. De la misma manera se trabajó con la cepa *Saccharomyces cerevisiae* ATCC 9763. Para seguir el curso de la fermentación se analizaron la población microbiana y las concentraciones de glucosa y etanol. La cepa mostró potencial fermentativo para la obtención de etanol, con una eficiencia del 80,2%, obteniendo una concentración máxima de 12,03 g/L y un rendimiento $Y_{p/s}$ de 0,41 g/g, a las 44hs, a partir de una concentración de 30 g/L de glucosa en el medio de fermentación. Se evidenció un mayor rendimiento a partir de la cepa utilizada como referencia ($Y_{p/s} = 0,47$ g/g) con una eficiencia del 91,9% en la conversión de glucosa a etanol y una producción máxima de etanol de 13,85 g/L. La producción de biocombustibles, bioetanol en este caso, es considerada como una estrategia energética más sustentable que la quema de combustibles fósiles, por lo que la búsqueda de microorganismos aislados de residuos lignocelulósicos resulta un desafío significativo a tener en cuenta, favorecer el cuidado del medio ambiente y beneficiar el desarrollo rural y agrícola regional.

Palabras clave: fermentación, bagazo, bioetanol, levaduras nativas

LEVIT Romina⁽¹⁾, DE MORENO DE LEBLANC Alejandra⁽¹⁾, LEBLANC Jean Guy⁽¹⁾

1 CERELA-CONICET. Chacabuco 145. 4000. Tucumán, Argentina. romina_levit@hotmail.com

La quimioterapia es uno de los tratamientos más utilizados y efectivos en la práctica clínica para una variedad de cánceres. Sin embargo, se sabe que produce efectos adversos en los pacientes, entre ellos, uno de los más comunes es la mucositis intestinal (MI). Nuestro grupo demostró previamente que una mezcla de bacterias lácticas (BL) compuesta por *Streptococcus (S.) thermophilus* CRL 808, productora de folatos, *Lactiplanti bacillus (L.) plantarum* CRL 2130, productora de riboflavina y *S. thermophilus* CRL 807, una cepa inmunomoduladora fue capaz de reducir la severidad de la MI asociada al tratamiento con 5-Fluorouracilo (5-FU). El objetivo de este trabajo fue evaluar la administración de la mezcla de BL en ratones con tumor de mama bajo tratamiento de quimioterapia con 5-FU. El tumor de mama fue inducido mediante inyección subcutánea de células 4T1 en la glándula mamaria superior derecha en ratones BALB/c. Luego de 14 días los animales que desarrollaron tumores de $0,5 \pm 0,1$ cm de diámetro se dividieron en 5 grupos experimentales. Los animales recibieron dos ciclos de quimioterapia, cada uno consistió en tres inyecciones i.p. de 5-FU o solución fisiológica (SF) para el grupo control, separados por un periodo de 6 días sin tratamiento. Además, los ratones recibieron diferentes tratamientos orales: SF o la mezcla de BL durante 15 días consecutivos. El peso corporal de los animales y el tamaño del tumor se controlaron a lo largo del experimento. Al final del experimento los animales se sacrificaron, se tomaron muestras de sangre para los análisis bioquímicos y para determinar los niveles de citoquinas en plasma. Con el objeto de evaluar la MI se disecaron los intestinos delgados para la evaluación microscópica. El bazo y el tumor de cada ratón fueron pesados. Los resultados mostraron, como era de esperar, que la administración de 5-FU redujo el crecimiento del tumor de mama, pero también se asoció con la presencia de MI. La mezcla de BL mantuvo el efecto del 5-FU (disminución de los volúmenes y pesos de los tumores) con una atenuación de los efectos secundarios no deseados, como la MI y la reducción de células sanguíneas circulantes. Además, la mezcla de BL por sí misma mostró un efecto anti-cancerígeno potencial que se observó por la reducción de los volúmenes y los pesos de los tumores en los ratones que recibieron sólo la mezcla de BL sin ningún otro tratamiento. La determinación de las concentraciones plasmáticas de citoquinas mostró que la administración de la mezcla de BL redujo significativamente los niveles de TNF- α en ratones con tumor sin quimioterapia, también se observó una disminución en los niveles de TNF- α e IL-6 en el grupo de ratones tratados con 5-FU y que se les administró la mezcla de BL. En conclusión la administración de la mezcla de BL fue capaz de atenuar la severidad de la MI asociada al tratamiento de quimioterapia con 5-FU sin afectar la actividad antitumoral del fármaco; además la mezcla bacteriana indujo por sí misma un retraso en el crecimiento del tumor.

Palabras clave: bacterias lácticas, folato, riboflavina, inmunomodulación, cáncer

LÖSCH Liliana S⁽¹⁾,MARÍN, Héctor M⁽²⁾,MEDINA Marcelo G⁽³⁾,PELLEGRINI Juan L⁽¹⁾,MERINO LA⁽¹⁾

1 - Área de Bacteriología, Instituto de Medicina Regional, Universidad Nacional del Nordeste, Resistencia, Chaco, Argentina. 2 - Área de Biología Molecular, Instituto de Medicina Regional, Universidad Nacional del Nordeste, Resistencia, Chaco, Argentina. 3 - Área de Medicina Tropical, Instituto de Medicina Regional, Universidad Nacional del Nordeste, Resistencia, Chaco, Argentina

