

VI CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA AGRÍCOLA Y AMBIENTAL



*“Del ambiente a la aplicación:
microorganismos para el desarrollo
sustentable”*

Academia Nacional de Medicina
Ciudad Autónoma de Buenos Aires

24 al 26 de septiembre de 2025

ACTAS

Asociación Argentina de Microbiología

VI Congreso Argentino de Microbiología Agrícola y Ambiental : CAMAyA ;
Compilación de Inés García de Salamone ... [et al.]. - 1a ed. - Ciudad Autónoma de
Buenos Aires : Asociación Argentina de Microbiología, 2026.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga

ISBN 978-987-48458-6-3

1. Microbiología. I. García de Salamone, Inés, comp.

CDD 579.0282

ISBN 978-987-48458-6-3



Prólogo

Bajo el lema "***Del ambiente a la aplicación: microorganismos para el desarrollo sustentable***", desde la División Agrícola y Ambiental (DIMAyA) de la Asociación Argentina de Microbiología hemos organizado el VI Congreso Argentino de Microbiología Agrícola y Ambiental (VI CAMAyA). Este evento académico fue ideado como un espacio de cordial intercambio, reflexión y discusión que ha convocado a investigadores, docentes, alumnos de grado y posgrado y a toda persona vinculada con la microbiología agrícola y ambiental.

Los tres ejes temáticos incluidos fueron:

- Microorganismos en la bioeconomía y la producción sustentable.
- Biodiversidad microbiana como recurso para enfrentar desafíos ambientales.
- Microbiología básica y aplicada en el marco de Una Salud.

La bioeconomía es un modelo técnico-económico, en el que los componentes básicos para materiales, productos químicos y energía derivan de recursos biológicos renovables. Este es un paradigma productivo relativamente nuevo que integra todos los conceptos de los modelos de las economías verde y circular, pero agrega la importancia del conocimiento de la biodiversidad, del funcionamiento de los ecosistemas y de los procesos biológicos. Esta megatendencia mundial que se desarrolla en varias dimensiones, se define como la integración de una agricultura sostenible con una industrialización inteligente y permite conservar o incrementar los servicios ecosistémicos y el manejo adaptativo de los sistemas productivos mediante el gerenciamiento de la heterogeneidad ambiental.

En este contexto, es claro que la ecología microbiana del suelo y la sostenibilidad, tanto agrícola y como ambiental, están estrechamente vinculadas. La salud del suelo y el crecimiento de las plantas dependen directamente de las comunidades microbianas edáficas. Éstas dependen de la presencia de raíces vegetales y de sus rizósferas asociadas, donde se favorece la actividad de los microorganismos edáficos y ocurren la mayoría de los procesos microbiológicos que permiten la vida en nuestro planeta y donde, además, ocurre el intercambio de señales químicas que definen las interacciones microorganismos-planta-suelo. Desde este ambiente tan dinámico podemos obtener y seleccionar microorganismos para que sean herramientas para aplicaciones biotecnológicas que estén alineadas con los conceptos de bioeconomía y sustentabilidad.

La interacción e integración de investigadores, estudiantes y profesionales del ámbito público y privado que estamos interesados en brindar herramientas para mejorar la producción agrícola y reducir el impacto ambiental negativo, aumentando al mismo tiempo la sustentabilidad y el uso racional de sus recursos naturales, está en consonancia con el enfoque de Una Salud, que reconoce la interdependencia entre la salud de los ecosistemas, los animales y las personas.

El VI CAMAYA nos brindó la posibilidad de compartir momentos de encuentro, de discusiones enriquecedoras y de aprendizaje, en el fantástico espacio que es la Academia Nacional de Medicina de Buenos Aires. Este edificio de estilo neoclásico fue inaugurado en el año 1942 para dar espacio a esta Academia, que había sido fundada 120 años antes por Bernardino Rivadavia. Alberga una biblioteca fundada en el año 1938, que fue utilizado como uno de los espacios para las actividades del VI CAMAyA, además de su maravillosa Aula Magna.

En este evento académico participaron destacados especialistas, quienes presentaron avances científicos y tecnológicos transitando un programa de tres días de reuniones con dos conferencias plenarias, dos sesiones de pósteres y varias mesas redondas por día. Además, se incluyeron espacios de difusión y presentaciones orales.

Quisiera agradecer a los organizadores y disertantes de las cuatro actividades virtuales Pre-CAMAYÁ 2025 que permitieron ampliar algunas temáticas de interés para los asistentes del VI CAMAYÁ. Agradezco muy especialmente la contribución de los 50 expositores de diversas instituciones tanto nacionales como de otros países y a más de 330 participantes que han compartido 270 trabajos y puesto a consideración en el VI CAMAYÁ para que podamos realizar un importante intercambio de ideas y cuyos resúmenes están incluidos en este libro. Es destacable la presencia de asistentes de otros países como Honduras, Colombia, Guatemala, Perú, El Salvador, Chile, Bolivia, México y España. También creo que es muy importante señalar que este VI CAMAYÁ ha cumplido el objetivo de ser federal, ya que han participado representantes de 21 de las 23 provincias argentinas.

También quisiera destacar que el VI CAMAYÁ contó con el interés y la colaboración muy importante de 19 empresas y el auspicio de 24 instituciones, entre públicas y privadas, que nos han brindado su apoyo, el cual ha sido un pilar fundamental para la realización de este Congreso.

Quiero agradecer a todo el Comité Organizador, por dedicar tiempo y esfuerzos para planear, divulgar en redes sociales y pagina web. También por analizar las mejores alternativas para que este evento tuviera la calidad establecida y se puedan cumplir los objetivos de que sea federal, así como por el trabajo de la Secretaría Científica, para que las temáticas incluidas hayan cumplido con los ejes temáticos planteados. Ha sido destacado el trabajo administrativo llevado a cabo por la Secretaría de Finanzas y, fundamentalmente, por la Secretaria General del congreso quien, junto con la Secretaría Técnica, desempeñaron una labor clave para lograr el objetivo de reducir la huella ecológica de nuestro evento, evitando los plásticos de un solo uso, en lo que hace a las tarjetas plantables de identificación, las bolsas de tela y a los vasos reutilizables que además nos quedarán como recuerdo de este VI CAMAYÁ.

Como proyecciones futuras es importante recordar los desafíos globales, para seguir generando alternativas microbiológicas que se integren a la agricultura y al manejo ambiental, para seguir encaminándonos hacia el paradigma de la bioeconomía que favorece la seguridad alimentaria y reduce el impacto ambiental negativo. Creo que, con la información analizada y discutida en este congreso, podemos seguir trabajando en enfoques integradores junto con otras ramas de microbiología.

Espero que el VI CAMAYÁ haya servido para reafirmar el compromiso colectivo para que la Microbiología Agrícola y Ambiental sea protagonista de muchas de las soluciones que la sociedad necesita y permita brindar alternativas microbianas para una agricultura sustentable y un ambiente más saludable para todos. En este sentido, los invito a participar de las actividades de DiMAyA y a mantenernos en contacto, porque así podremos favorecer la cooperación más allá del evento.

Dra. Inés E. García de Salamone
Presidente de VI CAMAYÁ

Comisión Directiva AAM**Presidente:** Paula Ggetti**Vicepresidente:** Gustavo Giusiano**Secretaria:** Jimena Paola Gentiluomo**Secretaria de actas:** Inés García de Salamone**Prosecretaria:** María Cecilia Freire**Tesorera:** Norma Fernández**Protesorero:** Roberto Suarez**Vocal Titular 1°:** Adriana Sucari**Vocal Titular 2°:** Vanesa Reijtman**Vocal Titular 3°:** Fabiana Guglielmone**Vocal Titular 4°:** Manuel Gómez Carrillo**Vocal Suplente 1°:** Pablo Power**Vocal Suplente 2°:** Silvina Marsonet**Vocal Suplente 3°:** María Laura Sanchez**Vocal Suplente 4°:** Lucía Cavallaro**Comisión Directiva DiMAyA****Presidente:** Inés García de Salamone**Vicepresidente:** Diego Sauka**Secretaria:** Julieta Pérez Giménez**Secretaria de actas:** Luciana Di Salvo**Tesorera:** Débora Radovancich**Vocal Titular 1°:** Marcelo Berretta**Vocal Titular 2°:** Natalia Fernández**Vocal Suplente 1°:** Susana Vázquez**Vocal Suplente 2°:** Gabriela Portela**Vocal Suplente 3°:** Laura Navas**COMISIÓN ORGANIZADORA VI CAMAYá****Presidente:** Inés E. García de Salamone. FAUBA.**Vicepresidente:** Diego Sauka. IMyZA, INTA/CONICET.**Secretaria General:** Luciana P. Di Salvo. FAUBA/CONICET.**Secretaria de Actas:** María Eugenia Gallace. Fac. Agronomía, UNLPam.**Secretaria de Finanzas:** Débora Radovancich. UPLaB.**Secretaría Técnica:** Mariana Puente. IMyZA, INTA.

Myriam Zawoznik. FFyB, UBA.

Julia García. IMyZA, INTA.

Cecilia Grossi. INGEBI, CONICET.

Secretaría Científica: Graciela Pucci. UNPSJB.

Cecilia Creus. UNMdP.

María Cecilia Rojo. INTA EEA Mendoza/CONICET

Carlos Nieto Peñalver. PROIMI, CONICET

Virginia Albarracín. CIME, CONICET-UNT

PROGRAMA CIENTÍFICO

HORARIO	<i>Miércoles 24 de septiembre</i>	
9:00-10:00	ACREDITACIÓN	
	Colocación de pósteres	
10:00-10:30	APERTURA - PALABRAS DE BIENVENIDA	
	AULA MAGNA - Planta Baja	
10:30-11:30	CONFERENCIA PLENARIA 1 - Dr. Ramon Batista	
	Hongos poliextremotolerantes: De los especialistas urbanos a los probióticos vegetales y micorremediadores extremos	
	Modera: Dra. Virginia Albarracín	
	AULA MAGNA – Planta Baja	
11:30-12:30	SESIÓN DE PÓSTERES – café	
12:30-13:30	MR1 Nanopartículas y microorganismos: una alianza para la agricultura sostenible. AULA MAGNA – Planta Baja Modera: Dra. Myriam Zawoznik Bio-nanomateriales vs. Nano-biomateriales: diferencias y actuales desafíos en su aplicación agrícola. Dr. José Dávila Costa Interacciones nano-biológicas: potenciando los cultivos a través de nanopartículas y microorganismos. Dra. Florencia Iannone	MR2 Bioprospección microbiana: recurso estratégico para la bioeconomía en un mundo globalizado. SALÓN BIBLIOTECA – 1er Piso Modera: Dra. Débora Radovancich Estructura y dinámica de la comunidad de microorganismos marinos de Caleta Potter, Shetland del Sur, Antártida. Dr. Edgardo Alejandro Hernández Biotechnología de microorganismos extremófilos. Dra. Verónica Irazusta
13:30-14:30	Receso para almuerzo	
14:30-16:00	MR3 Aplicaciones ómicas en la microbiología agrícola y ambiental, retos y oportunidades en la era de la bioeconomía. AULA MAGNA – Planta Baja Modera: Dra. Virginia Albarracín Metagenómica de ambientes extremos. Dr. Daniel Kurth Microbiología genómica de ambientes urbanos: de la secuencia a la aplicación. Dr. Daniel Alonso-Reyes Secuenciación de genomas y metagenomas: desde aplicaciones biotecnológicas a salud. Dr. Ariel Amadio Presentaciones Orales	ESPACIOS DE DIFUSIÓN SALÓN BIBLIOTECA – 1er Piso ED1 Modera: Dra. Cecilia Creus 14:30-15:15 Protocolo de Nagoya, procedimientos normativos en los diferentes espacios institucionales para el acceso a los recursos microbiológicos. (Julieta Ansaldi, Subsecretaria de Ambiente; Karina Ascuitto, SENASA) ED2 Modera: Dra. Luciana Di Salvo 15:15-16:00 Espacio REDCAI: Articulación y trabajo en red para el análisis de calidad de bioinsumos. (Natalia Curcio, CABIO; Federico Elorza, CASAFE; Dra. Mariana Puente, Coordinadora REDCAI)
16:00-17:00	SESIÓN DE PÓSTERES (*) - café	
	CONFERENCIA PLENARIA 2 - Dra. Natalia Gottig Schor	
	Soluciones biotecnológicas con bacterias ambientales para la biorremediación y biodetección de metales en aguas	
	Modera: Dra. Susana Vázquez	
	AULA MAGNA – Planta Baja	

MR: Mesa Redonda. (*) Al concluir esta sesión, se deben retirar los pósteres.

HORARIO	Jueves 25 de septiembre	
9:00-9:30	Colocación de pósteres	
9:30-11:00	MR4 La relación planta-microorganismo, eje central para la seguridad alimentaria global. AULA MAGNA – Planta Baja Moderadora: Dra. Cecilia Creus Bacterias solubilizadoras de fosfato: mecanismos moleculares y aplicaciones biotecnológicas. Dra. María Soledad Anzuay Rizobacterias nativas que disminuyen los síntomas negativos producidos por el estrés biótico y abiótico en las plantas. Dra. Ana Cohen Actividad y diversidad fúngica edáfica moduladas por la intensificación sustentable de cultivos. Dra. Fernanda Covacevich Presentaciones Orales	MR5 Tratamientos microbianos y biorremediación: rol de los microorganismos en la economía circular. SALÓN BIBLIOTECA – 1er Piso Moderadora: Dra. Graciela Pucci Gestión sostenible de efluentes de laboratorios: integrando prevención y biorremediación. Dra. Marta Alejandra Polti Diseño de camas biológicas: evaluación de la bioaumentación como estrategia para la remediación de agroquímicos persistentes empleando residuos agrícolas locales. Dra. Maia Raquel Lescano Desarrollo de bioprocesos basados en microalgas para la remediación y valorización de efluentes agrícolas e industriales como estrategia hacia una economía circular. Dra. María Mar Areco Presentaciones Orales
11:00-12:00	SESIÓN DE PÓSTERES – café	
12:00-13:00	CONFERENCIA PLENARIA 3 - Dr. Nicolás Rascovan La paleogenómica como una ventana al estudio de la diversidad microbiana del pasado Moderadora: Dra. Mariana Puente AULA MAGNA – Planta Baja	
13:00-14:00	Receso para almuerzo	
14:00-16:00	MR6 Biocontrol de plagas y enfermedades: hacia una producción sostenible. AULA MAGNA – Planta Baja Moderadora: Dr. Diego Sauka Microorganismos para el control biológico de plagas y vectores. Dra. Corina Berón Formulación, escalado y aplicación de <i>Vishniacozyma victoriae</i> como agente de biocontrol para el manejo de enfermedades poscosecha en peras. Dra. Florencia Gorordo Bacterias nematocidas: una herramienta biotecnológica para la horticultura. Dr. Augusto Salas Presentaciones Orales	MR7 Interacciones microbianas: estrategias innovadoras para aplicaciones agrícolas y ambientales. SALÓN BIBLIOTECA – 1er Piso Moderadora: Dra. Carlos Nieto Peñalver Papel del segundo mensajero c-di-GMP en la colonización de <i>Azospirillum baldaniorum</i> a plantas de trigo. Dr. Alberto Ramírez Mata Sociomicrobiología en la rizósfera de plantas leguminosas. Dr. Pablo Bogino Estrategias innovadoras para el control de biofilms microbianos en procesos de biodeterioro. Dra. Marisa Viera Presentaciones Orales
16:00-17:00	SESIÓN DE POSTERES (*) - café	
17:00-18:00	CONFERENCIA PLENARIA 4 - Dr. Guillermo Maroniche Microbioma en su salsa: biofilms multiespecie en la agricultura Moderadora: Dra. Cecilia Creus AULA MAGNA – Planta Baja	

MR: Mesa Redonda. (*) Al concluir esta sesión, se deben retirar los pósteres.