Las especies del género *Legionella* se encuentran de manera ubicua en ambientes acuáticos en la naturaleza. Desde allí pueden pasar a colonizar y proliferar en las estructuras diseñadas para distribución y almacenamiento de agua tratada las que proveen condiciones para el desarrollo de esta bacteria, permiten su aerosolización e inhalación de este patógeno agente causal de la enfermedad del Legionario y de la fiebre Pontiac. Para el caso de estas bacterias patógenas transmitidas por el agua los estándares de calidad de agua para consumo humano vigente en nuestro país no son indicadores de su presencia/ausencia. El objetivo del presente trabajo fue comparar la técnica de referencia de cultivo para la evaluación de *Legionella* spp. en muestras de agua con técnicas moleculares. El muestreo se realizó en domicilios donde en investigación previa se determinó la presencia de *L. pneumophila* en los tanques de almacenamiento de agua potable. En cada uno de los hogares se tomaron dos litros de agua en recipientes estériles procedentes del reservorio. La detección de *Legionella* por cultivo se realizó según lo establecido en la norma ISO 11731:2017: las muestras se concentraron por filtración. Alícuotas de 0,5 ml con y sin tratamiento térmico se sembraron en placas de agar BCYE suplementado con cisteína y antibióticos. Paralelamente, el segundo litro también fue concentrado por filtración, usando membranas de 0,45µm. Luego, cada membrana fue transferida a 10 ml de buffer Ringer 1/40 y fue agitada durante 2 minutos con vórtex para homogeneizar adecuadamente. Alícuotas de 0,5 mL se sometieron a tratamiento térmico de 100°C durante 10 minutos. A partir de estas alícuotas se realizó un protocolo de qPCR con colorante intercalante (Sybr Green). Las secuencias diana utilizadas correspondieron a fragmentos conservados del gen 23S *rRNA* para la confirmación del género y el gen *mip* para identificación de la especie *L. pneumophila*. Se estudiaron 10 muestras de agua. Por medio del cultivo se determinó la presencia de *L.pneumophila* en 2 (2/10; 20%) de los tanques estudiados. La confirmación de estos aislamientos en género y especie se realizó utilizando mismos cebadores y técnica molecular previamente nombrada. Sin embargo la aplicación directa de la qPCR en los concentrados de las muestras, arrojó resultados negativos sobre todas ellas. Los resultados del presente trabajo ponen en evidencia: el comportamiento variable de *Legionella* en muestras ambientales, refuerza el valor del cultivo como técnica de referencia para el estudio de este microorganismo en estas muestras y finalmente que la presencia de inhibidores en las muestras ambientales pueden llevar a un resultado falso negativo en las técnicas moleculares, por lo que la estandarización y validación de nuevas técnicas para el monitoreo de patógenos en agua requieren estudios con series más amplias y procesos de validación rigurosos. Los aspectos previamente mencionados deben ser considerados en pos de minimizar el riesgo de infección hacia población susceptible ante la ausencia de normativa nacional que contemplen a aquellos patógenos emergentes de transmisión aérea.

Legionella, ambientes acuáticos, detección

MAYTA Martín⁽¹⁾, HERRERA Melina⁽¹⁾, POSSE Graciela^(1,2)

1Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Adventista del Plata, Libertador San Martín, Entre Ríos. 2 Sanatorio Adventista del Plata, Libertador San Martín, Entre Ríos. martinmayta@hotmail.com

Staphylococcus aureus resistente a metilina asociado a la comunidad (SAMR-AC) se asocia frecuentemente a infecciones de piel y partes blandas en personas sin factores de riesgo. Últimamente, se han detectado clones comunitarios causantes de infecciones hospitalarias (SAMR-AH) y viceversa, por lo que la distinción entre SARM-AC y SARM-AH ya no es tan delimitada. El objetivo de este estudio fue analizar los genomas completos de aislamientos de SAMR-AC de una región de Entre Ríos, para describir sus características genómicas y evaluar la presencia de determinantes de resistencia a antibióticos, elementos genéticos móviles y factores de virulencia. De un total de 29 aislamientos de SAMR-AC provenientes de pacientes atendidos en una institución de salud del interior de Entre Ríos durante 2014-2016, se seleccionaron 10 aislamientos representativos para secuenciar mediante WGS (*WholeGenomeSequencing*) sus genomas completos, utilizando la plataforma Novaseq6000 de Illumina. El control de calidad de las *reads* se realizó mediante FastQC y Kraken. El ensamblaje *de novo* mediante Unicycler y el control de calidad del ensamble mediante Quast. La anotación de los genomas se realizó con Prokka. Estas herramientas bioinformáticas se usaron a través de la plataforma "Galaxy Europe". Se caracterizaron las cepas mediante MLST (*MultilocusSequenceTyping*), tipificación del SCCmec mediante SCCmecFinder y tipo de *spa* con *spaTyper*, disponibles en el sitio web del *Center for Genomic Epidemiology*. Se buscaron determinantes de resistencia mediante el sitio web Pathogen.watchy con ResFinder. La detección de marcadores de virulencia y plásmidos se realizó con VirulenceFinder y Plasmidfinder, respectivamente. El control de calidad de las *reads* arrojó parámetros de buena calidad. Igualmente, los parámetros métricos del ensamble indicaron buena calidad y se correspondieron con la especie en estudio. Se obtuvo un promedio de longitud de los genomas de 2779732 pb, y 32,71 % GC. La anotación con Prokka dio un promedio de 2581 secuencias codificantes y 2641 genes. Se detectaron 3 complejos clonales (CC5, CC30 y CC8), y según secuenciotipo (ST), SCCmecy *spa* se obtuvo lo siguiente: 3 cepas CC30-ST30-IVc-t019; 2 cepas CC5-ST5-IVa-t311; 1 cepa CC5-ST100-SCCmec no determinado-t002; 1 cepa CC8-ST239-III-t037; 1 cepa CC8-ST8-V-t024; y 2 cepas con un ST no descrito similar al ST100-SCCmec no determinado-t002. Los genes de resistencia más frecuentes fueron *mecA* y *BlaZ* (en 10 y 7 genomas respectivamente), además se detectaron otros genes de resistencia aminoglucósidos, macrólidos y tetraciclinas; así como mutaciones asociadas a resistencia a rifampicina, ciprofloxacina y trimetoprima-sulfametoxazole. En 7/10 genomas se detectaron secuencias de replicones *rep* asociados a plásmidos y se evidenciaron una variedad de genes de virulencia, compartidos en su mayoría por los distintos CC. Este estudio brinda los primeros datos de características genómicas de aislamientos de SAMR-AC circulantes en una región de Entre Ríos, aportando información sobre la diversidad genotípica de los mismos, siendo los CC más encontrados (CC30 y CC5) coincidentes con lo descrito a nivel nacional.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, clones comunitarios, caracterización genómica.

NISORIA SANTILLAN Paula Elizabeth y RODRIGUEZ VAQUERO, María José

Cátedra de Microbiología General, Instituto de Microbiología, Universidad Nacional de Tucumán (UNT-CONICET) maria.rodriquezavaquero@fbqf.unt.edu.ar

Debido a los problemas derivados de la acumulación de residuos plásticos procedentes del petróleo, que constituyen una grave amenaza ambiental en todo el mundo debido a que provienen de una fuente no renovable y que su acumulación en el ambiente produce altos niveles de contaminación porque no pueden ser fácilmente degradados por el entorno, se busca una alternativa sustentable al plástico convencional, como son los polímeros naturales. El objetivo de este trabajo es aislar e identificar bacterias productoras de biopolímeros a partir de muestras de alimentos fermentados y productos de desechos. Se utilizaron diferentes muestras de industrias regionales y de ambientes con condiciones extremas (vinaza, cachaza, orujo, agua de olivas, ajíes, agua de lavado alcalina, entre otras). Las muestras se trasladaron al laboratorio, donde se sembraron en diferentes medios de cultivos sólidos (caldo común, MRS, PCA) ajustados a diferentes condiciones y pH y adicionados con antifúngico para evitar el crecimiento de levaduras y hongos filamentosos. Los cultivos se incubaron a diferentes temperaturas. La técnica de siembra fue por diseminación, agotando la muestra en diferentes cajas de Petri, con el fin de obtener colonias aisladas. Luego de 24-48 horas se observó el crecimiento en cada medio de cultivo, y se tomaron colonias aisladas para hacer cultivos puros. Las colonias se analizaron macroscópica y microscópicamente y se realizó una identificación fenotípica preliminar. De un total de 100 aislados, más del 60 por ciento fueron bacterias productoras de colonias mucosas mientras que el resto fueron colonias opacas. En medio de cultivo líquido, en todos los aislados, la producción de exopolisacárido fue mayor a 37°C, que a 25°C. Por otro lado, todas las bacterias aisladas, se sometieron a un crecimiento en condiciones de exceso de una fuente de carbono y con déficit en fuente de nitrógeno, luego se realizó una tinción con Sudan Negro B, a fin de determinar la producción de biopolímeros de polihidroxialcanoatos (PHA). La presencia de gránulos grisáceos en el interior de las células bacterianas se consideró positiva para la detección de gránulos de PHA. Al cuantificar el número de células con gránulos de PHA en cinco campos microscópicos por cultivo bacteriano, se seleccionaron los cultivos con el mayor número de células con gránulos de PHA por campo microscópico a 100x. Del total de los aislados, 10 bacterias aisladas de agua de aceitunas, ajíes y vinaza demostraron ser capaces de producir estos biopolímeros. Estos resultados preliminares, son las bases para continuar con la identificación y estudio de posibles bacterias productoras de biopolímeros, los cuales podrían ser utilizados para la producción de materiales sustentables.

Palabras claves: biopolímeros, bacterias, sustentabilidad.

PEREYRA Ana¹, BENTANCOR Adriana¹, CUNDON Cecilia¹

1 Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Microbiología.
apereyra@fvvet.uba.ar

El empleo de animales en investigación debe contemplar la aplicación del principio de las 3R: reemplazo; reducción del número de animales y refinamiento de las técnicas. En respuesta a estos parámetros y considerando la necesidad de utilizar modelos vivos, *Caenorhabditis elegans*, nematode de vida libre, ha sido empleado como modelo de diagnóstico en diversos estudios en reemplazo de animales convencionales. *Clostridium perfringens* tipo D, productor de toxina épsilon, produce cuadros de enterotoxemia. Para su diagnóstico se han utilizado tradicionalmente animales de experimentación, sin embargo el potencial de producción de toxina depende de cada cepa. El empleo de métodos alternativos para determinación de toxina épsilon *in vivo* podría ser de utilidad para monitorear la expresión de la misma por las cepas utilizadas como inmunógenos. El objetivo del presente estudio fue evaluar tres métodos de diagnóstico de toxina épsilon de *C. perfringens* tipo D utilizando *C. elegans* como modelo *in vivo*.

El estudio se realizó utilizando *C. perfringens* tipo D cepa 426 (cepario de la cátedra de Microbiología, FCV-UBA). Una colonia fue sembrada en caldo tioglicolato en jarra de anaerobiosis durante 6 horas a 37°C y sometida a centrifugación por 15 minutos a 1500 rpm. El sobrenadante fue conservado a 4 °C y posteriormente fue utilizado para diferentes ensayos. Previo a los ensayos, se activó la toxina con tripsina 0,005%. Se enfrentaron 200 µl del sobrenadante activado con diez nematodes en estadio de larva 4. La determinación de toxicidad sobre la cepa N2 de *C. elegans* se realizó por tres métodos: a) inoculación del sobrenadante en un hoyuelo en agar *Medio de Crecimiento de Nematodes* (NGM); b) diseminación del sobrenadante sobre placas de 10 cm con NGM sólido y c) sobrenadante en placa de 96wells. Posteriormente se llevó a cabo la transferencia de los nematodes en cada uno de los métodos. La sobrevivencia de *C. elegans* se determinó cada 15 minutos en un tiempo máximo de 2 hs. en función de la respuesta frente al estímulo del toque con el anillo de platino (métodos a y b) o parálisis del mismo (método c). Los resultados de sobrevivencia obtenidos según la técnica fueron: a) 100% (técnica del hoyuelo en agar); b) 60% (sobrenadante sobre cultivo) y c) 80% (placa de 96 wells). Los ensayos fueron repetidos por triplicado. Independientemente de la sobrevivencia establecida en el presente trabajo, las técnicas en placa permitieron observar el alejamiento de los nematodes de los inóculos.