HORARIO	Viernes 26 de septiembre	
9:00-9:30	Colocación de pósteres	
9:30-11:00	MR8 Oportunidades de la microbiología agrícola y ambiental para la generación de empresas de base tecnológica. Impacto de las aceleradoras. AULA MAGNA – Planta Baja Moderadora: Dra. Inés García de Salamone <u>Aceleradoras:</u> GridX - SF500 IPROBYQ Rosario <u>Startups:</u> Puna Bio – TAXON Bioinformatics Solutions - UNIBAIO Soluciones Naturales - Qumir nano - M4Life	MR9 Biodiversidad y sostenibilidad global. SALÓN BIBLIOTECA – 1er Piso Moderadora: Mg. María Eugenia Gallace Diversidad fúngica nativa: nuestro biopatrimonio esencial y estratégico para una biotecnología sostenible. Dr. Gerardo Robledo/ Dr. Alejandro Pérez Explorando la biodiversidad microbiana en el ecosistema vitivinícola argentino. Dra. Laura Mercado Los microorganismos psicrófilos y su relevancia para la biodiversidad y la sostenibilidad global. Dra. Graciana Willis Poratti Presentaciones Orales
11:00-12:00	SESIÓN DE PÓSTERES - café	
12:00-13:00	CONFERENCIA PLENARIA 5 - Dra. Roxana Medina Bacterias lácticas como inoculantes de ensilaje: innovaciones, probióticos y desafíos especiales para la producción caprina sustentable Moderadora: Dr. Carlos Nieto Peñalver AULA MAGNA – Planta Baja	
13:00-14:00	Receso para almuerzo	
14:00-15:30	MR10 Bioinsumos y economía circular: una solución microbiana. AULA MAGNA – Planta Baja Moderadora: Dra. Cecilia Rojo Levaduras con identidad y residuos con futuro: hacia una vitivinicultura sustentable. Dra. Mariana Combina Rizobacterias inmovilizadas: el camino circular de los bioinsumos. Dra. Macarena Fernández <i>Trichoderma</i>, un hongo con gran potencial para el agro y la nanotecnología. Dra. Fabiana Consolo Presentaciones Orales	ESPACIOS DE DIFUSIÓN SALÓN BIBLIOTECA – 1er Piso ED1 Moderadora: Dra. Virginia Albarracín 14:00-14:45 Taller sobre oportunidades de becas y subsidios internacionales para microbiólogos. (Romina Lorente-Comisión Fulbright, Pablo Tomatis-Marie Curie Alumni Association, Julián Gargiulo-Humboldt Alumni, Lia Pietrasanta-Latinoamerican Bioimaging) ED2 Moderadora: Dra. Julia García 14:45-15:30 Revista Argentina de Microbiología: pasado, presente y futuro. (Dres. Carina Audisio, Cecilia Quiroga y Diego Sauka)
15:30-16:30	SESIÓN DE PÓSTERES (*)- café	
16:30-17:30	CONFERENCIA PLENARIA 6 - Dra. Elena Orellano <i>Ralstonia solanacearum</i>: de la vida en el suelo a la interacción con la planta hospedadora Moderadora: Dra. Inés García de Salamone AULA MAGNA – Planta Baja	
17:30-18:00	ENTREGA DE PREMIOS - ACTO DE CLAUSURA AULA MAGNA – Planta Baja	

MR: Mesa Redonda. (*) Al concluir esta sesión, se deben retirar los pósteres.

Auspiciantes



Evaluadores por Áreas Temáticas

Aplicaciones ómicas en la microbiología agrícola y ambiental

[AO]

Coordinación: Virginia Albarracín

Dr. Daniel Alonso-Reyes (CIME-UNT-CONICET)
Dr. Daniel Kurth (PROIMI-CONICET)
Dr. Diego Sauka (IMyZA, INTA/CONICET)

Biocontrol de plagas y enfermedades

[BPE]
Coordinación: Cecilia Rojo

Dra. Viviana Barrera (IMyZA, INTA)
Dra. Cristina Nally (Instituto de Biotecnología- FI-UNSJ, CONICET)
Dr. Leopoldo Palma (Universitat de València, Burjassot)
Dra. Paula Pedrozo (Instituto de Biotecnología- FI-UNSJ, CONICET)
Dra. Virginia Pesce (Instituto de Biotecnología- FI-UNSJ, CONICET)
Dra. Lorena Ponsone (CONICET, INTA EEA Mendoza)
Dra. Inés García de Salamone (FAUBA)
Dra. Marcela Sangorrín (PROBIEM-CONICET)
Dr. Diego Sauka (IMyZA, INTA/CONICET)

Biodiversidad y sostenibilidad global

[ByS]

Coordinación: Cecilia Rojo

Lic. Lucía Becerra (CONICET, INTA EEA Mendoza)
Lic. Valeria Chimeno (INTA EEA Mendoza)
Dra. Laura Mercado (INTA EEA Mendoza)
Dr. Daniel Kurth (PROIMI-CONICET)

Bioprospección microbiana

[BM]
Coordinación: Virginia Albarracín

Dra. Natalia Alvarado (CIME-UNT-CONICET)
Dr. Carlos Nieto Peñalver (PROIMI, CONICET)
Dra. Cecilia Rojo (INTA EEA Mendoza, CONICET)

Enseñanza y aprendizaje de la microbiología

[EyAM]
Coordinación: Graciela Pucci

Esp. Silvina Coniglio (UNR)

Interacciones microbianas

[IM]
Coordinación: Carlos Nieto Peñalver

Dra. María Alejandra Correa Deza (CERELA, CONICET)
Dra. Mariela Analía Torres (PROIMI, CONICET)

La relación planta-microorganismo, eje central para la seguridad alimentaria global

[RPM]

Dra. Melina Amenta (FCA, UNMdP)
Dra. Ana Cohen (IBAM-CONICET-UNCuyo; FCA, UNCuyo)
Dra. Luciana Pagnussat (FCA, UNMdP/ INBIOTEC-CONICET)

Coordinación: Cecilia
Creus

Nanopartículas y microorganismos: una alianza estratégica para la agricultura sostenible [NP]

Coordinación: Cecilia
Creus

Dra. Melina Amenta (FCA, UNMdP)
Dra. Ana Cohen (IBAM-CONICET-UNCuyo; FCA, UNCuyo)
Dra. Luciana Pagnussat (FCA, UNMdP/ INBIOTEC-CONICET)

Oportunidades de la microbiología para la generación de empresas de base tecnológica [OM]

Coordinación: Cecilia
Creus

Dra. Melina Amenta (FCA, UNMdP)
Dra. Ana Cohen (IBAM-CONICET-UNCuyo; FCA, UNCuyo)
Dra. Luciana Pagnussat (FCA, UNMdP/ INBIOTEC-CONICET)

Tratamientos microbianos y biorremediación [TMB]

Coordinación: Graciela
Pucci

Dr. Adrián Acuña (UTN, Regional Santa Cruz)
Dra. Susana Vázquez (NANOBIOTEC UBA-CONICET)

Otras temáticas de la microbiología [OT]

Coordinación: Carlos
Nieto Peñalver

Dra. María Alejandra Correa Meza (CERELA, CONICET)
Dra. Mariela Analía Torres (PROIMI, CONICET)

ÍNDICE DE PUBLICACIONES

CONFERENCIAS PLENARIAS	12
MESAS REDONDAS Y COMUNICACIONES ORALES	21
PÓSTERES	
Aplicaciones ómicas en la microbiología agrícola y ambiental	65
Biocontrol de plagas y enfermedades	86
Biodiversidad y sostenibilidad global	131
Bioprospección microbiana	149
Enseñanza y aprendizaje de la microbiología	162
Interacciones microbianas	166
Nanopartículas y microorganismos: una alianza estratégica para la agricultura sostenible	170
Oportunidades de la microbiología para la generación de empresas de base tecnológica	177
La relación planta-microorganismo: eje central para la seguridad alimentaria global	183
Tratamientos microbianos y biorremediación	231
Otras temáticas de la microbiología agrícola y ambiental	265
ACTIVIDADES PRE-CAMAYá 2025	317

CONFERENCIAS PLENARIAS

CONFERENCIA PLENARIA 1

Multifaceted polyextremotolerant fungi: From urban oligotrophic specialist black yeasts to extremophilic plant probiotics and mycoremediators

Dr. Ramón Batista García

Centro de Investigación en Dinámica Celular, Universidad Autónoma de Morelos, México.

Polyextremotolerant fungi—including filamentous extremophiles and melanized black yeasts—form a unique “micro-zoo” of microbial resilience, thriving where most life forms fail. These organisms exhibit exceptional adaptability to simultaneous environmental stresses such as high salinity, drought, UV radiation, thermal fluctuation, and toxic pollution, making them ideal candidates for both mycoremediation and biofertilization in hostile and anthropogenic settings. This conference explores their multifaceted ecological roles: from urban extremotolerant pioneers colonizing urban environments, to rhizosphere-competent plant probiotics enhancing root resilience in arid or contaminated soils. Notable examples include *Aspergillus sydowii*, cold-adapted strains of *Rhodotorula mucilaginosa*, and melanized fungi such as *Exophiala* and *Cladophialophora*, which demonstrate the ability to degrade recalcitrant pollutants—like polycyclic aromatic hydrocarbons and pharmaceuticals—while simultaneously promoting plant health through osmolyte production, phosphate solubilization, and antioxidant activity. Integrated transcriptomic and phenotypic analyses of fungus-plant-contaminant systems reveal highly dynamic responses: activation of detoxification enzymes, stress-related pathways, and symbiosis-associated genes. These findings support the positioning of extremophilic fungi as next-generation microbial inputs—not only as biotechnological tools for polluted or arid systems, but also as probiotic biofertilizers capable of functioning under complex polystress conditions. Altogether, these fungi represent a highly adaptable and underutilized microbial resource with vast potential for climate-resilient agriculture, bioremediation, and urban ecological innovation in the Anthropocene.

CONFERENCIA PLENARIA 2

Biotechnological solutions with environmental bacteria for the bioremediation and biodetection of metals in water

Dra. Natalia Gottig Schor

Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario, CONICET–Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina.

The presence of manganese in its soluble divalent form, Mn(II), in groundwater, commonly used for drinking, carries health risks, aesthetic and organoleptic issues and promotes corrosion in distribution networks. Biological sand filters are widely deployed to remove this metal because they are cost-effective and minimize the use of chemical. However, a key limitation is that Mn removal depends on the abundance of autochthonous bacteria capable of oxidizing Mn(II) and retaining the resulting oxides. To address this, bioaugmentation of sand filters with Mn(II)-oxidizing bacteria (MOB) can increase removal efficiency.

We isolated strains with high Mn(II)-oxidizing capacity and robust biofilm formation for strong adhesion to sand, selecting those that maintained both characteristics across a broad temperature range to enable deployment across seasons. Using single and mixed species biofilms we observed that *Pseudomonas sagittaria* MOB-181 achieved the highest Mn(II) removal, outperforming all other single isolates and mixed species consortia. In laboratory sand-filter columns run under "summer" and "winter" regimes, inoculations with MOB-181 accelerated start-up and yielded high Mn(II) removal relative to non-bioaugmented controls. We translated these findings to a pilot plant in Cayastá (Santa Fe, Argentina), scaling inoculum production in low-cost glycerol-based media and deploying lyophilized biofilm pellets for practical transport and on-site inoculation. Pilot operation demonstrated sustained, improved Mn removal, supporting future application and scale-up in full scale groundwater treatment plants.

Studies on *Pseudomonas* isolates indicate that increased intracellular levels of the second messenger cyclic bis(3'-5')-diguanylate (c-di-GMP) enhance biofilm-forming capacity and also promote Mn(II) oxidation. Consequently, we developed Mn(II)-hyperoxidizing strains with elevated c-di-GMP that form more robust biofilms and show higher survival after lyophilization, thereby optimizing inoculation and the overall Mn(II) removal process.

Moreover, we extended the application of the isolates to heavy-metal remediation. MOB-181 showed high tolerance to multiple heavy metals, and its biofilms efficiently removed Hg(II), Cd(II) and Pb(II). In parallel, we engineered MOB-181 with a divalent-metal-responsive genetic reporter, creating a single chassis that enhances bioremediation while enabling on-site biodetection.

Collectively, our findings bridge bench science and pilot-scale operation, delivering field ready inocula for Mn(II) removal from groundwater and an integrated bioremediation-biodetection chassis targeting heavy metal in contaminated waters.

CONFERENCIA PLENARIA 3

La paleogenómica como una ventana al estudio de la diversidad microbiana del pasado

Dr. Nicolás Rascovan

Director de la Unidad de Paleogenómica Microbiana, Instituto Pasteur, Paris, Francia.

La paleogenómica microbiana se ha convertido en una herramienta única para explorar dimensiones ocultas de la biodiversidad y comprender cómo los microorganismos han acompañado, influenciado y coevolucionado con los seres humanos y sus ambientes. A través del análisis de ADN antiguo preservado en restos arqueológicos —huesos, dientes, cálculo dental o incluso objetos históricos— es posible reconstruir genomas de bacterias, virus y comunidades microbianas que vivieron hace cientos o miles de años.

Estos estudios no solo revelan la presencia de patógenos responsables de epidemias históricas, sino también la composición de microbiomas orales, intestinales y ambientales, abriendo una ventana a la ecología microbiana del pasado.

En esta conferencia presentaré cómo la paleogenómica permite: i) Rastrear enfermedades infecciosas en contextos históricos y prehistóricos, como lepra, peste, salmonelosis y fiebre recurrente, aportando nuevas perspectivas sobre su origen, evolución y persistencia; ii) Reconstruir microbiomas antiguos para estudiar los cambios asociados a grandes transiciones culturales y ambientales, como la adopción de la agricultura, la urbanización y la colonización europea en América; Conectar pasado y presente a través de una perspectiva One Health, mostrando cómo la interacción entre humanos, animales, ambientes y microorganismos ha moldeado tanto la salud como los ecosistemas a lo largo del tiempo.

Discutiré ejemplos concretos de investigaciones recientes en el Cono Sur de América, donde combinamos paleogenómica con arqueología, bioantropología e isotopía para estudiar tanto patógenos como microbiomas orales de poblaciones antiguas. Estos trabajos revelan procesos de continuidad y reemplazo microbiano, la circulación precolombina de bacterias como *Mycobacterium lepromatosis*, y la estrecha relación entre dieta, movilidad y composición microbiana.

La paleogenómica, en este sentido, no sólo amplía el campo de la microbiología ambiental al incorporar ambientes poco explorados como los contextos arqueológicos, sino que también ofrece insumos valiosos para comprender la biodiversidad microbiana actual y futura. Mirar al pasado con estas herramientas es fundamental para anticipar desafíos de salud y ambiente en un marco de sostenibilidad y bioeconomía.

CONFERENCIA PLENARIA 4

Microbioma en su salsa: biofilms multiespecie en la agricultura

Dr. Guillermo Maroniche

Laboratorio de Bioquímica Vegetal y Microbiana, Facultad de Ciencias Agrarias, CONICET, Universidad Nacional de Mar del Plata, Argentina.

En la naturaleza, las bacterias se encuentran mayoritariamente adheridas a superficies en forma de biofilms: comunidades microbianas, ya sea de una o más especies, embebidas en una matriz polimérica multicomponente, que las protege de agentes externos y el estrés ambiental. En el caso de las bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB), la formación de biofilms sobre la superficie de las raíces es un proceso clave para la colonización exitosa y, por ende, para la bioestimulación de la planta hospedante. Asimismo, la interacción de las PGPB entre sí y con otros miembros del microbioma vegetal en biofilms multiespecie es decisiva para su supervivencia y la potenciación de sus efectos benéficos. Las PGPB de los grupos *Azospirillum* y *Pseudomonas* fluorescentes son utilizadas desde hace décadas, primero individualmente y luego combinadas, para formular inoculantes de uso agrícola. Sin embargo, el desarrollo de estos productos no suele basarse en estudios adecuados sobre su compatibilidad y su desempeño al estar combinadas. En nuestro laboratorio, estudiamos la interacción de *Azospirillum* y *Pseudomonas* al formar biofilms mixtos, demostrando que determinadas condiciones permiten que estas bacterias cooperen, estimulando mutuamente su crecimiento en el biofilm, mientras que otras condiciones inducen una dinámica de competencia. Algunos mecanismos antimicrobianos de las *Pseudomonas* fluorescentes son responsables de afectar negativamente al biofilm de *Azospirillum* tanto *in vitro* y como al colonizar raíces, pero también, bajo determinadas condiciones, surgen efectos estimulatorios que benefician a *Azospirillum*. Por ejemplo, las cepas *A. brasilense* Sp245 y *P. fluorescens* A506 establecen una peculiar dinámica de interacción, donde la primera es capaz de explotar a la segunda para incrementar masivamente su población en el biofilm mixto *in vitro*; ciertos factores ambientales y fisiológicos son clave para que esto ocurra. Bajo condiciones rizosféricas, la capacidad de asimilación de los exudados radicales y la preferencia por determinados nichos de la raíz modifican el comportamiento de las cepas en los biofilms. Estas se ubican como biofilms segregados, que denotan una competencia que lleva a la exclusión mutua, o mezcladas en biofilms mixtos que demuestran una colonización cooperativa. Bajo condiciones naturales, la interacción finalmente resulta la facilitación cooperativa de la colonización, dando como resultado una sinergia en la bioestimulación de la planta hospedante. En resumen, el estudio de las PGPB en biofilms multiespecie ofrece un gran potencial para guiar el diseño de comunidades sintéticas con alto valor biotecnológico para su aplicación en la agricultura.

CONFERENCIA PLENARIA 5

Bacterias lácticas como inoculantes de ensilaje: innovaciones, probióticos y desafíos especiales para la producción caprina sustentable

Dra. Roxana Medina

CERELA- FML-FECIC-CONICET. Tucumán, Argentina.

Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria, Universidad Nacional de Tucumán, Argentina.

La producción caprina en Argentina se desarrolla, principalmente a pequeña escala y destinada al consumo local, en regiones áridas y semiáridas donde el sobrepastoreo en la estación seca favorece la degradación ambiental. En este contexto, la agricultura sostenible requiere diversificar las fuentes de alimentación animal, y los subproductos agrícolas representan una alternativa localmente disponible. El rastrojo de maíz (RM), al igual que otros subproductos fibrosos y abundantes, presenta dificultades para su conservación mediante ensilado. Una posible estrategia para mejorar tanto su fermentación como sus propiedades nutricionales es el uso de bacterias lácticas (BL) con actividad feruloil esterasa (FE). Esta enzima hidroliza los azúcares esterificados de las paredes celulares vegetales, liberando ácidos hidroxycinámicos, como ácido ferúlico (AF), un potente antioxidante. Estas BL fibrolíticas se han propuesto recientemente como una tercera generación (3G) de inoculantes, para diferenciarlos de los de primera (1G, acidificantes) y segunda generación (2G, potenciadores de la estabilidad aeróbica). Por esto, que nos propusimos desarrollar inoculantes con BL con actividad FE (FE+), hipotetizando que su uso mejora simultáneamente la fermentación, la digestibilidad y el contenido de antioxidantes disponibles de la ración. Para ello, nuestro grupo de trabajo aisló BL FE+ a partir de heces caprinas y de silos de maíz. Tras el estudio de sus propiedades probióticas y como fermentadoras *in vitro* y en mini silos, seleccionamos a *Lactobacillus johnsonii* CRL 2240, *Levilactobacillus brevis* CRL 2239, *Lactiplantibacillus plantarum* CRL 2241. Se evaluó la inoculación monocepa y combinada de RM, en comparación con ensilados no inoculados (UN). Tras 60 días de fermentación, se analizaron los perfiles fermentativos y nutricionales, la digestibilidad, los compuestos fenólicos, la capacidad antioxidante y la composición de la comunidad bacteriana mediante secuenciación masiva del 16S ARNr. Los resultados mostraron que CRL 2241 redujo las pérdidas gaseosas y el pH, incrementó la relación láctico:acético y el contenido de AF libre, actuando como un inoculante de 1G con actividad FE eficaz. *L. johnsonii* CRL 2240 disminuyó la pérdida de materia seca y modificó la composición de la fibra, comportándose como un inoculante 1G y 3G. Por su parte, CRL 2239 aumentó el contenido de acetato, mejoró la digestibilidad *in vitro* de la materia seca y elevó la concentración de AF, características de un inoculante de 2G y 3G. El análisis metagenómico reveló que los ensilados inoculados presentaron menor diversidad a nivel de género en comparación con los UN, con incrementos significativos en la abundancia relativa de *Lactobacillus* en aquellos inoculados con CRL 2241 y CRL 2240. En función de estos resultados, se diseñaron dos inoculantes mixtos: LPB (CRL 2239 + CRL 2241) y LPBJ (LPB + CRL 2240). Si bien ambos modularon el proceso de ensilado y aumentaron la capacidad antioxidante y el contenido de AF libre, la incorporación de CRL 2240 en LPBJ redujo la pérdida de materia seca, el

contenido de fibra detergente ácida y celulosa, en comparación con LPB. Además, CRL 2240 mostró propiedades probióticas *in vitro*, lo que sugiere que su inclusión en ensilados podría conferir un valor agregado como estrategia de *delivery* de microorganismos beneficiosos. Estos desarrollos permiten considerar la generación de una cuarta categoría de inóculos.

CONFERENCIA PLENARIA 6

***Ralstonia solanacearum*: de la vida en el suelo a la interacción con la planta hospedadora**

Dra. Elena Orellano

Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas - Universidad Nacional de Rosario.

Ralstonia solanacearum es uno de los fitopatógenos bacterianos más agresivos y versátiles del mundo. Con presencia en todos los continentes y más de 250 especies vegetales hospedadoras, este microorganismo representa una amenaza significativa para cultivos de alto valor como papa, tomate, tabaco, plátano y café. Su ciclo de vida incluye fases de supervivencia en ambientes acuáticos y edáficos, así como una colonización vascular altamente eficiente en planta, lo que le permite persistir, diseminarse y causar brotes epidémicos incluso bajo condiciones ambientales adversas. Este estudio presenta el primer análisis integral de expresión génica en todos los hábitats ocupados por *R. solanacearum*, revelando los mecanismos que sustentan su adaptación ecológica y su respuesta al estrés oxidativo. Se emplearon técnicas de transcriptómica comparativa mediante RNA-seq para analizar perfiles de expresión génica en agua, suelo y tejido vegetal infectado. En agua, la expresión génica se asemeja a la etapa tardía de colonización del xilema, con una inesperada activación del sistema de secreción tipo III (T3SS), inducida por pH alcalino y escasez de nutrientes. En el suelo, el patógeno despliega una estrategia metabólica alternativa, activando rutas como el catabolismo de fenilacetato y el ciclo del glioxilato, mientras reprime genes de virulencia.

Para validar los hallazgos transcriptómicos, se realizaron experimentos de ganancia y pérdida de función mediante mutagénesis dirigida, generando cepas *knockout* para genes clave como *katG*, *katE* y *oxyR*. La viabilidad bacteriana se evaluó mediante ensayos de culturabilidad en condiciones de estrés ambiental, incluyendo exposición a radiación ultravioleta, desecación y suelos con bajo contenido nutricional. Se utilizó tinción con LIVE/DEAD BacLight y microscopía de fluorescencia para detectar la transición al estado viable pero no cultivable (VBNC), y se realizaron ensayos de patogenicidad en plantas modelo para determinar el impacto de las mutaciones sobre la virulencia y la aptitud en el apoplasto.

Los resultados demuestran que las catalasas KatE (monofuncional) y KatG (bifuncional) cumplen un rol esencial en la descomposición del peróxido de hidrógeno (H_2O_2), protegiendo al patógeno del daño oxidativo. Aunque no son necesarias para la virulencia directa, ambas catalasas son fundamentales para la aptitud bacteriana en el apoplasto y para evitar la transición al estado VBNC (*Viable But Non-Culturable*). KatG, en particular, resultó indispensable para la supervivencia en el suelo, así como para resistir la radiación ultravioleta y la desecación.

Estos hallazgos revelan que la función principal de las catalasas en *R. solanacearum* es contrarrestar el estrés oxidativo ambiental, más que las defensas oxidativas del hospedador. El estudio no solo identifica factores críticos para completar el ciclo de vida del patógeno, sino que también abre nuevas perspectivas para el diseño de estrategias de control basadas en la inhibición de mecanismos antioxidantes clave.

MESAS REDONDAS Y COMUNICACIONES ORALES

MR1 Nanopartículas y microorganismos: una alianza para la agricultura sostenible

Bio-nanomateriales vs Nano-biomateriales: diferencias y actuales desafíos en su aplicación agrícola

Davila Costa, J.

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET, San Miguel de Tucumán, Argentina.

Las enfermedades fúngicas representan una amenaza significativa para la agricultura mundial, provocando pérdidas sustanciales de cultivos y poniendo en peligro la seguridad alimentaria. Los fungicidas químicos convencionales, si bien son eficaces, cada vez son más criticados por sus efectos ambientales perjudiciales, como la degradación del suelo, la contaminación del agua y la alteración de la microflora nativa. Además, el uso excesivo de estos fungicidas ha acelerado la aparición de cepas fúngicas resistentes, lo que dificulta aún más las estrategias de gestión de enfermedades. En respuesta a estos problemas, los bionanofungicidas y los nanobiofungicidas surgieron como una solución innovadora que combina biocompatibilidad, seguridad ambiental y mayor eficacia. Estas formulaciones combinan agentes biológicos, como metabolitos microbianos o extractos de plantas, con nanotecnología para mejorar su estabilidad, liberación controlada y administración dirigida. Por ejemplo, las nanopartículas de quitosano, sílice y plata se estudiaron ampliamente por su capacidad para encapsular compuestos bioactivos o por su destacada actividad antifúngica, a la vez que minimizan los residuos ambientales. Diferentes estudios demostraron el potencial de los fungicidas de base nanotecnológica para abordar deficiencias críticas en la agricultura sostenible. Los últimos avances en el desarrollo de bionanofungicidas y nanobiofungicidas aportan de manera significativa al control de enfermedades causadas por fitopatógenos.

Interacciones nano-biológicas: potenciando los cultivos a través de nanopartículas y microorganismos

Iannone, M.F.^{1,2}; Groppa, M.D.^{1,2}

¹ Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Departamento de Química Biológica, Cátedra de Química Biológica Vegetal, Junín 956, Buenos Aires, Argentina.

² Universidad de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), Instituto de Química y Fisicoquímica Biológicas (IQUIFIB), Buenos Aires, Argentina.

El incremento de la productividad agrícola bajo criterios de sostenibilidad exige la incorporación de estrategias innovadoras que optimicen los procesos biológicos de los cultivos. En este contexto, las nanopartículas emergen como herramientas de gran potencial debido a su capacidad de interactuar con sistemas biológicos y modificar la disponibilidad de nutrientes esenciales, abriendo nuevas posibilidades para el desarrollo de bioestimulantes e inoculantes más eficientes. Las nanopartículas de hierro, en particular, se destacan por su capacidad de liberar hierro en formas biodisponibles, lo que podría favorecer procesos asociados a la nutrición vegetal. Por otro lado, los microorganismos benéficos como los rizobios, responsables de la fijación biológica de nitrógeno en simbiosis con leguminosas, representan un componente clave para reducir la dependencia de insumos de síntesis química. La convergencia entre nanotecnología y microbiología agrícola configura así un campo de investigación en expansión, en el que las interacciones nano-biológicas ofrecen oportunidades para mejorar tanto el establecimiento de la simbiosis planta-microorganismo como la eficiencia global de los sistemas productivos. En esta presentación se abordarán los avances recientes en el estudio del papel de las nanopartículas de hierro en la interacción rizobio-leguminosa, así como las perspectivas que abre la integración de nanopartículas y microorganismos como estrategia para el desarrollo de sistemas agrícolas más productivos y ambientalmente sostenibles.

MR2 Bioprospección microbiana: recurso estratégico para la bioeconomía en un mundo globalizado

Estructura y dinámica de la comunidad de microorganismos marinos de Caleta Potter, Shetland del Sur, Antártida

Hernández, E.A.

Instituto Antártico Argentino (MRECyC), San Martín, Buenos Aires. Argentina.

Instituto NANOBIOTEC (UBA-CONICET), CABA, Argentina.

Las comunidades microbianas marinas antárticas cumplen funciones ecológicas esenciales en la base de las redes tróficas y en los ciclos biogeoquímicos. En este trabajo se presentan resultados sobre la estructura y dinámica de bacterias, arqueas y microeucariotas en aguas marinas de Caleta Potter (Islas Shetland del Sur, Antártida). Las condiciones ambientales de la caleta exhiben una elevada variabilidad estacional, asociada a la cobertura de hielo marino y al aporte de agua de deshielo proveniente de los glaciares.

Durante varios años se recolectaron muestras de agua superficial y de diferentes profundidades en sitios ubicados a distintas distancias del glaciar Fourcade. Se midieron variables ambientales (temperatura, salinidad, estratificación y turbidez) y se extrajo ADN genómico para la amplificación de los genes 16S rRNA (bacterias y arqueas) y 18S rRNA (microeucariotas), empleando cebadores específicos. Se analizaron diversidad, dominancia y riqueza de especies, así como su variación temporal y espacial.

En arqueas, la mayoría de las secuencias correspondieron al phylum Thaumarchaeota, con una predominancia de especies exclusivas de Caleta Potter. En bacterias, los phyla más abundantes fueron Proteobacteria y Bacteroidetes, mientras que Actinobacteria dominaron en áreas cercanas al glaciar. Entre los microeucariotas predominaron Alveolata, Stramenopiles y Prymnesiophyceae. Los análisis multivariados revelaron una marcada separación estacional, con comunidades de primavera-verano claramente diferenciadas de las de otoño-invierno.

Los resultados indican que las comunidades microbianas de Caleta Potter responden a variaciones ambientales locales, especialmente a la salinidad y la temperatura, influenciadas por el deshielo glaciar y el aporte de agua dulce. Estos hallazgos contribuyen al conocimiento de la biodiversidad microbiana en ecosistemas costeros de la Península Antártica y proporcionan información clave para comprender sus respuestas frente al cambio climático global. Asimismo, constituyen una base valiosa para la bioprospección de microorganismos psicrófilos, con énfasis en la búsqueda de enzimas, metabolitos secundarios y consorcios microbianos con aplicaciones industriales, farmacéuticas y ambientales.

Biotecnología de microorganismos extremófilos

Irazusta, V.

Instituto de Investigaciones para la Industria Química INIQUI-CONICET; Cátedra de Microbiología-Facultad de Ciencias Naturales - Universidad Nacional de Salta. Salta.
irazustaveronica@gmail.com

Los ambientes hipersalinos del noroeste argentino constituyen reservorios únicos de biodiversidad microbiana adaptada a condiciones extremas. En estos ecosistemas se desarrollan comunidades de bacterias halófilas y halotolerantes que han evolucionado estrategias metabólicas singulares para sobrevivir en presencia de altas concentraciones de sales y metales. Este repertorio de adaptaciones no solo resulta clave para comprender los límites de la vida, sino que también ofrece un enorme potencial para aplicaciones biotecnológicas innovadoras.

En el grupo de Agua y Suelo del INIQUI-CONICET-Universidad Nacional de Salta se han aislado y caracterizado bacterias provenientes de suelos, salmueras y rizosfera de plantas de estos ambientes extremos. Entre las propiedades más relevantes se destaca la remoción de litio soluble en soluciones, un hallazgo de particular interés dado el creciente impacto regional y ambiental de su extracción y a la necesidad de estrategias biológicas para su gestión.

Asimismo, se han identificado cepas con propiedades promotoras del crecimiento vegetal (PGP), capaces de mejorar la respuesta fisiológica de cultivos con diferentes sensibilidades a la salinidad como quinoa, chíca y pasturas forrajeras. Dichos efectos han sido comprobados en ensayos *in vitro* y en invernadero, incluyendo también la inhibición del desarrollo de hongos fitopatógenos, lo que posiciona a estas bacterias como candidatas a bioinoculantes de interés agrícola.

Otro eje de investigación se orienta al aprovechamiento industrial de microorganismos, particularmente en la producción de biosurfactantes a partir de subproductos industriales, evaluando procesos de escalado y caracterización. Además, las bacterias aisladas producen diversos metabolitos secundarios (exopolisacáridos, polihidroxialcanoatos, carotenoides, fotoprotectores, pigmentos, antimicrobianos, etc.) con potencial de aplicación en sectores estratégicos como la industria alimentaria, farmacéutica y cosmética.

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

MR3 Aplicaciones ómicas en la microbiología agrícola y ambiental, retos y oportunidades en la era de la bioeconomía

Metagenómica de ambientes extremos

Kurth, D.

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET, San Miguel de Tucumán, Argentina.

Los ambientes extremos se definen como hábitats con condiciones físico-químicas inhóspitas, tales como salinidad, temperatura, o presión elevadas, y hay una gran heterogeneidad entre los ambientes asociados a cada una de ellas. Es común que los organismos de estos ambientes, sean capaces de sobrevivir y prosperar soportando múltiples condiciones de estrés, gracias a adaptaciones específicas que representan una oportunidad para diversas aplicaciones biotecnológicas. Nuestro trabajo con ambientes extremos se ha enfocado principalmente en ambientes hipersalinos, y más recientemente en sitios termales. En el Salar de Atacama, en el norte de Chile, se analizaron tres ecosistemas hipersalinos asociados a lagunas: matas microbianas, microbialitos y endoevaporitas. Los resultados ilustran la diversidad de sistemas que se desarrollan en ambientes similares, con filos más abundantes como *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, y *Euryarchaeota* y en menor medida *Cyanobacteria* y *Actinobacteria*. En los análisis funcionales no se pudo observar diferencias en la presencia de vías metabólicas relacionadas a procesos de precipitación que puedan estar relacionados a la formación de las distintas estructuras. En el caso de la salina de Ambargasta, Santiago del Estero, se estudiaron muestras de suelo de sitios sin vegetación y asociados a vegetación. En ambos casos se observó amplia dominancia de *Proteobacteria* en las comunidades, con presencia también de *Firmicutes* y *Euryarchaeota*. Tanto en este caso como en el anterior se obtuvieron MAGs, de los cuales menos del 50% pudo clasificarse a nivel de género, pero tendrían roles relevantes para la comunidad. Por último, el sitio explorado más recientemente fue la laguna Las Quintas, en la provincia de Jujuy, donde se estudiaron matas microbianas asociadas a una fuente hidrotermal. Los resultados mostraron que los filos dominantes eran *Proteobacteria* (principalmente *Alphaproteobacteria*), *Chloroflexi*, *Bacteroidetes* y *Planctomycetes*. *Actinobacteria* y *Cyanobacteria* eran abundantes solo en la mata negra. Los análisis funcionales revelaron qué organismos son importantes para los ciclos biogeoquímicos en cada mata. También se identificaron CAZymas, incluyendo monooxigenasas líticas de polisacáridos (LPMO), importantes para la degradación de biomasa vegetal. Se analizó también la diversidad de contigs virales presentes, y en algunos casos se pudo determinar hospedadores potenciales, observándose asociaciones con bacterias, arqueas y cianobacterias. Estos contigs virales contenían un alto porcentaje de genes de función desconocida. Estas aproximaciones aportan a la caracterización microbiológica y puesta en valor de estos ambientes. Los organismos y enzimas identificados tienen potencial para aplicaciones biotecnológicas y representan la base de nuevas líneas de trabajo para los grupos asociados.