A pesar del extenso uso de *C. elegans* como modelo biológico en diversas pruebas de toxicidad bacteriana, los antecedentes de su aplicación en anaerobiosis es escasa. Los ensayos del presente trabajo se realizaron con sobrenadantes del cultivo en los tiempos de máxima producción de las toxinas mayores de *C. perfringens*. El análisis posterior del sobrenadante permitirá definir si el efecto observado es debido a la toxina épsilon. Los resultados obtenidos en el método de placa de 96 wells podrían utilizarse para la estandarización del ensayo y ampliar los tiempos de lectura para la determinación de la DL50.

Palabras clave: toxina, *Caenorhabditis elegans*, *Clostridium perfringens*.

MG18	EVALUACIÓN <i>IN SITU</i> DE LA CAPACIDAD BIOPRESERVANTE DE RESIDUOS DE CERVECERÍA POR LACTOBACILOS AUTÓCTONOS.
------	--

RICOTTI Anabella ⁽¹⁾, **GARCÍA María José** ^(1,2), **ASURMENDI Paula** ^(1,2,3), **RUÍZ Francesca** ^(1,2)

1 Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). 2 Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS). 3 Miembro de CONICET. pasurmendi@exa.unrc.edu.ar / frui@exa.unrc.edu.ar

A partir del empleo de residuos cerveceros (RC) como alimento alternativo en la crianza de cerdos, surge la necesidad de hallar estrategias para su preservación debido a la alta susceptibilidad que presentan los mismos a la contaminación por microorganismos deteriorantes y/o patógenos, lo que disminuye rápidamente su vida útil. Uno de los principales enteropatógenos en la porcicultura es *Escherichia coli* F4/K88, responsable de diarreas post-destete en lechones. Los objetivos del presente trabajo fueron: (i) estudiar la viabilidad de *Lactobacillus brevis* L52 (actualmente *Levilacto bacillus brevis*), *Lactobacillus plantarum* L54 (actualmente *Lactiplantibacillus plantarum*) y *Escherichia coli* F4/K88 de forma individual en RC. (ii) evaluar el efecto biocotrolador *in situ* de las cepas de lactobacilos sobre *E. coli* en los RC y analizar los parámetros pH y a_w de cada tratamiento. Para determinar la permanencia individual de las cepas de lactobacilos y de *E. coli* en el RC, se inocularon 500 g de sustrato con la suspensión bacteriana correspondiente (lactobacilo 10^6 UFC/g y *E. coli* 10^5 UFC/g) y fueron almacenados a temperatura ambiente. Los recuentos se realizaron durante 15 días en agar MRS (lactobacilos) y en EMB (*E. coli*). Para la evaluación del efecto biocontrolador de los lactobacilos, se inocularon 500 g de RC con el enteropatógeno en estudio y en simultaneo se adicionó el inóculo correspondiente del lactobacilo a ensayar (L52 o L54). Luego de su homogenización y almacenamiento, se realizaron los recuentos correspondientes los días 0 a 7, 10 y 15. Además para todos los ensayos se determinaron los parámetros fisicoquímicos pH y a_w . La cepa L52 cuando fue evaluada individualmente, mostró un marcado crecimiento hasta el día 1 de almacenamiento del RC ($1,1 \times 10^9$ UFC/g), a partir del cual comenzó a decrecer no siendo detectable a partir del día 7. En cambio, la cepa L54 mostró un elevado recuento ($6,9 \times 10^8$ UFC/g) al día 2 y los valores se mantuvieron por encima de $2,2 \times 10^6$ durante los 15 días de estudio. El ensayo de viabilidad de *E. coli* demostró que el enteropatógeno permanece en el sustrato durante los 15 días de almacenamiento con recuentos superiores a $7,83 \times 10^5$ UFC/g. En los ensayos de biocontrol se observó que la cepa L52 inhibe rápidamente el desarrollo de *E. coli*, a las 24 h de almacenamiento no se detectó desarrollo de la bacteria patógena. Mientras que la cepa L54 muestra una inhibición total del enteropatógeno al tercer día de la experiencia. En este ensayo *E. coli* alcanzó un recuento máximo de $4,2 \times 10^9$ UFC/g. El rango de pH obtenido en las diferentes experiencias fue de 3,5 -4 y los valores de a_w oscilaron entre 0,990 y 1. Es decir, el sustrato durante los diversos tratamientos permanece en condiciones ácidas y de elevada humedad. En conclusión, las cepas *L. brevis* L52 y *L. plantarum* L54 fueron capaces de permanecer en el sustrato y de inhibir el desarrollo de *E. coli* productora de diarrea posdestete en los RC. Demostrando ser potenciales candidatas para su empleo como biopresevantes del sustrato.

Palabras claves: Biocontrol, residuos cerveceros, lactobacilos.

RÍOS María Soledad⁽¹⁾, BUSTAMANTE Ana⁽¹⁾, RICCIO María Belén⁽²⁾, SANSO Mariel⁽¹⁾, GONZÁLEZ Juliana⁽¹⁾

*1*Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología, CIVETAN-UNCPBA. *2* Dpto. de Fisiología, FCV-UNCPBA.

m.soledad3v@gmail.com

Escherichia coli es una bacteria presente en el tracto intestinal del hombre y algunos animales que, además, puede sobrevivir en el agua y en los alimentos. Ciertas cepas de esta especie son capaces de producir una amplia variedad de enfermedades en el hombre. La estructura genética de *E. coli* es predominantemente clonal, pudiendo delimitarse 7 grupos filogenéticos asociados a diferentes características fenotípicas, nichos ecológicos y patogenicidad. La caracterización filogenética es una herramienta importante para conocer la estructura poblacional de *E. coli* y la relación entre cepas y enfermedad. La industria avícola es uno de los segmentos más importantes de la producción de alimentos del mundo y, particularmente en Argentina, crece año tras año. El objetivo de este estudio fue asignar grupos filogenéticos a aislamientos de *E. coli* presentes en granjas avícolas. Se obtuvieron muestras de 4 granjas ubicadas en el partido de Tandil: una convencional de cría de pollos parrilleros, con sala de faena (G1), dos agroecológicas (G2 y G3) y una convencional de gallinas ponedoras (G4). Entre noviembre de 2021 y marzo de 2022, por técnica de hisopado cloacal o de la canal, se recolectaron 195 muestras de pollos parrilleros, gallinas ponedoras y canales junto a muestras de camas, agua, alimento balanceado y superficies de galpones y de una sala de faena. Se obtuvieron aislamientos de *E. coli* utilizando técnicas bioquímicas convencionales. La confirmación de especie se realizó por PCR, mediante la amplificación del gen *uspA*. La determinación de grupos filogenéticos se realizó por una PCR cuádruplex, amplificando los genes *chuA*, *yjaA*, *TspE4C2* y *arpa*. Del total de muestras analizadas, 163 (83,6%) resultaron positivas para *E. coli*, obteniéndose de ellas 316 aislamientos. Éstos fueron asignados a los siguientes grupos filogenéticos: A (21,8%), A/C (28,8%), B1 (20,3%), B2 (0,9%), D/E (12,7%), E/Clado I (2,2%), F (5,7%). El 7,6% de los aislamientos restantes no pudo asignarse a algún grupo filogenético. En relación a los aislamientos del filogrupo A, el 72,7% fueron obtenidos de cloacas de pollos parrilleros, bebederos, alimento balanceado, camas de galpones, canales y superficies de sala de faena de G1. Sólo se hallaron *E. coli* del grupo filogenético F en cloacas de pollos parrilleros de G1 y cloacas de gallinas ponedoras de G3; y *E. coli* del grupo filogenético B2, en cloacas de gallinas ponedoras de G3 y G4. En relación a los aislamientos con perfiles A/C, D/E y E/Clado I, serán analizados mediante otra PCR para definir el grupo al que pertenecen. Se ha postulado que las cepas de *E. coli* patógenas intestinales pertenecen principalmente a los grupos A y B1, mientras que las cepas pertenecientes a los grupos B2 y D se encuentran mayormente asociadas con patógenos extraintestinales. Los resultados preliminares indicarían la prevalencia, en distintos eslabones de la cadena de producción aviar, de cepas de *E. coli* potencialmente asociadas a enfermedades intestinales. Esta información alerta sobre la necesidad de implementar medidas de higiene que reduzcan los riesgos microbiológicos durante la producción, procesamiento y distribución de productos avícolas destinados al consumo humano.

Palabras clave: *Escherichia coli*, Grupos filogenéticos, Producción aviar.

ROCCA Antonella⁽¹⁾, GARCÍA María José^(1,2), ASURMENDI Paula^(1,2,3), RUIZ Francesca^(1,2)

1 Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). 2 Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS). 3 Miembro de CONICET. antojelrocca@gmail.com

Los residuos de cervecería (RC) suelen emplearse como aditivos alimentarios en diferentes producciones pecuarias. A partir de este sustrato se han aislado y seleccionado previamente cepas de lactobacilos con potencial probiótico para su aplicación en sanidad animal. Uno de los criterios relevantes para la selección de cepas benéficas es determinar su seguridad biológica. Asimismo, la capacidad de los lactobacilos de producir sustancias con actividad antimicrobiana constituye una característica importante relacionada con la protección que brindan estos microorganismos frente a diversas infecciones. Los objetivos de este trabajo fueron i) Evaluar la producción de hemolisinas y aminas biógenas por *Lactobacillus brevis* L52, *L. plantarum* L54, *L. cellobiosus* L56 y *L. plantarum* L57 aislados de RC, ii) Estudiar la susceptibilidad antibiótica de los lactobacilos y iii) Determinar la actividad antimicrobiana de los mismos sobre diferentes microorganismos patógenos. La evaluación de la actividad hemolítica de las cepas de lactobacilos se determinó en placas de agar sangre de carnero (5%). Las pruebas de descarboxilación de L-histidina, L-ornitina y L-lisina se realizaron para evaluar la capacidad de producir aminas biógenas. Por otro lado, la susceptibilidad antibiótica de los lactobacilos en estudio se ensayó mediante la técnica de difusión en disco en placas con agar MRS. Los antibióticos probados fueron ampicilina, cefoxitina, ceftazidima, cefotaxima, cefepime, imipenem, clindamicina, ciprofloxacina, vancomicina, gentamicina, eritromicina y trimetoprima-sulfametoxazol. El estudio de la actividad antimicrobiana de los lactobacilos se realizó mediante la técnica de estrías cruzadas sobre cepas de *E. coli* (n=2), *Salmonella* spp. (n=3) y *Shigella* spp. (n=2). Además, se realizó la técnica de difusión en pozos para evaluar la actividad inhibitoria de los sobrenadantes libres de células (SLC) y los SLC neutralizados (SLCN) de cada cepa en estudio. Los resultados hallados demostraron que los lactobacilos no fueron capaces de producir actividad hemolítica ni aminas biógenas. Por otro lado, los estudios de susceptibilidad antibiótica mostraron perfiles de sensibilidad/resistencia similares en todas las cepas de lactobacilos. Se observó sensibilidad intermedia o resistencia a cefoxitina, ciprofloxacina, vancomicina, gentamicina y trimetoprima-sulfametoxazol. Al evaluar la actividad antimicrobiana, se observó que todos los lactobacilos produjeron inhibición del crecimiento de *E. coli*, *Salmonella* spp. Y *Shigella* spp. con halos de inhibición promedio que oscilaron entre 23-31 mm; 21,67-23,67 mm y 24-27,5 mm, respectivamente. Los resultados obtenidos mediante la técnica de difusión en pozos indicaron que tanto los SLC como los SLCN mantuvieron actividad antimicrobiana frente a estas bacterias patógenas. La inhibición del crecimiento bacteriano producido por los SLCN indicaría que los metabolitos responsables de la mayor actividad no son los ácidos orgánicos sino que podrían ser otros como bacteriocinas. En conclusión, los hallazgos de este estudio permitieron demostrar que estos lactobacilos cumplen con determinados criterios de seguridad para cepas potencialmente probióticas. Además, presentaron una importante capacidad inhibitoria sobre diversos microorganismos patógenos, representando una propiedad benéfica muy importante para su potencial aplicación como agentes biocontroladores.