Microbiología genómica de ambientes urbanos: de la secuencia a la aplicación

Alonso-Reyes, D.G.¹; Galván, F.S.¹; D'Arpino, M. C.¹; Albarracín, V.H.^{1,2,3}

¹ Centro Integral de Microscopía Electrónica (UNT-CONICET), Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria, Yerba Buena, Tucumán, Argentina.

² Instituto de Salud y Calidad de Vida, Universidad de San Pablo, San Pablo, Tucumán, Argentina.

³ Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán.

Los ambientes urbanos controlados, como hospitales y museos, albergan comunidades microbianas con potencial impacto sanitario y patrimonial. Este trabajo integra dos investigaciones genómicas aplicadas a superficies críticas de un banco de sangre hospitalario y de un museo histórico de Tucumán (Argentina), explorando los riesgos y oportunidades que representan estas microbiotas ocultas. Se realizaron muestreos en mesas, equipos, sistemas de aire acondicionado (banco de sangre) y en muebles, textiles, documentos y fachadas (museo). Los aislamientos bacterianos se cultivaron en medio LB y fueron identificados inicialmente por MALDI-TOF. Los genomas de cepas representativas fueron secuenciados mediante WGS (Illumina Novaseq), ensamblados con SPAdes, identificados taxonómicamente por ANI, y funcionalmente anotados con Arche. En ambos entornos se evidenció una alta diversidad bacteriana, dominada por *Bacillus*, *Staphylococcus*, *Kocuria*, *Streptomyces* y *Microbacterium*. Algunas cepas no alcanzaron los umbrales de ANI (>95%), sugiriendo potenciales nuevas especies. Los análisis funcionales revelaron la presencia de genes asociados a resistencia antimicrobiana, producción de toxinas, biosíntesis de biofilm, pigmentos, y rutas de degradación de componentes estructurales (celulosa, proteínas, hemicelulosa). En el museo, el hallazgo de *Streptomyces* con capacidad de degradar papel y producir pigmentos deteriorantes destaca su rol en biodeterioro documental; mientras que *Pseudomonas* fue exclusiva del material fotográfico. En el hospital, cepas aisladas de equipos técnicos y aires acondicionados presentaron perfiles multirresistentes y virulentos, enfatizando riesgos en bioseguridad. Estos estudios subrayan la persistencia de reservorios microbianos en espacios bajo estándares de limpieza o conservación. El abordaje genómico no solo permite evaluar riesgos infecciosos y de deterioro, sino también identificar cepas con potencial biotecnológico para biorestauración y biopreservación. Así, los ambientes urbanos controlados emergen como reservorios inadvertidos de diversidad microbiana funcionalmente activa, con implicancias tanto para la salud pública como para la conservación cultural.

Secuenciación de genomas y metagenomas: desde aplicaciones biotecnológicas a salud

Amadio, A.

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea, Centro Científico Tecnológico CONICET, Santa Fe.

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

Comunicaciones orales

AO19

Análisis Pangenómico de cepas de *Ralstonia solanacearum* de la región NEA

Obregon, V.G.¹; Amadio, A.F.²; Escobar, R.¹, Lattar, T.E.¹; Irazoqui, J.M.²; Santiago, G. M.²; Eberhardt, M.F.²; Ibañez, M. J.¹; Galdeano, E.³; Gochez, A.M.²

¹ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (EEA Bella Vista), 3432 Bella Vista, Corrientes, Argentina.

² Instituto de Investigación de La Cadena Láctea (CONICET-INTA), 2300 Rafaela, Santa Fe, Argentina.

³ Universidad Nacional del Nordeste (FCA-UNNE), 3300 Ciudad de Corrientes, Corrientes, Argentina.

obregon.veronica@inta.gob.ar

El cultivo de tomate en el Nordeste Argentino (NEA) presenta como uno de sus principales problemas sanitarios el marchitamiento y muerte de plantas en distintos estados de desarrollo, en trabajos previos este síntoma fue asociado a la bacteria *Ralstonia solanacearum*, caracterizada por análisis del gen 16s ARNr y *egl* (endoglucanasa) como Filotipo IIA característico del continente americano. Considerando la importancia económica del cultivo y la aparición de síntomas similares en pimiento y berenjena, se propuso la caracterización genómica de diferentes cepas de *R. solanacearum* de patogenicidad conocida. Para ello, se trabajó con 2 aislados bacterianos previamente caracterizados de tomate y pimiento, respectivamente (cepa 29 - Lavalle, 2008; cepa 18 - Misiones, 2008) y de 2 obtenidos de colectas a campo, ambos de plantas de tomate (cepa 624 - 3 de Abril, 2012; cepa 2657 - Yatayti Calle, 2024). Se realizó la extracción de ADN genómico de todos los aislamientos mediante el método CTAB. El genoma de los aislamientos fue secuenciado utilizando la tecnología de Oxford Nanopore, utilizando una biblioteca de ligación (ligation sequencing kit). Los genomas fueron secuenciados como mínimo a 52X de cobertura. El ensamblado en todos los casos produjo dos contigs únicos de aprox. 3.47Mb y 2.15Mb para todos los aislamientos. Los mismos fueron anotados utilizando Bakta. Para realizar un análisis del pangenoma de especies de *Ralstonia*, 132 genomas adicionales, que se encuentran completos en la base de datos de NCBI fueron descargados y anotados también con Bakta. Para inferir el pangenoma se utilizó Roary. Para el análisis filogenético de los aislamientos se generó un alineamiento del genoma base de los 136 aislamientos con mafft y se generó un árbol con FastTree. Además, se cuantificó el grado de identidad genómica (Average Nucleotide Identity, ANI). Los resultados evidenciaron una alta homogeneidad genética entre las cepas aisladas en el NEA en distintos años de muestreos, las cuales se agruparon en un mismo clado junto a cepas de referencia de Florida (EE. UU.), Colombia y Brasil. Esto sugiere una uniformidad genética significativa de *R. solanacearum* en la región, posiblemente vinculada a introducciones comunes, constituyendo información clave para el manejo fitosanitario y el monitoreo epidemiológico de la marchitez bacteriana en solanáceas.

AO20**Estudio del viruloma en muestras de suelo de tambos lecheros**

Cerioli, M.F.¹; Sánchez-Pérez, M.²; Moliva, M.V.¹; Sambuceti, N.³; Raviolo, J.³; Caminati, M.F.¹; Rosenblueth Laguette, M.T.²; Reinoso, E.B.¹

¹ INBIAS-CONICET, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba. Argentina

² Unidad de Análisis Bioinformático Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, México.

³ Facultad de Agronomía y Veterinaria de la Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba-Argentina.

mcerioli@exa.unrc.edu.ar

Los suelos de las granjas lecheras representan reservorios ambientales relevantes de genes que codifican factores de virulencia (VF), lo que constituye una posible amenaza para la salud animal y pública por su transmisión a través del ambiente o de los alimentos. El objetivo de este estudio fue caracterizar el viruloma en suelos de dos tambos lecheros ubicadas en la cuenca lechera de Córdoba, con prevalencias contrastantes de patógenos causantes de mastitis bovina. Se extrajo el ADN genómico total de muestras de suelo utilizando el kit PureLink™ (Invitrogen) y se realizó una secuenciación metagenómica tipo *shotgun* en la plataforma Illumina NovaSeq 6000. Los VF se identificaron mediante alineamiento contra la base de datos VFDB usando BLAST. El análisis metagenómico reveló un enriquecimiento diferencial de VF entre muestras. La muestra S1 presentó mayor abundancia de genes relacionados con adherencia (VFC0001), motilidad (VFC0020), formación de biopelículas (VFC0027), modulación inmunitaria (VFC0036) y adquisición de nutrientes (VFC0027). Por el contrario, la muestra S3 mostró una menor abundancia general de VF, pero mayor representación de genes codificantes de toxinas y exoenzimas (VFC0015, VFC0035) y sistemas de secreción de efectores (VFC0008). Estos hallazgos subrayan el impacto del uso de la tierra agrícola en la estructura y función de los microbiomas del suelo, y destacan la urgente necesidad de una vigilancia basada en Una Salud para monitorear y mitigar la propagación ambiental de VF.

MR4 La relación planta-microorganismo, eje central para la seguridad alimentaria global

Bacterias solubilizadoras de fosfato: mecanismos moleculares y aplicaciones biotecnológicas

Anzuay, M.S.

Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

Las bacterias promotoras del crecimiento vegetal (*plant growth promoting bacteria* o PGPB, por sus siglas en inglés) se pueden asociar con la rizósfera, la superficie o interior de los tejidos de las plantas y ejercer efectos beneficiosos sobre su crecimiento y nutrición. Dentro de los mecanismos de promoción vegetal, la solubilización de fosfatos bacteriana es de gran relevancia ya que la misma deja disponible el macronutriente fósforo (P) para ser aprovechado por los vegetales. Existe un diverso número de bacterias asociadas a este proceso denominadas bacterias solubilizadoras de fosfato (BSP). El uso de BSP como inoculantes conduce a una mayor absorción del mineral por parte de la planta y a su vez un mejor rendimiento de los cultivos. Los microorganismos en el suelo metabolizan los compuestos fosfatados insolubles mediante la mineralización de las fuentes orgánicas y solubilización de las fuentes insolubles inorgánicas. La producción de ácidos orgánicos es el principal mecanismo microbiológico por el cual los compuestos fosforados inorgánicos son solubilizados. Argentina es el principal país exportador y el séptimo productor mundial de maní (*Arachis hypogaea* L.). Este cultivo de gran importancia nacional concentra aproximadamente el 80% de su producción en la provincia de Córdoba. En el área agrícola manisera, el cultivo de maíz (*Zea mays* L.) es el principal cultivo empleado en rotación con maní. El cultivo de maíz es uno de los más importantes a nivel mundial y Argentina se encuentra entre los principales productores y exportadores. Gran parte de esta producción (35%) tiene lugar en la provincia de Córdoba. En el área agrícola Argentina los suelos presentan, entre otras problemáticas, deficiencia de nutrientes. La obtención, formulación y aplicación a campo de microorganismos benéficos solos, en consorcio o combinados con fertilizantes para mejorar la disponibilidad de nutrientes es una estrategia económica y medioambientalmente amigable para mantener la fertilidad de los suelos. Comprender el efecto de la aplicación de los inoculantes biológicos y fertilizantes sobre la estructura de la comunidad bacteriana del suelo y su funcionamiento podría contribuir a mejorar la calidad del suelo y a desarrollar agroecosistemas sustentables.

Rizobacterias nativas que disminuyen los síntomas negativos producidos por el estrés biótico y abiótico en las plantas

Cohen, A.C.^{1,2}

¹ Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM-FCA, UNCUYO). Chacras de Coria, Mendoza, Argentina.

² Cátedra de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, Chacras de Coria, Mendoza, Argentina.

La agricultura moderna se orienta hacia el manejo integrado de cultivos, con el objetivo de maximizar la producción y su calidad, priorizando la sanidad vegetal, la salud del suelo y minimizando los residuos de agroquímicos. En este contexto, resulta esencial el desarrollo e implementación de estrategias que promuevan una agricultura más sustentable. Una alternativa consiste en el uso de inoculantes microbiológicos, capaces de reducir tanto el uso de agroquímicos como la incidencia de plagas y enfermedades. Esta tecnología es una alternativa sustentable y amigable con el medio ambiente. Dentro de los bio-inoculantes, las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) son muy estudiadas. Las PGPR presentan diferentes mecanismos para incrementar el crecimiento y la producción de los cultivos. Por otra parte, en Mendoza la actividad agrícola se encuentra limitada por las condiciones climáticas propias de un ambiente desértico, caracterizado por altas temperaturas durante el verano, bajas temperaturas en invierno y una marcada aridez. A esto se le suma la salinización progresiva de los suelos, que afecta la fertilidad y dificulta el desarrollo de algunos cultivos. Desde hace algunos años, en el grupo de trabajo, nos focalizamos en el aislamiento de PGPR en suelos productivos de esta región con el propósito de realizar aislamientos nativos, caracterizar cepas con potencial de ser utilizadas como bio-inoculantes y evaluar los efectos de la interacción rizobacteria-planta-suelo. Seleccionamos algunas cepas evaluando distintos mecanismos de promoción del crecimiento y demostramos la efectividad de su inoculación en diferentes etapas del crecimiento vegetal. Además, comprobamos la capacidad para atenuar los efectos adversos del estrés salino en cultivos de pimiento (*Capsicum annuum*) y tomate (*Solanum lycopersicum*) e hídrico en plantas de *Arabidopsis thaliana* y tomate. Asimismo, evidenciaron actividad antagónica frente a distintos fitopatógenos que afectan particularmente la etapa de plantines, reduciendo la incidencia de la enfermedad, confirmando la efectividad frente a condiciones de estrés biótico y abiótico. El uso de estas cepas nativas de PGPR representa una alternativa prometedora y sostenible para mitigar las pérdidas de cultivos debidas al estrés biótico y abiótico, para mantener la productividad agrícola y reducir la dependencia de fertilizantes químicos.

Actividad y diversidad fúngica edáfica moduladas por la intensificación sustentable de cultivos

Covacevich, F.

Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC-CONICET), Mar del Plata, Argentina. covacevich.fernanda@inta.gob.ar.

La agricultura intensiva (particularmente con baja reposición de nutrientes y materia orgánica y elevado *input* de pesticidas) puede afectar la diversidad y funcionalidad de la biota edáfica; siendo de especial interés el impacto sobre comunidades que contribuyen a la productividad y sanidad de los cultivos (organismos PGPM y BCA, respectivamente), así como sobre la estructura y funcionalidad del suelo. Entre la amplia variedad de hongos con potencialidad PGPM-BCA se destacan los hongos micorrícicos arbusculares (HMA), quienes se asocian de manera simbiótica con las raíces de las plantas y tienen influencia directa, o a través de sus exudados, sobre la absorción de nutrientes, mitigación de enfermedades en raíces, así como sobre el crecimiento y dinámica del agua, tanto en la planta hospedadora como en el suelo. Se presentan resultados enmarcados en proyectos y formación de RRHH en curso sobre la potencialidad de la inoculación con propagulos de HMA nativos o con extractos de glomalina (glicoproteína presente en el suelo, cuyo origen se basa principalmente en la exudada por microorganismos edáficos, particularmente por los HMA) sobre el crecimiento, mitigación de estrés biótico y abiótico en plantas de importancia agrícola, así como sobre la dinámica de ingreso del agua y la estructura del suelo. Además, respondiendo a objetivos en el marco de un proyecto FONTAGRO en curso, se muestran avances del efecto de la inoculación con HMA y/o glomalina en plantas de maíz. Se muestran además resultados que indican que estrategias de manejo conservacionistas (inclusión de cultivos de cobertura y/o rotaciones en sistemas de cultivo basados en soja) contribuyen al mantenimiento de actividad de los HMA, particularmente a través de mejora en la colonización de raíces por los HMA, la abundancia de glomalina en el suelo, así como sobre la diversidad de sus comunidades y la dinámica de ingreso de agua en el perfil.

Comunicaciones orales

RPM48

Análisis integral de comunidades bacterianas de suelo de tomate (*Solanum lycopersicum*) tras inoculación con un consorcio microbiano

Cejas, L.¹; Guiñazú, L.^{1,2}; Andrés, J.^{1,2}; Reynoso, M.¹; Rovera, M.¹; Torres, A.¹; Pastor, N.¹

¹Instituto de Investigación en Micología y Micotoxicología, Universidad Nacional de Río Cuarto/Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

²Laboratorio de Microbiología Agrícola, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UNRC. Río Cuarto.
npastor@exa.unrc.edu.ar

Con base en ensayos a campo en tomate, observamos que la inoculación con un consorcio microbiano conteniendo las cepas compatibles *Pseudomonas putida* PCI2 y *Trichoderma harzianum* ITEM 3636 resultó ser beneficiosa para el crecimiento y rendimiento de este cultivo. Sin embargo, la inoculación con microorganismos benéficos puede llegar a perturbar las poblaciones microbianas nativas y dañar la biodiversidad. Así, el objetivo de este trabajo fue realizar una evaluación integral del efecto de la inoculación de plantas de tomate con el consorcio bioestimulante sobre las comunidades bacterianas del suelo. Se extrajo ADN total a partir de muestras de suelo en ensayos a campo. Se secuenciaron réplicas de las pre-siembra y de los tratamientos control e inoculación con el consorcio a cosecha (120 días post trasplante). Las secuencias del gen ARNr 16S obtenidas se analizaron utilizando *Qiime2* para procesar y visualizar datos de microbioma, y la reducción de ruido se logró a través de *DADA2*. Las variantes de secuencia se clasificaron como variantes de secuencia del amplicón (ASV). Se realizaron análisis de diversidad alfa y beta utilizando el complemento *q2-diversity* a una profundidad de secuenciación de 10.000. La diversidad alfa se calculó utilizando el índice de Shannon y la beta mediante análisis de coordenadas principales (PCoA) basado en la matriz de distancias de Bray-Curtis. La composición taxonómica se determinó utilizando un clasificador Naive Bayes. Se hicieron análisis de abundancia diferencial adicionales entre condiciones utilizando ANCOMBC. Encontramos que las comunidades bacterianas de tomate, en las condiciones evaluadas, no difirieron en riqueza de ASVs. Las visualizaciones de PCoA mostraron que las muestras se separaron en muestras tomadas antes de la siembra y muestras obtenidas a cosecha. Además, los tratamientos de inoculación y control se agruparon en el mismo lado del gráfico. Los ASV en las muestras se agruparon en 17 filos según el análisis filogenético, de los cuales 6 resultaron más abundantes: Actinobacteriota, Gemmatimonadota, Proteobacteria, Acidobacteriota, Chloroflexi y Firmicutes. El análisis de abundancia diferencial de filos mostró que no hubo diferencias entre el control y la inoculación con el consorcio a cosecha. Sí se detectaron diferencias entre la etapa pre-siembra y los tratamientos a cosecha. Concluimos que la inoculación no alteró la estructura de las comunidades bacterianas de tomate.

RPM49**Evaluación de un consorcio microbiano rizosférico para la promoción del crecimiento en soja**

Brignoli, D.^{1,2}; Balda, R.¹; Colla, D.¹; Faldutti, O.¹; Iglesias, J.¹; Sandobal, T.J.^{1,2}; López, M.F.¹; Pérez Giménez, J.¹; Lodeiro, A.R.^{1,2}

¹Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM). La Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Laboratorio de Genética (FCAyF). La Plata, Buenos Aires, Argentina.

anibal.lodeiro@gmail.com

El desarrollo de biofertilizantes que integren consorcios microbianos funcionales constituye una herramienta clave para la agricultura sostenible. En este trabajo se evaluó un consorcio microbiano rizosférico (SynCom), obtenido mediante selección artificial dirigida por el desempeño vegetal, sobre parámetros de nodulación y rendimiento en soja. La comunidad inicial inoculada estuvo compuesta por nueve cepas pertenecientes a tres especies de *Bradyrhizobium* (*B. japonicum*, *B. diazoefficiens* y *B. elkanii*), con tres cepas por especie, y quince aislamientos caracterizados por sus propiedades PGPR (géneros *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Microbacterium* y *Paenarthrobacter*), provenientes de un suelo agrícola de la región pampeana y un suelo prístino. El diseño experimental consistió en diez rondas de inoculación y selección en vermiculita estéril bajo condiciones controladas, seleccionando rizosferas de plantas con mayor contenido foliar de clorofila (SPAD), conformando un pool utilizado como inóculo de la siguiente ronda. Durante el proceso, se emplearon como controles plantas inoculadas con *B. japonicum* E109 y testigos sin inocular. La evolución de la comunidad se monitoreó mediante secuenciación de la región V3-V4 del gen ARNr 16S, observándose un cambio progresivo en la composición bacteriana. El consorcio obtenido en la ronda 6, seleccionado por su mejor desempeño en promoción del crecimiento vegetal, mostró dominancia de *Pseudomonas*, *Ralstonia*, *Novosphingobium*, *Rhizobium* y representantes de *Sphingomonadaceae*, reflejando una comunidad sintética enriquecida por selección artificial. Este SynCom fue evaluado en macetas con suelo no estéril y comparado con testigos sin inocular y con *B. japonicum* E109, registrándose aumentos significativos en el peso seco de nódulos ($p < 0,05$). En campo, el ensayo se realizó en Pergamino y La Plata, bajo un diseño en bloques completamente aleatorizado, incluyendo un testigo sin inocular y una mezcla de cepas autóctonas de *B. diazoefficiens*, las mismas que integraron el inóculo inicial y mostraron predominancia en los nódulos desde las primeras rondas. No se detectaron diferencias estadísticamente significativas en rendimiento en grano, biomasa aérea ni nodulación (ANOVA, $p > 0,05$). Estos resultados indican que el SynCom tiene potencial en condiciones controladas, aunque su aplicación a campo requiere validaciones adicionales para maximizar su efectividad como bioinoculante.

RPM50**Effect of Endophytic Strains of *Purpureocillium lilacinum* on Strawberry Plants Under Drought Stress Conditions**

Rocano, H.S.¹; Goffré, D.¹; Folgarait, P.J.¹

¹Laboratorio de Ecología y Control de Hormigas, Universidad Nacional de Quilmes. CONICET. Bernal, Buenos Aires, Argentina.

henryrocanod@gmail.com

Drought stress significantly impacts the growth and yield of strawberries (*Fragaria x ananassa*). Endophytic fungi can reduce the impacts of water stress. To evaluate the fungus *Purpureocillium lilacinum* on stressed strawberry plants, we grew the plants at 100% of the substrate's water-holding capacity (optimal conditions) and 50% (drought stress). We tested the effect of inoculating each of the two endophytic strains, D, E, and their consortium (DE), on the total number of leaves, unhealthy leaves, fruits, and fruit weight. Chlorophyll a and b, carotenoids, proline, and malondialdehyde (MDA) were measured in young and mature leaves. ANOVA was used for analysis, revealing differences between treatments. The effect of the strains varied according to the water conditions and plant parameters measured. Fruit weight was the only parameter that was consistently and significantly reduced under drought stress compared to optimal conditions, likely due to its high-water content. A biochemical response was also detected under drought-stress conditions. Photosynthetic pigment concentration was greater in mature leaves in comparison to young ones. Under drought stress, the DE consortium increased chlorophyll and carotenoid concentrations in mature leaves compared to the control. In addition, strains D and E enhanced proline levels in young leaves compared to the control. Strains D and DE were more sensitive to stress, producing fewer leaves and fruits, respectively, under drought conditions compared to optimal conditions, whereas strain E showed no significant changes between the two conditions. Interestingly, strain D under drought stress, despite showing the highest levels of MDA in young leaves, significantly reduced the number of unhealthy leaves and tended to produce more fruits than the stressed control. In addition, a plant growth-promoting effect was observed under optimal irrigation conditions, where strain D showed a significantly higher fruit production compared to the control. Results suggest that, although drought stress affects strawberry crops, endophytic strains of *P. lilacinum* can mitigate the water deficit effects on plant health, physiology, and productivity. In particular, strain D not only improved crop yield under optimal conditions but also provided benefits for plant health and productivity under stress. Fruit weight was the most affected by drought stress, while other parameters were less affected, suggesting that the applied water stress was not severe. Further studies under stronger drought conditions are needed to better understand and expand on these findings.

MR5 Tratamientos microbianos y biorremediación: rol de los microorganismos en la economía circular

Gestión sostenible de efluentes de laboratorios integrando prevención y biorremediación

Polti, M.A.^{1,2}; Paz Vilaseca, V.A.³; Benimeli, C.S.^{1,4}; Saez, J.M.^{1,2}; Aparicio, J. D.^{1,4}

¹ Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán. Tucumán, Argentina.

³ Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán. Tucumán, Argentina.

⁴ Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca. Catamarca, Argentina.

Los contaminantes emergentes comprenden un conjunto diverso de compuestos de origen antropogénico que incluyen fármacos, productos de cuidado personal, aditivos industriales y otros compuestos sintéticos o naturales que, si bien no están regulados específicamente en normativas ambientales, se detectan cada vez con mayor frecuencia en matrices como agua, suelo y sedimentos. Su persistencia, bioacumulación y potencial efecto tóxico sobre organismos no blanco los convierte en un reto creciente para la gestión ambiental, especialmente en contextos urbanos y académicos donde los laboratorios pueden convertirse en fuentes puntuales de emisión. Frente a esta problemática, se vuelve indispensable promover estrategias de gestión de efluentes que combinen la prevención en origen con tecnologías de tratamiento adaptadas, sostenibles y de bajo impacto. Los sistemas de biopurificación (SBP), originalmente diseñados para tratar efluentes agrícolas contaminados con plaguicidas, se basan en la capacidad de ciertos sustratos orgánicos (como mezclas de suelo, turba o compost) y comunidades microbianas para adsorber y degradar contaminantes. Estos sistemas han demostrado ser una opción eficiente, económica y adaptable para el tratamiento de diversos compuestos orgánicos. En este contexto, exploramos el potencial de la adaptación de SBP para la remediación de residuos farmacéuticos generados en laboratorios de investigación, incorporando además un enfoque de bioaumentación mediante actinobacterias del género *Streptomyces*, con capacidad degradadora específica. Se desarrollaron sistemas a escala de laboratorio que mostraron mejoras significativas en la remoción de fármacos modelo (diclofenac, sildenafil e ivermectina), así como en la calidad biológica del sustrato tratado, evaluada mediante bioensayos estandarizados. El uso combinado de herramientas biotecnológicas, como la bioaumentación con actinobacterias, y de materiales simples y reciclables, convierte a los sistemas de biopurificación en una opción concreta y sostenible para tratar efluentes de laboratorio. Esta estrategia no solo reduce el impacto ambiental, sino que también aporta soluciones prácticas para una gestión más responsable dentro de las instituciones, alineándose con los principios de sostenibilidad y economía circular.

Diseño de camas biológicas: evaluación de la bioaumentación como estrategia para la remediación de pesticidas persistentes empleando residuos agrícolas locales

Lescano, M.R.

Instituto de Desarrollo Tecnológico para la Industria Química, INTEC, Predio CONICET Santa Fe "Dr. Alberto Cassano", Ruta Nacional 168, km. 0 – Paraje "El Pozo", (3000), Santa Fe, Argentina.

Argentina es un país productor agrícola de importancia mundial. Para lograr controlar las enfermedades que afectan a los cultivos se utilizan cantidades significativas de pesticidas. Desde los años 70, se reportan datos sobre el impacto ambiental de estas prácticas. Debido a su frecuente uso y en altas concentraciones, han adquirido importancia crítica los procesos de tratamiento de líquidos y efluentes contaminados, como así también su detección y monitoreo. La contaminación del medio ambiente por pesticidas se ocasiona durante su aplicación, principalmente debido a las pérdidas por escorrentía o deriva, y durante la manipulación, por derrames o durante el lavado de los equipos de aplicación. Las camas biológicas son sistemas de biopurificación de bajo costo capaces de coleccionar y decontaminar efluentes líquidos con alta carga de pesticidas evitando que éstos lleguen a las aguas, tanto superficiales como subterráneas. Las camas biológicas se construyen dentro de un contenedor o de una excavación impermeabilizada que se rellena con biomezcla y se cubre con material vegetal. La biomezcla es el corazón de la cama biológica, pues en ella se produce la retención y posterior degradación de los pesticidas que son vertidos en ella debido a la acción de los microorganismos presentes. La cama biológica original diseñada en Suecia estaba compuesta de paja de trigo, suelo y turba en relación 50:25:25. Para implementar este tipo de sistemas en nuestro país es fundamental proponer diseños que tengan en cuenta materiales de bajo costo y disponibles en la región para preparar las biomezclas. En esta charla, se presentará la tecnología de las camas biológicas como un proceso eficiente para prevenir y reducir la contaminación por pesticidas, así como también para el tratamiento de efluentes contaminados. Se mostrarán los resultados más relevantes obtenidos hasta el momento en escalas laboratorio y piloto, y se hará especial énfasis en aquellos casos en donde las camas biológicas tradicionales son poco eficientes para el tratamiento de pesticidas altamente persistentes y de difícil degradación. Se expondrá el último estudio realizado por el grupo de investigación en relación a las estrategias de bioaugmentation para la degradación de pesticidas persistentes empleando camas biológicas en el cual se evaluaron atrazina, imidacloprid y tiametoxam en biomezclas preparadas con suelo adaptado a estos contaminantes y residuos lignocelulósicos tales como cascarillas de soja y cáscaras de maní. Se mostrarán los resultados obtenidos relativos a la eficiencia de estas biomezclas construidas inoculadas con microorganismos (hongos y bacterias) aislados de las propias biomezclas para degradar los pesticidas citados anteriormente, así como también la caracterización de los microorganismos involucrados en la degradación y la inocuidad final de las biomezclas.

Desarrollo de bioprocesos basados en microalgas para la remediación y valorización de efluentes agrícolas e industriales como estrategia hacia una economía circular

Areco, M.M.

IIIA-UNSAM-CONICET, Instituto de Investigación e Ingeniería Ambiental, Escuela de Hábitat y Sostenibilidad (EHyS), Universidad Nacional de San Martín (UNSAM), Campus Miguelete, 25 de mayo y Francia, 1650-San Martín, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

La gestión de efluentes agrícolas e industriales constituye un desafío creciente para la sostenibilidad ambiental, dado su alto contenido de nutrientes, materia orgánica y, en algunos casos, metales. Los tratamientos convencionales, aunque efectivos en la reducción de contaminantes, suelen implicar elevados costos, generar emisiones de gases de efecto invernadero y producir residuos secundarios. Frente a estas limitaciones, las microalgas emergen como una alternativa biotecnológica capaz de integrar la remediación y la valorización en un único proceso. Estos microorganismos fotosintéticos no solo remueven eficientemente nitrógeno, fósforo, metales y compuestos orgánicos, sino que también fijan CO₂ y generan biomasa de alto valor agregado, rica en nutrientes y metabolitos de interés comercial, como proteínas, lípidos, pigmentos, vitaminas y minerales, entre otros. En un enfoque de economía circular, los efluentes pueden revalorizarse y convertirse en un recurso al utilizarlos como medio de cultivo, aportando nutrientes que estimulan el crecimiento microalgal mientras se reduce su carga contaminante. La biomasa obtenida puede, por ejemplo, destinarse a la formulación de biofertilizantes y bioestimulantes sostenibles, cerrando así el ciclo de nutrientes. Para ello, el diseño de este tipo de estrategias debe incluir la caracterización fisicoquímica del efluente, la selección de cepas adaptadas, la optimización de las condiciones de cultivo y la integración en sistemas abiertos o cerrados, junto con la evaluación de indicadores de productividad, calidad de biomasa y balance energético. En este contexto, se presentan experiencias con *Parachlorella kessleri*, cepa aislada del Río Reconquista, cultivada en digestatos anaeróbicos de tambo, mosto cervecero o efluentes con distintas concentraciones de Zn(II). También se presentan los resultados obtenidos al utilizar la biomasa resultante como fertilizante para cultivos de maíz y lenteja. Los resultados muestran cómo la fuente de nitrógeno y los cambios de pH asociados influyen significativamente en el crecimiento, la composición de biomasa y la producción de exopolisacáridos (EPS), compuestos clave en la inmovilización de metales como Zn(II). Este conocimiento es fundamental para optimizar bioprocesos y maximizar tanto la eficiencia de remoción como el valor de los bioproductos. Los resultados confirman que las microalgas ofrecen una solución integral para el tratamiento de efluentes, capaz de reducir impactos ambientales, generar insumos de alto valor y contribuir a la mitigación del cambio climático. En este sentido, los bioprocesos basados en microalgas representan una estrategia viable para transformar pasivos ambientales en recursos productivos, alineando la gestión de efluentes con los principios de la economía circular y los objetivos de desarrollo sostenible.

Comunicaciones orales

TMB8

Biodegradación fúngica de bioplástico comercial de PLA/PBAT: evaluación química y estructural

Valerga Fernández, M.V.^{1;2}; Manzano, V.E.^{3;4}; Utge Perri, S.Y.^{1;2}; Colombo, R.P.^{1;2}; Moyano, L.^{2;5}; Fascio, M.L.^{3;4}; D'Accorso, N.B.^{3;4}; Godeas, A.M.^{1;2}; Silvani V.A.^{1;2}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Buenos Aires, Argentina.

²CONICET - Universidad de Buenos Aires, Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada (IBBEA), Buenos Aires, Argentina.

³Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Química Orgánica, Argentina.

⁴CONICET - Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Centro de Investigaciones en Hidratos de Carbono (CIHIDECAR), Buenos Aires, Argentina

⁵Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Buenos Aires, Argentina.

vickyvalfer@gmail.com

La acumulación de residuos plásticos derivados del petróleo representa un serio problema ambiental debido a su persistencia y baja degradabilidad, especialmente en los suelos. En el marco de la sostenibilidad y la economía circular, los bioplásticos emergen como una alternativa con potencial. Sin embargo, el impacto ambiental real de estos materiales depende de su capacidad efectiva de degradación y de los subproductos producidos durante el proceso. En este trabajo se evaluó el potencial de biodegradación de un bioplástico comercial (PLA/PBAT) mediante la acción de tres cepas fúngicas filamentosas (*Penicillium* sp., *Aspergillus ruber* y *Aspergillus* sp.), previamente aisladas de sustratos poliméricos. Para ello, discos del material fueron incubados en condiciones controladas durante seis meses, y luego se analizaron los cambios estructurales y químicos del polímero. Para el análisis estructural se utilizó microscopía electrónica de barrido y para evaluar los cambios químicos nos valimos de espectroscopía infrarroja, resonancia magnética nuclear y análisis termogravimétrico. Los resultados mostraron un crecimiento activo de los hongos sobre la superficie y estructura química del bioplástico. Las alteraciones físico-químicas registradas evidenciaron la acción enzimática y la despolimerización del sustrato. Estos hallazgos demuestran la capacidad de ciertas especies de *Aspergillus* y *Penicillium* para colonizar y degradar bioplásticos en condiciones controladas y axénicas, y permiten dilucidar el mecanismo de la biodegradación. En conclusión, los datos obtenidos aportan información relevante sobre la degradación *in vitro* de bioplásticos comerciales, y el potencial uso de estas cepas fúngicas en futuras estrategias de biorremediación y valorización de residuos.