Palabras claves: Probióticos, Seguridad biológica, actividad antimicrobiana

SASONI Natalia⁽¹⁾; LATORRE-RAPELA María Gabriela⁽¹⁾; MORALES-LOPEZ Soraya⁽²⁾; BERRIO Indira⁽³⁾; GAMARRA Soledad⁽¹⁾; GARCIA-EFFRON Guillermo^{(1,4)*}.

¹ Laboratorio de Micología y Diagnóstico Molecular – Cátedra de Parasitología y Micología - Facultad de Bioquímica – Universidad Nacional del Litoral – Ciudad Universitaria - Santa Fe (CP 3000) - Argentina.

²Grupo CINBIOS, Programa de Microbiología - Universidad Popular del Cesar - Valledupar (200002), Colombia. ³Hospital general de Medellín 'Luz Castro de Gutiérrez' ESE - Medellín (050015)– Colombia.

⁴ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). Santa Fe (CP 3000). Argentina.

Candida auris es un problema de salud pública por su multiresistencia y su tendencia a provocar brotes nosocomiales. La identificación de esta especie en una muestra clínica implica el aislamiento del paciente y el inicio inmediato de un tratamiento antifúngico. La identificación de *C. auris* es difícil. Los métodos fenotípicos disponibles (incluyendo VITEK) no son capaces de diferenciar esta especie de otras estrechamente y la única manera de identificarla es por biología molecular o por MALDI-TOF. La necesidad de realizar un control estricto de colonización e infección por esta especie impulsó el desarrollo de metodologías simples, rápidas y menos costosas como el medio cromogénico CHROMagar-*Candida*-Plus™. Este medio de cultivo se ha comercializado y publicitado como capaz de identificar *C. auris*.

El objetivo de este trabajo fue analizar la capacidad de este nuevo medio cromogénico para diferenciar *C. auris* de otros miembros del complejo *C. haemulonii* (*C. haemulonii*, *C. pseudohaemulonii*, *C. duobushaemulonii* y *C. vulturna*) y de otras levaduras comúnmente aisladas en la práctica clínica. Se estudió una colección de 220 cepas que incluía (en orden alfabético): *C. albicans* (n=10), *C. auris* clado IV sudamericano (n=53), *C. dubliniensis* (n=5), *C. duobushaemulonii* (n=5), *C. haemulonii* (n=15), *C. lusitaniae* (n=10), *C. metapsilosis* (n=5), *C. orthopsilosis* (n=5), *C. parapsilosis sensu stricto* (n=70), *C. pseudohaemulonii* (n=5), *C. tropicalis* (n=10), *C. vulturna* (n=5), *Nakaseomyces (Candida) glabrata* (n=11), *N. braccarensis* (n=2), *N. nivariensis* (n=4), *Pichiakudiazvevii (Candidakrusei)* (n=5). Todas las cepas, con la excepción de *C. vulturna*, se identificaron utilizando métodos de PCR clásica basados en la detección de diferencias en las regiones ITS (operón ribosomal). *C. vulturna* que se identificó por secuenciación Sanger. El ADN fue extraído por el método del fenol rápido. Las cepas se cultivaron como inóculos acuosos individuales de 3 µl en placas CHROMagar-*Candida*-Plus™ (inoculación tipo spot). Los morfotipos de colonias (color anverso, color reverso, aspecto de la colonia y presencia y color de halo difusible) se evaluaron en 5 puntos temporales (24 h, 36 h, 48 h, 60 h y 72 h). CHROMagar-*Candida*-Plus™ fue una herramienta útil para la identificación presuntiva de *C. albicans*/*C. dubliensis* (colonias verdes), *C. auris* (colonias blancas con halo azul), *C. tropicalis* (colonias azules) y *C. krusei* (colonias rosadas secas). Los mejores resultados se obtuvieron después de 48 horas de incubación a 35°C. CHROMagar-*Candida*-Plus™ fue capaz de diferenciar fácilmente *C. auris* de otras especies estrechamente relacionadas del complejo *C. haemulonii* (ninguna presentó halo azul). Por estas razones, este medio cromogénico sería útil como herramienta de detección y vigilancia para la colonización por *C. auris*. Sin embargo, el 44,3% de las cepas del complejo *C. parapsilosis* mostraron morfotipos similares a *C. auris* (colonia blanca con halo azul) por lo que habría un alto porcentaje de falsos positivos. Por esta razón, proponemos utilizar CHROMagar-*Candida*-Plus™ con 8 µg/ml de fluconazol cuando se lo utilice en un contexto de brote potencial por *C. auris*. Este medio modificado fue probado y diferencia claramente *C. parapsilosis* (sensibles al azol) de *C. auris* (resistentes a esta droga).