TBM28**Identificación de especies claves en una comunidad bacteriana degradadora de hidrocarburos mediante el análisis de la cooperación metabólica**

Macchi M.^{1,2}; Irazoqui J. M.³; Andreani Gerard C. M.⁴; Coppotelli B. M.¹

¹Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales, CINDEFI (UNLP; CCT-La Plata, CONICET), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³Instituto de Investigación de la Cadena Láctea, IdICaL (INTA-CONICET), Rafaela, Santa Fe, Argentina

⁴Sorbonne Université, CNRS, Laboratoire d'Océanographie de Villefranche (LOV), Villefranche-sur-Mer, Alpes-Maritimes, Francia.

mariamacchi307@hotmail.com

La acumulación de residuos de industrias petroquímicas, como los hidrocarburos policíclicos aromáticos (PAHs), representa un riesgo para la salud humana y los ecosistemas. Una alternativa para abordar esta problemática es la biorremediación mediante microorganismos especializados, capaces de combinar diversas vías metabólicas para su degradación. Estos pueden ser cepas aisladas o consorcios microbianos; estos últimos muestran mayor resiliencia y robustez frente a perturbaciones ambientales. El uso creciente de métodos *in silico* ha posibilitado desarrollar modelos metabólicos basados en datos genómicos, que permiten comprender el rol ecológico e interacciones entre microorganismos, y el comportamiento dinámico de los sistemas biológicos. Este estudio tuvo como objetivo evaluar funciones y complementariedad metabólica en comunidades microbianas degradadoras de PAHs, así como identificar especies clave y comunidades mínimas asociadas. A partir de datos genómicos de seis aislados bacterianos de un mismo suelo contaminado (AM, Bk, Inq, B, Bc-h y T), se realizó anotación funcional con InterProScan y PathwayTools. Utilizando bases MetaCyC y KEGG, se identificaron enzimas asociadas a la degradación de fenantreno, naftaleno y bifenil, e intermediarios como benzoato, tolueno, gentisato y salicilato. Con M2M se identificaron grupos con funciones equivalentes (AM y Bk), metabolitos compartidos e individuales, y compuestos resultantes de cooperación (catecol, cis-cis muconato, piruvato), destacando la sinergia metabólica. También se logró reducir la comunidad e identificar especies clave. El modelado genómico permitió definir especies esenciales para diseñar consorcios bacterianos sintéticos mínimos como inoculantes en biorremediación, optimizando la biodegradación de PAHs mediante cooperación funcional.

MR6 Biocontrol de plagas y enfermedades: hacia una producción sostenible

Microorganismos para el control biológico de plagas y vectores

Beron, C.M.

Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC-CONICET), Mar del Plata, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

El Manejo Integrado de Vectores e Insectos Plaga es una estrategia fundamental para reducir el impacto sanitario y productivo de especies de importancia médico-veterinaria y agrícola, mediante el uso racional y combinado de diferentes herramientas de control. Dentro de este enfoque, el control biológico basado en microorganismos se presenta como una alternativa sostenible, específica y ambientalmente segura frente al uso intensivo de insecticidas químicos. En el Laboratorio de Control Biológico de Insectos del INBIOTEC exploramos diferentes microorganismos como potenciales agentes de biocontrol, orientando nuestras investigaciones tanto hacia insectos vectores de importancia en salud pública como hacia plagas agrícolas de relevancia regional. En particular, hemos aislado una cepa de *Bacillus wiedmanii* biovar *thuringiensis*, portadora de un cuerpo paraesporal compuesto por proteínas Cry con actividad larvicida frente a mosquitos de relevancia sanitaria como *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus* y *Culex quinquefasciatus*. Paralelamente, investigamos el potencial larvicida y los efectos disruptivos en el desarrollo de metabolitos secundarios producidos por cianobacterias, microalgas y hongos capaces de provocar la mortalidad o afectar el desarrollo de los insectos blanco, con el objetivo de utilizarlos de manera complementaria a las bacterias entomopatógenas. Estos avances se enmarcan en el diseño de nuevos bioformulados eficientes, seguros y multicomponente, capaces de integrar microorganismos con diferentes modos de acción, y adaptados a las necesidades de nuestro país en el control sostenible de mosquitos vectores. Adicionalmente, trabajamos en el aislamiento y caracterización toxicológica y molecular de diversas cepas de *Bacillus thuringiensis* con potencial de aplicación en agricultura, dirigidas al control de plagas de gran impacto económico como *Spodoptera frugiperda* y *Anthonomus grandis*. En el marco de un proyecto de colaboración internacional FONTAGRO, también participamos en la búsqueda y evaluación de hongos entomopatógenos de los géneros *Beauveria* y *Metarhizium* para el manejo de las principales plagas del cultivo de maíz en Colombia y Argentina. Este conjunto de investigaciones aporta conocimiento valioso sobre la diversidad de microorganismos entomopatógenos y sus metabolitos, y sienta las bases para el desarrollo de estrategias de biocontrol innovadoras y sostenibles, con aplicaciones tanto en la salud pública como en la agricultura de la región.

Formulación, escalado y aplicación de *Vishniacozyma victoriae* como agente de biocontrol para el manejo de enfermedades postcosecha en peras y manzanas

Gorordo, M.F.¹; Sangorrín, M.P.¹; Lucca, M.E.²

¹ PROBIEN, Instituto de Investigación y Desarrollo en Ingeniería de Procesos, Biotecnología y Energías Alternativas - Neuquén, Argentina.

² PROIMI, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos - Tucumán, Argentina.

La levadura *Vishniacozyma victoriae* fue seleccionada por su eficacia como agente de control biológico (ACB) frente a enfermedades fúngicas postcosecha en peras y manzanas. Se llevó a cabo el proceso de escalado de producción, formulación y aplicación en condiciones semicomerciales. Para producir la biomasa de levadura se utilizaron medios de cultivo económicos basados en subproductos agroindustriales como suero de queso en polvo (SQP) y mosto de manzana (MM) optimizados mediante diseños estadísticos experimentales, con el agregado de sales. Se desarrollaron cultivos *batch* (12 L y 100 L) y semicontinuos (27 L) en biorreactores, alcanzando una productividad de 2070 g de peso seco y $2,6 \times 10^{15}$ UFC en cultivos de 70 h. El cultivo semicontinuo duplicó la productividad volumétrica respecto al *batch* de 12 L, y el *batch* de 100 L incrementó en tres órdenes de magnitud la producción de UFC. Para el escalado de la producción de biomasa a 100 L se aplicó el criterio de coeficiente volumétrico de transferencia de oxígeno ($k_L a$) constante, asegurando una transferencia de oxígeno equivalente a la observada a escala laboratorio. Para la formulación seca se evaluaron tres metodologías: liofilización, *spray drying* y lecho fluidizado. La biomasa fresca fue previamente combinada con distintos agentes protectores y crioprotectores, como leche en polvo descremada, SQP, fécula de mandioca y glutamato monosódico. Se determinó la viabilidad de la biomasa obtenida con cada técnica de secado, lo que permitió identificar tanto el método más adecuado, como la mejor combinación de protectores. Además, se evaluó la viabilidad de la biomasa a lo largo del tiempo de almacenamiento. En condiciones semicomerciales, se aplicó biomasa fresca y liofilizada-rehidratada (1×10^8 cel/mL) sobre dos variedades de pera y uno de manzana, logrando reducir en 40 - 85% la incidencia de *Botrytis cinerea*, *Penicillium expansum* y *Alternaria-Cladosporium* spp. tras 150 días de almacenamiento. Las levaduras aplicadas colonizaron exitosamente la superficie de los frutos, incrementando su población en tres órdenes de magnitud durante la conservación. Estos resultados demuestran la factibilidad técnica de escalar la producción de *V. victoriae* usando sustratos de bajo costo, así como su potencial aplicación industrial como ACB en fruta fresca. La combinación de una alta productividad, viabilidad postsecado y eficacia biológica posicionan a esta levadura como una alternativa sustentable para el manejo de enfermedades postcosecha en peras y manzanas.

Bacterias nematicidas: una herramienta biotecnológica para la horticultura

Salas, A.^{1,2}

¹ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Buenos Aires, Argentina.

² Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA); Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina.

Los nematodos endoparásitos de plantas constituyen una de las principales amenazas para la agricultura global, generando grandes pérdidas económicas. En Argentina, especies como *Meloidogyne java nica* y *Nacobbus aberrans* afectan cultivos hortícolas, provocando considerables reducciones en el rendimiento. El control convencional de estos organismos se basa en nematicidas sintéticos, cuyo uso implica elevados costos económicos y ambientales, además de restricciones regulatorias debido a su persistencia y toxicidad. Este contexto impulsa la búsqueda de alternativas sustentables, como son los bioinsumos a base de bacterias con actividad nematicida. En el Laboratorio Insumos Microbianos (IMyZA-INTA) hemos aislado, identificado y evaluado cepas bacterianas de los géneros *Bacillus*, *Photorhabdus*, *Serratia* y *Stenotrophomonas*, con potencial como biocontroladores. Estos organismos producen toxinas, enzimas y otros metabolitos secundarios -incluidos compuestos orgánicos volátiles- capaces de afectar el desarrollo y causar la muerte de nematodos. Entre las principales investigaciones de nuestra línea se destacan los ensayos *in vitro* contra nematodos modelo (*Panagrellus redivivus*, *Caenorhabditis elegans*) los cuales evidenciaron mortalidades de entre 80% y 100% con algunas cepas (*Bacillus thuringiensis* INTA Mo14-4, *Serratia marcescens* INTA SS310-13), y ensayos semi-campo en tomate inoculado con *M. javanica*, donde tratamientos con *Serratia odorifera* INTA L401-1 redujeron la población de nematodos en un 33,7% y aumentaron significativamente la biomasa aérea y radicular (152% y 92%, respectivamente). Estos resultados constituyeron la base para la caracterización taxonómica y genómica de las bacterias, permitiendo identificar mecanismos responsables de su actividad nematicida. Las bacterias fueron identificadas mediante secuenciación del gen 16S rRNA, pruebas bioquímicas y análisis filogenéticos. A su vez, la caracterización genómica masiva (Illumina) permitió detectar genes de factores de virulencia y rutas biosintéticas de metabolitos asociados con la actividad nematicida, reforzando su potencial como insumos biotecnológicos. Nuestros hallazgos evidencian que la integración de estudios genómicos y bioensayos funcionales permite el desarrollo de bioinsumos bacterianos innovadores, ofreciendo alternativas viables, sustentables y de bajo impacto ambiental para el manejo de fitonematodos en horticultura.

Comunicaciones orales

BPE44

Determinación del perfil de COVs producidos por *Purpureocillium lilacinum* para su potencial uso en el control de nematodos fitoparásitos.

Loyola, J.S.¹; Girardi, N.S.¹; Pizzolito, R.², Sosa, A.L.¹, Passone, M.A.¹

¹ Instituto de Ciencias de la Tierra, Biodiversidad y Ambiente (ICBIA) - Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

² Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV) - Universidad Nacional de Córdoba (UNC). Córdoba, Argentina.

asosa@exa.unrc.edu.ar

Los nematodos captan estímulos del ambiente a través de órganos sensitivos. Estos modulan su comportamiento según los estímulos captados; que pueden provenir de plantas, bacterias, hongos, insectos y otros nematodos. Estudios recientes enfatizan el papel de los compuestos orgánicos volátiles (COVs) emitidos por microorganismos en la orientación de los nematodos, debido a sus propiedades de evaporación y difusión a través de los poros del suelo a nivel de la rizosfera y exorizosfera. Aunque *P. lilacinum* es un agente de biocontrol muy estudiado, se desconoce el perfil de COVs que emite y su rol en la interacción con los nematodos fitoparásitos. El objetivo de este trabajo fue determinar el perfil de COVs producidos por dos cepas hongo nematófago (HN) *P. lilacinum* (SR14 y SR38). Para ello, las cepas fúngicas se cultivaron en medio agar extracto de suelo suplementado con raíz de tomate (AES+T) en viales que permitieron mantener la atmósfera aislada del ambiente durante 10 y 15 d. Se utilizaron viales con medio de cultivo sin inocular como control. Los COVs fueron analizados utilizando una fibra de microextracción en fase sólida (SPME) y cromatografía gaseosa acoplada a masas (GC/MS). Luego, se realizó la identificación de los picos cromatográficos por comparación de los espectros de masa con la librería NIST, el cálculo de índice de Kovats y el análisis de la estructura química de cada compuesto. Cuando las cepas de *P. lilacinum* desarrollaron en AESyT produjeron 6 COVs: 3-metil butanol, 2-metil butanol, estireno, benceno 1-metilmetil, 3-octenol y pinocarvona. Entre ellos, estireno, benceno 1-metilmetil y 3-octenol se produjeron de manera estable, sin mostrar variaciones significativas ($p < 0,05$) durante el periodo de incubación evaluado (10 y 15 d). En cambio, los niveles de 3-metil butanol disminuyeron significativamente ($p < 0,05$) (SR14: 11,86%; SR38: 18,03%) a los 15 d, con respecto al primer tiempo. Mientras que, la producción de 2-metil butanol, aumentó significativamente a los 15 d ($p < 0,05$) (SR38: 8,55%) respecto de los valores determinados a los 10 d. Se seleccionaron los siguientes compuestos: 3-metil butanol, 2-metil butanol, 3-octenol (radical -OH) y pinocarvona (radical =O) para continuar con los estudios debido a la capacidad reactiva de su estructura química. Es posible concluir que *P. lilacinum* es capaz de producir diferentes COVs, entre ellos algunos con mayor potencial reactivo, cuyo efecto sobre los nematodos fitoparásitos será evaluado en próximos estudios.

BPE45**Evaluación de factores fisicoquímicos en la co-inoculación secuencial de *Wickerhamomyces anomalus* y *Saccharomyces cerevisiae* mediante modelado ecológico**

Lladó, C.M.^{1,3}, Pedrozo, L.P.^{1,2}; Ocampo, E.Y⁴; Vazquez, F.,^{1,2}; Kuchen, B^{1,3}.

¹Universidad Nacional de San Juan, Facultad de Ingeniería, Instituto de Biotecnología, San Juan, Argentina.

²Universidad Nacional de San Juan, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, San Juan, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científica y Técnicas (CONICET)

⁴Instituto Nacional de Tecnología Industrial, San Juan, Argentina.

paulapedrozo17@gmail.com

Las interacciones microbianas en la vinificación afectan la calidad del vino y la dinámica poblacional de las levaduras. Estudios destacan el potencial de levaduras no convencionales como *W. anomalus* en estrategias de biocontrol de levaduras contaminantes, para reducir el uso de SO₂ y mejorar el perfil sensorial. La co-inoculación mixta secuencial con *S. cerevisiae* podría prolongar el efecto de biocontrol y mantener y/o mejorar la calidad del producto. El objetivo de este estudio fue evaluar la cinética de interacción entre *W. anomalus* BWa156 y *S. cerevisiae* BScz22 en función de distintas condiciones fisicoquímicas, optimizadas mediante un diseño experimental Box-Behnken, para garantizar la eficacia del biocontrol sin comprometer el proceso de fermentación. Se evaluaron tres factores: temperatura (15, 17,5 y 20 °C), concentración de SO₂ molecular (0, 0,1 y 0,2 ppm) y tiempo de co-inoculación secuencial (0, 24 y 48 h), en 15 combinaciones experimentales. Con levaduras activas en YPD agar, se prepararon preinóculos en mosto concentrado-diluido (21 °Brix, 25 °C, 110 rpm) suplementado con 1 % de extracto de levadura. Las fermentaciones se realizaron en 200 mL de mosto concentrado/diluido (21 °Brix), suplementado con 0,1 % de extracto de levadura, para inocular inicialmente cada levadura a $1,5 \times 10^6$ células/mL. A partir de las fermentaciones, se obtuvieron 180 datos experimentales mediante recuento en agar WLN. Se formularon los modelos y se evaluó el ajuste usando AMIGO2 (MATLAB), luego por criterio Akaike para evaluar los modelos y evitar el sobreajuste. Los resultados mostraron que el modelo de Lotka-Volterra ajustó satisfactoriamente las 15 cinéticas de co-inoculación. Los factores de concentración de SO₂ y temperatura, no influyeron significativamente en la interacción entre levaduras. Se observó que la inoculación de *S. cerevisiae* a las 48 h resultó en mayor crecimiento y persistencia de la población biocontroladora. El modelo final permitió realizar 400 simulaciones a distintos tiempos de co-inoculación mediante Runge-Kutta de cuarto orden, variando el inóculo inicial entre 5×10^6 y 1×10^8 células/mL. Las simulaciones mostraron que, incluso con baja proporción inicial, *S. cerevisiae* predomina en la fermentación. En conclusión, el modelado ecológico de co-inoculación secuencial permitió identificar combinaciones fisicoquímicas que favorecen el establecimiento de *W. anomalus* sin afectar significativamente la cinética de crecimiento de *S. cerevisiae*. Esta aproximación representa una herramienta útil para aplicar estrategias de biocontrol en vinificación con menor dependencia del SO₂, promoviendo prácticas enológicas más sostenibles.