Palabras clave: *Candida auris*, identificación, CHROMagar-*Candida*-Plus™

LORIANA TOMASSINI ^(1,2), **VIVIANA R.RANDAZZO** ⁽³⁾

⁽¹⁾ Hospital Interzonal Especializado Materno Infantil Don Victorio Tetamanti, Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. ⁽²⁾ Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. ⁽³⁾ Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. [*ltomassini@mdp.edu.ar](mailto:ltomassini@mdp.edu.ar)

Las amebas de vida libre (AVL) son protistas ubicuos y anfizoicos, asociados a econosis. Existen 4 géneros potencialmente patógenos para el ser humano: *Acanthamoeba*, *Naegleria*, *Sappinia* y *Balamuthia*. *Acanthamoeba* spp. se encuentra entre los protozoos ambientales más prevalentes con distribución cosmopolita. Es agente etiológico de queratitis y encefalitis granulomatosa amebiana así como de infecciones diseminadas. La mayor parte de los casos humanos reportados tienen en común el uso de agua con escasa calidad sanitaria. *Acanthamoeba* spp participa además en la transmisión y perpetuación en el ambiente de diferentes microorganismos potencialmente patógenos (endosimbiontes) de interés en salud pública. Si bien en Argentina, existen numerosos reportes de su aislamiento en cuerpos de agua dulce, no existe información acerca de la presencia de *Acanthamoeba* spp y otras AVL, en humedales costeros. En este contexto, y en el marco de un amplio proyecto de investigación, el objetivo del presente trabajo fue la búsqueda e identificación de AVL de importancia sanitaria en humedales costeros del sudeste bonaerense, Argentina. Desde febrero del 2021 a marzo del 2022, se recolectaron 18 muestras de agua salada correspondientes a playas de la ciudad de Mar del Plata utilizadas por la población para recreación. Las playas muestreadas fueron: playas Waikiki, SunRider, Constitución, Felix U Camet, Puerto y en la marina del Puerto. Las muestras fueron colectadas por inmersión en recipientes estériles de 500 ml. Una vez en el laboratorio las mismas se dejaron decantar 24 hs. Posteriormente se realizaron cultivos, observaciones microscópicas, identificaciones morfológicas y moleculares. Las muestras fueron sembradas en Agar no nutritivo suplementado con *Escherichia coli* en solución de Page, e incubadas a 37 y 42°C para la identificación de especies termófilas. En el 66,67% (12/18) de las muestras de agua de mar, se aislaron AVL, con características morfológicas típicas compatibles con *Acanthamoeba* spp, confirmándose molecularmente el 100 % (12/12) de las muestras caracterizadas. Las muestras incubadas a 42 °C resultaron negativas, descartándose la presencia de *Naegleria* sp. Los resultados obtenidos constituyen el primer reporte de aislamiento del género *Acanthamoeba* en agua salada en nuestro país y pone de manifiesto la preocupante versatilidad y adaptabilidad de las amebas para sobrevivir en distintos ambientes y condiciones. Por su potencial patogenicidad y su capacidad endosimbiótica, la presencia de *Acanthamoeba* spp en humedales costeros, se constituye como una señal de alarma. La profundización en el conocimiento del tema resulta fundamental para la vigilancia epidemiológica y el control sanitario del área de influencia de este trabajo, y pone luz sobre posibles reservorios de microorganismos patógenos en cuerpos de agua de la región.

Palabras Clave: Amebas de Vida Libre, Protozoos, Humedales, Agua de Mar,

Agradecimientos: Dra. Karina Soledad Esquius y María Soledad Dominguez por la recolección de las muestras.

FINANCIAMIENTO: SECyT UNS -PGI 24/B273

VENEZUELA R. F⁽¹⁾, MOSMANN J.P⁽¹⁾, KIGUEN A. X⁽¹⁾, MUGAS M. L⁽²⁾, SALAS A⁽¹⁾, NUÑEZ MONTOYA S.C⁽²⁾, KONIGHEIM B.S⁽¹⁾, CUFFIN C.G⁽¹⁾

(1) Instituto de Virología Dr. J. M. Vanella, Fac. Cs Medicas, Univ. Nac. Córdoba. Enfermera Gordillo Gómez s/n - CP: 5016 - Ciudad Universitaria. Córdoba Capital-Provincia de Córdoba-Argentina.(2) IMBIV-CONICET, Dpto. Farmacia, Fac. Cs. Químicas, Univ. Nac. Córdoba. Edificio Ciencias II, Ciudad Universitaria - X5000HUA Córdoba Capital-Provincia de Córdoba-Argentina.

Email: fernando.venezuela@unc.edu.ar

El virus del papiloma humano (VPH) es el agente involucrado en la evolución al cáncer de cuello de cuello de útero (CaCu). Las oncoproteínas E6/E7 de los VPH de alto riesgo intervienen en diferentes mecanismos que exacerbaban la supervivencia y la división celular, entre otros. Los tratamientos actualmente disponibles no son específicos de la infección y la mayoría de las quimioterapias para el CaCu, pueden provocar efectos secundarios graves. Se sabe que más del 50% de todos los medicamentos contra el cáncer son de origen natural o derivados de compuestos naturales. En tal sentido *Taraxacum officinale* G. Weber ex F.H. Wigg (“diente de león”) mostró en estudios previos, diversas bioactividades, en diferentes líneas celulares de cáncer.

En este trabajo evaluamos los efectos de un extracto etanólico de raíz de *T. officinale* (R-EtOH), sobre la proliferación, supervivencia, migración y la expresión de oncogenes virales, en líneas celulares de CaCu infectadas con VPH. El R-EtOH se obtuvo a partir de raíces de *T. officinale* y se utilizaron líneas celulares de CaCu infectadas con VPH 16 y 18 (CaSki y HeLa), células CaCu sin VPH (C33A) y queratinocitos inmortalizados (HaCaT). La citotoxicidad se evaluó por medio de la reducción de MTT, incubando las células con 15 concentraciones diferentes de R-EtOH, durante 48hs. A partir de este ensayo se obtuvieron las concentraciones inhibitorias CI_{20} y CI_{50} , las cuales fueron utilizadas para los ensayos posteriores. Para evaluar la supervivencia luego de la exposición a R-EtOH, se realizó el ensayo clonogénico. La respuesta apoptótica se observó: utilizando el ensayo de TUNEL por microscopia luego de 48 hs de exposición a CI_{20} e CI_{50} , y a través de la medición de Anexina V y 7-AADa 24 y 48 hs de exposición con CI_{20} por citometría de flujo (CF). La inducción de autofagosomas fue observada marcando la proteína LC3 luego de 48 hs de exposición a CI_{20} e CI_{50} . El efecto sobre la migración celular fue evaluado mediante un ensayo de cicatrización de heridas exponiendo las diferentes células a CI_{20} durante 24 hs. Para evaluar la expresión relativa del oncogén E6 y E7 de los VPH 16 y 18 se realizó una qPCR utilizando GAPDH como gen de referencia.