BPE46**Aprovechamiento de la biodiversidad microbiana de Salta para el desarrollo de bioinsumos en el LIPBioc: control biológico sustentable en salud pública y evaluación toxicológica en modelo murino**

Echechurre, D.M.¹; López Zarif, D.^{1,2}; Puertas Ruíz, J.J.¹; Nieva, G.N.¹; Guanuco, A.P.¹; Cardozo, R.M.^{1,3}

¹Laboratorio de Investigación y Producción de Biocontroladores – Ministerio de Salud Pública. Salta, Argentina.

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

³Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta. Argentina.

cardozorm@gmail.com

La creciente resistencia de insectos vectores y plagas de interés sanitario a los insecticidas piretroides ha desafiado la eficacia de las estrategias tradicionales de control implementadas en diversos programas de salud pública. Esta situación impulsó la creación del Laboratorio de Investigación y Producción de Biocontroladores (LIPBioc), como un Programa del Ministerio de Salud Pública de la provincia de Salta, orientado al desarrollo y producción de bioinsumos microbianos como alternativa tecnológica frente a esta problemática. El LIPBioc trabaja en la investigación, desarrollo y escalado de formulaciones biológicas basadas en *Bacillus thuringiensis* var. *israelensis* (Bti) y *Beauveria bassiana*, con el fin de ofrecer herramientas eficaces y sostenibles, para el control de criaderos crípticos de formas inmaduras de *Aedes aegypti* y *Triatoma infestans* resistentes. Con estos bioinsumos se abastecen a 35 municipios de la provincia de Salta para la implementación de estrategias de Manejo Integrado de Plagas. El laboratorio promueve la generación de conocimiento científico y la transferencia tecnológica para fortalecer capacidades en salud ambiental. Desde este enfoque, se impulsa el aprovechamiento de la biodiversidad microbiana regional como recurso estratégico para el desarrollo de soluciones biológicas innovadoras. El aislamiento de cepas de *Bacillus* GRAS y hongos nematófagos desde matrices naturales como la miel de abejas y el suelo del Chaco salteño ha permitido identificar microorganismos con potencial bioinsecticida, propiedades tensioactivas y miconematicida, que constituyen una base prometedora para el diseño de nuevas formulaciones biotecnológicas de bajo impacto ambiental. En complemento, el LIPBioc desarrolla una línea de investigación experimental centrada en la evaluación de efectos subletales de insecticidas de uso extendido, con énfasis en su posible impacto sobre ejes neuroendocrinos clave en modelos murinos. Esta línea permite ampliar el conocimiento sobre mecanismos tóxicos no evidentes en los estudios convencionales, y al mismo tiempo sustenta científicamente el desarrollo de bioinsumos más seguros para la salud humana y ambiental. Este trabajo presenta una síntesis de las líneas estratégicas que articulan investigación microbiológica, salud pública y producción sustentable de bioinsumos, proponiendo una mirada integral sobre el desarrollo de biocontroladores microbianos como herramienta estratégica en salud pública, destacando su potencial para responder a desafíos actuales como la resistencia a insecticidas, la necesidad de tecnologías sustentables y la evaluación avanzada de riesgos, desde una perspectiva innovadora e interdisciplinaria.

MR7 Interacciones microbianas: estrategias innovadoras para aplicaciones agrícolas y ambientales

Papel del segundo mensajero c-di-GMP en la colonización de *Azospirillum baldaniorum* Sp245 a plantas de trigo

Ramírez-Mata, A.¹; Xiqui-Vázquez, M.L.¹; Mancilla-Simbro, C.²; Reyes-Carmona, S.R.¹; Baca B.E.¹

¹ Laboratorio de la Interacción Bacteria-Planta. Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla Pue, México.

² HybridLab. Fisiología y Biología Molecular de Células Excitables - Instituto de Fisiología. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Puebla Pue. México.

La inoculación de Rizobacterias Promotoras del Crecimiento Vegetal (PGPR) como biofertilizantes es una de las estrategias más eficientes y sostenibles de manipulación de la rizosfera que conduce a un aumento de la biomasa, el rendimiento y la salud de las plantas, su adaptación a estreses tanto bióticos como abióticos y a una mejora del valor nutricional de sus frutos y semillas. Los miembros del género bacteriano *Azospirillum* pueden promover el crecimiento de una gran variedad de plantas, una habilidad aprovechada por la industria para crear bioproductos destinados a mejorar el rendimiento de cultivos económicamente relevantes. Su metabolismo versátil permite a esta bacteria adaptarse a numerosos entornos, desde óptimos hasta extremos o altamente contaminados. Los estilos de vida rizosférico y endofítico de *Azospirillum* están gobernados por varios mecanismos, que conducen a una colonización eficiente de la planta hospedadora. Estos mecanismos incluyen la agregación celular, la formación de biopelícula, la movilidad, la quimiotaxis, la producción de fitohormonas y otras moléculas señalizadoras. En la regulación de muchos de estos procesos bacterianos, juega un papel clave el diguanilato cíclico (c-di-GMP), un segundo mensajero nucleotídico universal y ubicuo en bacterias. En este proyecto se estudia la regulación por c-di-GMP de algunos de los determinantes principales para la colonización de *Azospirillum baldaniorum* Sp245 a su planta hospedadora. El avance en su conocimiento es necesario para aumentar la aplicabilidad de este inoculante microbiano de gran importancia ecológica y agronómica.

Sociomicrobiología en la rizósfera de plantas leguminosas

Bogino, P.

Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS-CONICET), Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

Las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal incluyen tanto bacterias colonizadoras de la rizósfera como microorganismos diazotróficos que, bajo determinadas condiciones y en estrecha asociación con la planta, estimulan su crecimiento y productividad. Las interacciones rizobacteria-planta dependen de complejos eventos fisiológicos, que involucran de manera integrada a ambos organismos y se desarrollan en el micronicho rizosférico. Este constituye un ecosistema altamente diverso y dinámico, cuya funcionalidad se sustenta en la eficacia de los mecanismos de comunicación entre sus integrantes. Así, múltiples señales, receptores y actores conforman una intrincada red comunicativa que opera simultáneamente a niveles intraespecie, interespecie e interreino, condicionando la estructura y el funcionamiento de las comunidades microbianas asociadas a la raíz. La simbiosis rizobio-leguminosa representa un ejemplo paradigmático de diálogo molecular interreino exitoso, mientras que la comunicación bacteriana por quorum sensing (QS) constituye un proceso adaptativo ampliamente distribuido que coordina comportamientos colectivos. En bacterias Gram-negativas, el modelo clásico involucra a LuxI, enzima que sintetiza las moléculas señal acil-homoserina lactonas (AHLs), y a LuxR, regulador transcripcional que, al unirse a las AHLs, modula la expresión génica según la densidad celular. De especial interés son los denominados reguladores LuxR "solos", receptores que carecen de LuxI asociada y que pueden modular circuitos internos, detectar AHLs de otras especies o reconocer señales químicas no relacionadas con QS, incluidas aquellas producidas por organismos eucariotas. En *Ensifer meliloti*, rizobio simbiote de la alfalfa, la producción de exopolisacárido tipo II (EPS II, galactoglucano) depende de ExpR, un LuxR "solo" funcional que amplía la red de señalización y regula fenotipos asociados a la colonización de nichos. Por su parte, bacterias menos estudiadas como *Serratia ureilytica* y *Burkholderia ambifaria*, aisladas de la rizósfera de alfalfa y maní respectivamente, presentan sistemas de QS completos y múltiples LuxR "solos". En estos casos, la regulación abarca funciones clave para la supervivencia y la promoción vegetal, tales como la adhesión a raíces, la producción de sideróforos, la solubilización de nutrientes y la inhibición de fitopatógenos. El estudio de los procesos comunicativos en la rizósfera de leguminosas, especialmente en especies de relevancia productiva regional, resulta esencial para comprender y potenciar interacciones beneficiosas. Incorporar este conocimiento a estrategias biotecnológicas permitirá desarrollar bioinsumos innovadores capaces de mejorar el crecimiento y la sanidad vegetal, contribuyendo al diseño de sistemas agrícolas más eficientes, resilientes y sustentables.

Estrategias Innovadoras para el control de biofilms microbianos en procesos de biodeterioro

Viera, M.R.

Centro de Investigación y Desarrollo en Tecnología de Pinturas y Recubrimientos (CIDEPINT), (CICPBA, CONICET, UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

Facultad de Ciencias Exactas, UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina

Es ampliamente conocida la capacidad de los microorganismos, tanto en ambientes naturales como en aquellos modificados por el hombre, de crecer adheridos a superficies formando biofilms. La formación de estos consorcios microbianos conlleva una serie de consecuencias indeseables, que van desde infecciones asociadas al uso de dispositivos médicos, hasta la reducción de la eficiencia, la vida útil de equipos en entornos industriales y la pérdida de calidad de productos.

El biodeterioro se define como cualquier cambio no deseado en las propiedades de un material causado por la acción de agentes biológicos. Los materiales susceptibles de verse afectados por el biodeterioro son muy diversos: desde materiales orgánicos como cuero, papel o madera, hasta materiales inorgánicos como metales y rocas.

El control de este fenómeno se ha basado tradicionalmente en la aplicación de sustancias con propiedades biocidas. Sin embargo, estas estrategias presentan limitaciones significativas, como la capacidad de los organismos sésiles para desarrollar resistencia a los biocidas, así como los efectos adversos derivados del uso de compuestos químicos tóxicos.

Las **estrategias innovadoras** buscan superar estas limitaciones mediante:

- **Nanotecnología:** uso de nanopartículas antimicrobianas que lleven a una inhibición de la formación de biofilms.
- **Biotecnología:** aplicación de enzimas y bacteriófagos que degradan la matriz extracelular.
- **Moléculas de señalización:** inhibidores de quorum sensing para bloquear la comunicación microbiana.
- **Recubrimientos funcionales:** superficies antiadherentes y materiales inteligentes que dificultan la colonización.
- **Métodos combinados:** integración de métodos físicos, químicos y biológicos para mayor eficacia.

Estas tecnologías no solo permiten controlar el biodeterioro, sino que también promueven prácticas más sostenibles y eficientes, en comparación con los tratamientos convencionales.

Comunicaciones orales

OT52

Actividad microbiana, cultivos de cobertura y fósforo: un enfoque integral del suelo

Giannini, A.P.¹; Andriulo, A.E.¹

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina.

giannini.anapaula@inta.gob.ar

La disponibilidad de fósforo (P) es clave para mejorar servicios ecosistémicos como la producción de alimentos, la descomposición de residuos y el secuestro de carbono. Los cultivos de cobertura (CC), pueden alterar la dinámica del P del suelo y potenciar funciones microbianas asociadas. Sin embargo, es limitado el conocimiento sobre cómo la actividad enzimática del suelo interactúa con las formas de P bajo sistemas agrícolas que incluyen CC combinados con el uso de fertilizantes fosforados. Nuestro objetivo fue evaluar el efecto de los CC en la secuencia soja-soja (S-S) sobre la actividad de la fosfatasa ácida (FA), la actividad microbiológica total (FDA) y su relación con las formas de P. El estudio se realizó en un ensayo de largo plazo (INTA Pergamino), comparando S-S con y sin CC bajo siembra directa. El CC fue una mezcla de 60% avena y 40% vicia. En todos los tratamientos se aplicaron 16 kg P ha⁻¹ año⁻¹. En 2021 se tomaron muestras a 0–5, 5–10 y 10–20 cm para determinar FA, FDA, P total (PT), P orgánico (Po), P inorgánico (Pi) y P extractable (Pe). Luego de 11 años, los tratamientos con CC mostraron mayores valores de FA y FDA en todos los estratos, disminuyendo con la profundidad. El PT aumentó 10% y 32% en 0–5 y 5–10 cm, respectivamente, esto estuvo asociado al incremento del Po y a la disminución del Pi. En 10–20 cm, no se observaron diferencias en PT. Por su parte, el Pe no presentó diferencias entre tratamientos en ningún espesor de suelo analizado. Las variables biológicas se relacionaron con las formas orgánicas e inorgánicas de P a 0–5 (FDA) y 5–10 cm (FA), no así en 10–20 cm. Esto estaría indicando que el ingreso de residuos que se encuentra en la superficie, sumado a las raíces vivas del CC en pleno crecimiento, promueven la liberación de enzimas por parte de las plantas y de los microorganismos que descomponen los materiales orgánicos y aumentan el Po. La ausencia de CC no favoreció la acumulación de Po. Por otro lado, el uso exclusivo de fertilizantes minerales generó una actividad microbiana rizosférica limitada, que tendería a fijar Pi sin facilitar su intercambio con formas lábiles de Po. En el tratamiento con CC, parte del P mineral es transformado a formas extraíbles y, probablemente, absorbido por los cultivos, lo que explicaría la ausencia de diferencias en Pe entre tratamientos. En síntesis, los CC mejoran la capacidad del sistema para aprovechar el P del suelo, independientemente de su origen (CC, fertilizantes aplicados o P nativo). Las variables asociadas a la calidad de la actividad biológica del suelo mostraron ser sensibles a los cambios de manejo, y permiten inferir procesos clave en la dinámica del P. Una estrategia integrada de gestión de P debería enfocarse en optimizar los reservorios orgánicos en lugar de centrarse exclusivamente en fuentes minerales, lo que favorecería la retención de P y la sostenibilidad del agroecosistema.

OT53**El calcio como elicitor de la defensa vegetal en maní frente a *Sclerotium rolfsii* bajo condiciones controladas**

Marcellino, N.¹; Loser, U.A.¹; Ibañez, M.A.¹; Tonelli, M.L.¹

¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, UNRC-CONICET). Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

nmarcellino@ayv.unrc.edu.ar

Los hongos fitopatógenos ocasionan importantes pérdidas de producción en el maní cada año. Entre ellos, *Sclerotium rolfsii* es uno de los más preocupantes. Las estrategias de manejo deben ser eficaces, de bajo costo y con el menor impacto posible en la salud humana y el ambiente. En este sentido, el calcio se perfila como una opción prometedora, dado su papel protagónico en la defensa vegetal, incluida la inducción de resistencia, como ha sido demostrado en diversas investigaciones. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la aplicación de calcio sobre la inducción de la respuesta de defensa vegetal en plantas de maní desafiadas con *S. rolfsii*. Para ello, se realizó un ensayo en cámara de cultivo utilizando un sistema de macetas que garantiza la separación temporal y espacial entre inductor y patógeno. La enmienda aplicada consistió en 80% de CO_3Ca y 20% de SO_4Ca . En un trabajo previo se evaluaron diferentes dosis de la enmienda y se seleccionaron aquellas que lograron la mayor reducción de la incidencia de la enfermedad en tres genotipos diferentes de maní. Los genotipos utilizados fueron: Utré, al que se le aplicó una dosis de 4600 mg kg^{-1} de sustrato, y Granoleico y LAx8, a los que se les aplicó 2300 mg kg^{-1} . Las muestras vegetales se recolectaron 72 h post-inoculación con *S. rolfsii* (PI) para la determinación de compuestos fenólicos y 24 h PI para la determinación de la actividad de la enzima fenilalanina amonio liasa (PAL). El diseño fue en bloques completos al azar con cinco repeticiones. El análisis estadístico se realizó mediante modelos lineales mixtos con el programa Infostat. En cuanto a los compuestos fenólicos, se observó un aumento de concentración en las plantas tratadas con la enmienda cálcica e inoculadas con *S. rolfsii*. Además, también se observó una mayor actividad de PAL en los genotipos Granoleico y LAx8 bajo el mismo tratamiento. Estos resultados sugieren que el calcio puede reducir la incidencia del marchitamiento en maní, a través del aumento de compuestos fenólicos y de la actividad de la enzima PAL, como consecuencia de la elicitación previa con la enmienda.

IM04**Interaction between *Xanthomonas albilineans* and *Xanthomonas sacchari* in sugarcane**

Navarro, F.D.; Bianco, M.I.; Vojnov, A.A.; Mielnichuk, N.