El extracto R-EtOH demostró selectividad hacia las células de CaCu y provocó la disminución de la viabilidad celular, reducción en la capacidad de formar colonias, aumento inducción de la apoptosis y de autofagosomas y la disminución en la expresión de los oncogenes E6/E7 de los VPH 16 y 18 de manera dosis-dependiente. Además, disminuyó eficazmente la migración celular en comparación con las células no tratadas.

Nuestros resultados mostraron que el extracto R-EtOH contiene componentes bioactivos que afectan de manera eficiente y selectiva la viabilidad de las células de CaCu y que la reducción en la expresión de E6/E7, podría ser uno de los mecanismos responsables de los efectos observados. Por lo tanto, consideramos importante continuar explorando los componentes de R-EtOH como una fuente de nuevos quimioterapéuticos para tratar las lesiones provocadas por el VPH.

Palabras clave: cáncer de cuello de útero; virus papiloma humano; *Taraxacum officinale*; diente de león.

INDICE ALFABETICO DE LOS AUTORES

A

ABATE, SERGIO	E1
ALCARAZ, GABRIELA	A1 – MC1
ANDORO, DÉBORA	A2
ARMADA MARÍA E.	MC2
AVILA HAEL, G. NATIVIDAD	MG1

B

BALBONA, MARIANELA	MC3
BAMBICHA, RUTH	MG2
BARRIL, PATRICIA A.	MG3
BETTER, SUSANA	E2
BITANCOR, MARIANA	MG4
BOJANICH, MARÍA V.	E3
BONTTI SERGIO	MC4
BUCCIARELLI, RICARDO	A3 – A4
BUENO, DANTE J.	MG5
BUSS FLORENCIA M.	A5

C

CANZ, MARÍA J.	MG6
CASTRO, MAXIMILIANO G.	A6
CLAPIER. LUCAS J.	A7
COMETTO, MARIA V.	MC6
CONTRERAS, LORENA	A8
CORONEL, MELINA	MC7
CORREA, MARÍA F.	MC8
COSTA, AGUSTINA	A9

CH

CHADE, MIRIAM	MC5
---------------	---------------------

D

DINGIANDI, Ana Laura	MC9
DOMINGUEZ, MARIA S.	A10

E

ELERA OJEDA, ROSARIO	MG7
ENCINAS, MICAELA	MG8

F

FARA, AGUSTINA	MG9
FARRANDO, SILVINA	E4
FERRERA, YAMILA	A11
FLORES, SILVIA A.	A12

G

GALLARDO, ADRIANA A.	E5
GAMBARTE, LAURA	MC10
GARCÍA, FLORENCIA	MC11
GARCÍA, PAULA	A13
GARCÍA ROVERE, ELISA	A14
GÓMEZ, VERÓNICA I.	E6
GOMEZ COLUSSI, ANDREA F	MC12
GONZÁLEZ, AGUSTINA	MG10
GONZÁLEZ, CAROLINA	A15
GONZÁLEZ, MARÍA JOSÉ	A16
GONZÁLEZ, MARÍA JOSEFINA	A17
GUALTIERI, ARIEL F.	MC13

H

HERGUI, BRENDA	MC14
HOFMANN, TERESA M.	A18

I

IRIARTE, HEBE	A19
IRRAZABAL, MARIA G.	A20

J

JUAREZ TEJEDA, SAMANTHA	MC15
JUGO GIUGGIOLINI, ANA D. M.	MG11

K

KRENTZ, MIKAELA S.	MG12
--------------------	----------------------

L

LAZZARINI, LORENA	E7 – MC16
LEVIT, ROMINA	MG13
LÓPEZ, MARÍA DE LOS Á.	E8
LÖSCH, LILIANA S	E9 – MG14

M

MANASSERO, NORMA C.	MC17
MANGOLD, CAMILA	MC18
MARINICH, ARACELI	A21
MAYTA, MARTÍN	MG15
MEDEOT, ROMINA	MC19
MENDOSA, MARÍA A.	MC20
MENOCAL, ALEJANDRA	A22
MIGUEL, CANDELA S.	MC21
MOLINA, ANA P.	MC22
MORANDINI, FABRIZIO	A23

N

NEDIANI, MIRIAM T.	E10
NISORIA SANTILLAN, PAULA E.	MG16
NOVOSAK, MARIA G.	A24

P

PAIRA, DANIELA A.	MC23
PELLEGRINI, JUAN L.	A25
PEREYRA, ANA	MG17
PÉREZ, FLORENCIA	MC24
PIDUTTU, AGOSTINA M.	A26

R

RAUSCH, ANDREA L.	A27
RICOTTI, ANABELLA	MG18
RIOS, MARIA S.	MG19
RIVAS, CECILIA F	A28
ROCCA, ANTONELLA	MG20

S

SALIDO, GIMENA	MC25
SASONI, NATALIA	MG21
SAÚL, CLARA	MC26
SEGOVIA, GLENDA	MC27
SIGNORELLI NUÑEZ, GEORGINA	MC28
SOSA, MARÍA DE LOS Á.	E11
SOTELO, AILIN	MC29

T

TACHINI, MARÍA del M.	MC30
TOMASSINI, LORIANA	MG22

U

URQUIZA, DAIANA J.	MC31
--------------------	----------------------

V

VALENZUELA, RAÚL F.	MG23
VERA, VICTOR	MC32

Fe de Erratas de los compiladores.

Página 68, MC15

Donde decía: "*Mycoplasma genitalium* UN PATOGENO EMERGENTE EN INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL".-

Corresponde: "**INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL POR *Mycoplasma genitalium***"