Instituto de Ciencia y Tecnología Dr. César Milstein, CONICET-Fundación Cassará, CABA, Argentina.

flornavarro08@gmail.com

In this work we studied the interaction of native strains of *Xanthomonas albilineans* (Xa) and *X. sacchari* (Xs) isolated from sugarcane displaying leaf scald symptoms: Xa32 and Xs14. Xa is the causal agent of leaf scald, while the role of Xs as sugarcane pathogen remains to be clarified. The aim of this study was to investigate whether antagonism and/or competition interactions between Xa and Xs promote leaf scald development. Antagonism assays were performed by swabbing each bacterial species onto agar plates, followed by the application of 10 µl drops of the other species or its cell-free supernatant (CFS). In parallel, Xa32 drops adjusted to different concentrations (4X, 2X, 1X, 1:2, 1:10, and 1:100) were plated onto Xs14 lawn. In all cases, plates were monitored every 24 hours. To distinguish bacterial growth in competition and epiphytic survival assays, we used kanamycin-resistant strains (Xa32K, Xs14K) and gentamicin-resistant strains (Xa32G, Xs14G). Xs14 was transformed for this work using pBBR5 to yield Xs14G. For interspecies competition, Xa32G and Xs14K were co-cultivated in liquid medium using equal initial OD600 at 0.1 and different initial OD600 of 0.5 for Xa32 and 0.1 for Xs14K (OD600 1 aprox. 10^9 CFU/ml for all strains). After 6, 24 y 48 h of incubation, CFUs were quantified by plating serial dilutions. Epiphytic survival was analyzed on sugarcane leaves by spraying co-cultures of Xa32G-Xs14K and Xa32K-Xs14G along their respective monocultures (OD600 0.1). Leaf tissue samples for CFU counting were taken every 2-days up to 10 days post-inoculation (dpi). Results showed no inhibition halos in any of the combinations for antagonism assays with either live cells or CFS. Drops of Xa32 at concentrations 4X, 2X, 1X, and 1:2 caused lysis at 48 h when applied onto Xs14. Co-culture assays demonstrated that when both bacteria were inoculated at equal OD600, Xa32G growth was significantly reduced by Xs14K after 6, 24, and 48 h of incubation. However, when strains were inoculated at different OD600, Xa32G growth was only significantly reduced after 48 h of incubation, while Xs14K was significantly affected both at 24 and 48 h, suggesting that a higher Xa32 bacterial density can partially mitigate the competitive effects exerted by Xs14K also diminishing its survival. Epiphytic survival assays showed no differences between mono and co-cultures growth for both species, where Xa32 strains were recovered up to 6 dpi, whereas Xs14 up to 10 dpi. In conclusion, bacterial interactions indicated that competitive mechanisms may play a role in in vitro association, however, this trend was not observed in planta, where other types of interactions may be taking place.

MR8 Oportunidades de la microbiología agrícola y ambiental para la generación de empresas de base tecnológica. Impacto de las aceleradoras

Transformando ciencia de américa latina en impacto global

Matías Peire de la aceleradora GridX

mpeire@gridexponential.com

Emprender con Ciencia: El camino de las startups de alto impacto.

Agustin Bramanti de la aceleradora SF500.

agustin.bramanti@sf500.com.ar

Creación de Empresas de Base Tecnológica en el IPROByQ, CONICET

Hugo Menzella del IPROBYQ Rosario CONICET:

hugomenzella@gmail.com

Extremófilos de la Puna: el valor de biotecnológico de la ciencia básica.

María Eugenia Farias de empresa Puna Bio

mariu@punabio.com

Del metagenoma a la aplicación: herramientas bioinformáticas e inteligencia artificial para transformar datos en soluciones.

Martín Espariz de la empresa TAXON Bioinformatics Solutions

espariz@taxon.tech

Innovación en Formulaciones de Fitosanitarios.

Claudia Casalongue de la empresa UNIBAIO Soluciones Naturales

unibio.ar@gmail.com

Microbiología aplicada: motor para startups y emprendimientos de base tecnológica.

Cintia Romero de la empresa Qumir nano

cinromero78@gmail.com

Elige tu propia aventura: Investigar (y / o / vs) emprender.

Conrado Adler de la empresa M4Life

Ca@m4life.bio

En esta mesa redonda, los expositores brindaron información para entender como pasamos de los laboratorios de investigación a los laboratorios de aplicación. Se mostraron distintas estrategias y cuales pueden ser las alternativas para generar nuevos recursos biotecnológicos en el ámbito de la Microbiología Agrícola y Ambiental.

MR9 Biodiversidad y sostenibilidad global

Diversidad fúngica nativa: nuestro biopatrimonio esencial y estratégico para una biotecnología sostenible.

Robledo, G.; Pérez, A.

Centro de Transferencia de Bioinsumos (CeTBIO), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Córdoba.

La diversidad fúngica nativa constituye un componente esencial y estratégico de nuestro biopatrimonio, con un potencial único para impulsar una biotecnología sostenible. En Argentina, el conocimiento sobre este recurso es aún desigual y fragmentado. Mientras que algunos grupos, como los hongos macroscópicos y los fitopatógenos, han recibido mayor atención, la mayoría de los microhongos permanecen prácticamente inexplorados. Esta situación abre un campo enorme para la bioprospección de especies nativas, basada en la taxonomía, la sistemática filogenética y la ecología. Se presenta aquí un panorama de tres grupos clave de la diversidad fúngica en el país. En primer lugar, se destaca la notable riqueza de hongos de la madera, un recurso poco estudiado a pesar de su relevancia ecológica y de su gran potencial como fuente de enzimas, metabolitos y compuestos de interés industrial. Se discutirán ejemplos de su papel en la degradación de la lignocelulosa y en el reciclaje de nutrientes, así como sus posibles aplicaciones biotecnológicas. En segundo lugar, se presentan los resultados de una prospección de cepas nativas de *Trichoderma*, evaluadas por sus distintas actividades biológicas, que derivaron en el desarrollo exitoso de bioinsumos agrícolas. Este caso demuestra cómo la exploración sistemática y la caracterización de la diversidad fúngica pueden traducirse en soluciones sostenibles y competitivas para la producción agropecuaria. Finalmente, se incluyen avances y proyectos en curso sobre hongos entomopatógenos, explorando su potencial en la formulación de bioinsumos y en la obtención de compuestos bioactivos de alto valor agregado. Aún queda mucho por estudiar: la funga argentina continúa en una etapa incipiente de caracterización. Sin embargo, la integración de herramientas moleculares (DNA barcoding, metagenómica) ya está comenzando a transformar el panorama. Todo ello pone en evidencia la necesidad urgente de conservar, investigar y valorizar nuestro patrimonio fúngico nativo como base para la innovación biotecnológica.

Explorando la biodiversidad microbiana en el ecosistema vitivinícola argentino

Mercado, L.A.^{1,3}; Chimeno, S.V.^{1,3}; Combina, M.^{1,2}

¹ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Mendoza, Luján de Cuyo, Mendoza, Argentina.

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Centro Científico Tecnológico Mendoza, Mendoza, Argentina.

³ Universidad Nacional de Cuyo, Facultad de Ciencias Agrarias, Mendoza, Argentina

En el marco de la producción de vinos, el ecosistema vitivinícola comprende la vid, el clima y el suelo de este ambiente, e incluye además un componente biótico esencial: los microorganismos, entre los cuales las levaduras desempeñan un rol preponderante. Este conjunto de factores se resume en el concepto de "terroir" vitivinícola, de gran relevancia y en constante evolución en el ámbito del vino. En los últimos años, estudios en distintas regiones vitivinícolas del mundo han permitido además establecer la noción de "terroir microbiano" o la firma microbiana asociada al terroir. En el Laboratorio de Microbiología enológica de INTA Mendoza hemos abordado el estudio de la biodiversidad de *Saccharomyces cerevisiae*, la levadura enológica por excelencia, en viñedos de Malbec de la Zona Alta del río Mendoza, el terroir tradicional de producción de la variedad de vid emblemática de Argentina. Se propuso el estudio de poblaciones a nivel intraespecífico de *S. cerevisiae*, lo que implicó un muestreo amplio y exhaustivo en viñedos, el aislamiento de levaduras representativas de los mismos y la caracterización molecular necesaria para el objetivo perseguido. Los resultados obtenidos luego de años de estudio han permitido proponer la presencia de poblaciones de *S. cerevisiae* representativas de los viñedos de ZARM, así como la noción de una diversidad estable de estas poblaciones a lo largo del tiempo. Por otro lado, se confirmó la presencia de diferentes cepas de *S. cerevisiae* en diferentes nichos del viñedo a lo largo de su ciclo vegetativo, con un comportamiento dinámico y un papel clave de la corteza como reservorio de diversidad. Además, los resultados destacan el impacto del manejo aplicado en el viñedo en la diversidad de las poblaciones de *S. cerevisiae* mencionadas; la proximidad de la bodega y el uso de enmiendas pueden modificar la diversidad de esa temporada. Mas recientemente, el estudio del microbioma asociado a este ecosistema ha permitido empezar a comprender que manejos de viñedo de tipo orgánico/biodinámico propician la convivencia de genomas bacterianos y fúngicos propios y diferentes respecto de otra estrategia productiva. Por otro lado, nuestro trabajo ha ido acompañado con un esfuerzo permanente del rescate de estos recursos genéticos microbianos, resguardando en nuestra colección de microorganismos (CoMIM) como reservorio de esta variabilidad genética para enfrentar desafíos futuros. La experiencia lograda con estos estudios nos permite evidenciar la importancia del conocimiento profundo del componente microbiano de cada región vitivinícola, como parte integral del terroir y las características propias de cada vino.

Los microorganismos psicrófilos y su relevancia para la biodiversidad y la sostenibilidad global

Willis-Poratti, G.^{1,2}

¹ Instituto Antártico Argentino (IAA). San Martín, Buenos Aires, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

Los ecosistemas polares constituyen ambientes extremos, caracterizados por bajas temperaturas, variaciones en la disponibilidad de nutrientes y condiciones físicas y químicas altamente variables. En estos entornos, los microorganismos psicrófilos se destacan por su capacidad de adaptación y su rol central en la dinámica ecológica. Estos organismos dominan las comunidades microbianas en suelos, glaciares, ambientes marinos y sedimentos costeros, donde cumplen funciones críticas para el sostenimiento de la vida. La importancia biológica de los microorganismos psicrófilos se evidencia en su participación en ciclos biogeoquímicos, como los de carbono, nitrógeno, azufre y hierro, donde contribuyen al reciclado de nutrientes y al mantenimiento de las tramas tróficas en condiciones de baja productividad primaria. Además, representan reservorios de diversidad genética y metabólica con un alto grado de novedad evolutiva, reflejo de estrategias adaptativas aún muy poco exploradas y contribuyen a la regulación climática mediante la fijación y liberación de gases de efecto invernadero. En las últimas décadas, el retroceso de glaciares y la transformación acelerada de los ecosistemas polares bajo el cambio climático están modificando la distribución y estructura de estas comunidades, lo que podría generar impactos de gran escala en la biodiversidad. Más allá de su rol ecológico, los microorganismos psicrófilos poseen un enorme potencial biotecnológico. Las enzimas adaptadas al frío ofrecen aplicaciones sostenibles en bioremediación, industria alimentaria, farmacéutica y procesos industriales de bajo consumo energético. Además, sus características extremas los convierten en modelos idóneos para investigar los límites de la vida, con implicancias en astrobiología. En conclusión, los microorganismos psicrófilos deben considerarse actores clave en la biodiversidad polar y en la sostenibilidad global. Su estudio no solo permite comprender procesos ecológicos esenciales en ambientes extremos, sino también explorar innovaciones aplicadas con impacto directo en los desafíos ambientales y tecnológicos actuales.

Comunicaciones orales

ByS18

Efecto de la disminución de la intensidad de pastoreo sobre la comunidad de hongos micorrícicos arbusculares en pastizales con suelos sódicos

García, I.V.¹; Cáceres-Mago, K.²; Otondo, J.³, Becerra, A.G.²

¹MACN-CONICET. Buenos Aires. Argentina.

²IMBIV, CONICET-UNC, FCEFyN, UNC. Córdoba. Argentina.

³Estación Experimental Agropecuaria Cuenca del Salado, INTA. Buenos Aires. Argentina.

ile_garcia@yahoo.com.ar

El escaso control del pastoreo bovino conduce a la degradación de los pastizales. El cambio en el manejo del ganado hacia una forma más conservativa del ambiente afectaría la diversidad de hongos micorrícicos arbusculares (HMA). El objetivo fue evaluar estacionalmente el efecto de la disminución en la intensidad de pastoreo bovino (IP) sobre la comunidad de HMA en pastizales con suelos sódicos. Se seleccionaron seis pastizales con diferente IP (baja y alta). En Buenos Aires: pastizales 1B (baja IP, 1 EV/ha, Equivalente vaca/hectárea) y 2A (alta IP, 0,85 EV/ha); en Santa Fe: 3B y 5B (baja IP, 1,23 EV/ha) y 4A y 6A (alta IP, 0,57 EV/ha). Los pastizales 1 al 4 se ubicaron sobre un Natracuol típico, y 5 y 6 sobre un Natracualf típico. En cada pastizal se tomaron muestras de suelo en primavera y otoño, y se evaluó el porcentaje de suelo desnudo a partir de censos de vegetación. Se describió la taxonomía morfológica de las esporas de HMA, densidad hifal, glomalina total (GT), pH, humedad edáfica, C y N orgánico, P disponible y porcentaje de sodio intercambiable (PSI). La diversidad de HMA fue mayor en primavera. Se describieron cinco familias de HMA, nueve géneros y catorce especies en primavera: 55,5% de los géneros pertenecen a *Glomeraceae*, y 28,6% de las especies corresponden a *Glomus*. En otoño: dos familias, cinco géneros y seis especies: 80% de los géneros pertenecen a *Glomeraceae* y 33,3% de las especies a *Funneliformis*. La densidad hifal fue mayor en los pastizales con baja IP. GT fue mayor en primavera en todos los pastizales. La relación estacional entre la diversidad de HMA y variables edáficas se mostró a través de un análisis de componentes principales (CP1=40,7%, CP2=23,6%). Los pastizales 1-2 y 3-4 se separan de 5-6. En primavera, 1-2 y 3-4 se asocian con valores más elevados de P (valor promedio entre pastizales: 8,9 mg/kg), N y C orgánico (valor promedio: 1,88%; 0,21%, respectivamente), mientras que 5 y 6 se asocian con valores mayores de pH y PSI (valor promedio: 8,7 y 32,5%, respectivamente). GT se asocia positivamente con 1-4, N y C orgánico y *Sclerocystis sinuosa*. *Glomus brohultii* y *Funneliformis geosporus*, especies generalistas, correlacionan positivamente con densidad hifal. *Entrophospora clarioidea* se asocia positivamente con el incremento del suelo desnudo, siendo mayor en 5-6. *Funneliformis mosseae* se asocia positivamente con valores mayores de pH, humedad edáfica y suelo desnudo. *Rhizoglyphus intraradices* se asocia con el incremento de pH y PSI. La disminución de la IP en pastizales con escaso control del ganado no evidenció cambios sobre la diversidad de HMA. La comunidad HMA

muestra una alta adaptación a las condiciones edáficas, denotando gran resiliencia, con un efecto estacional marcado sobre la diversidad de especies.

ByS19

Indicadores biológicos de contaminación de suelo en la Cuenca Matanza Riachuelo: glomalina y riqueza de hongos micorrízicos arbusculares

Guerra Moreno, M.¹; Silvani, V.A.^{1,2}; Godeas A.M.^{1,2}; Colombo, R.P.^{1,2}

¹ Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Buenos Aires, Argentina.

² CONICET - Universidad de Buenos Aires, Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada (IBBEA), Buenos Aires, Argentina.

roxanacolombo@bg.fcen.uba.ar

La Cuenca Matanza-Riachuelo (CMR) es una de las regiones más urbanizadas e industrializadas de Argentina y ha sufrido una degradación ambiental constante. A pesar de ser una de las cuencas más contaminadas del mundo, su medioambiente asociado ha sido poco estudiado en múltiples aspectos. La gran mayoría de las investigaciones sobre la CMR se han centrado en sus aguas y sedimentos, así como en los aspectos sociales. Los estudios sobre los suelos de la CMR son aún limitados, así como los relacionados con la biodiversidad edáfica en general. Particularmente, la biodiversidad de los hongos micorrízicos arbusculares (HMA), hongos simbioses obligados del phylum Glomeromycota, y su variación a lo largo de la CMR, es desconocida. En este trabajo, se realizaron seis muestreos en las tres regiones de la CMR (cuencas alta, media y baja). Laguna de San Vicente en cuenca alta, Río Matanza (Ezeiza) y Arroyo Ortega (Esteban Echeverría) en cuenca media y Arroyo Cildañez (Ciudad Autónoma de Buenos Aires) y Riachuelo (2 sitios en Avellaneda) en cuenca baja. Para cada sitio se evaluó la concentración de metales pesados (MP), materia orgánica, glomalina y la riqueza de especies de HMA así como otros parámetros de suelo (pH, salinidad, conductividad eléctrica y fósforo). Se observó una clara variación en los grados de contaminación entre los diferentes sitios de muestreo. Las concentraciones de metales pesados reportados para la cuenca baja fueron mayores que para la cuenca alta, denotando un gradiente de contaminación a lo largo de la CMR. Para cada sitio, se estimó la riqueza de la comunidad de HMA mediante el método de tamizado húmedo para el aislamiento de esporas y la posterior identificación de especies mediante caracteres taxonómicos de los propágulos. Se contabilizaron 16 especies de HMA, siendo la cuenca alta la que mostró la mayor probabilidad de riqueza. La familia Glomeraceae fue la más representada (72,95%) en la CMR, y las especies más frecuentes fueron *Rhizophagus intraradices*, *Rhizophagus irregularis*, *Funneliformis mosseae*, *Septoglomus viscosum*, *Rhizogloium microaggregatum* y *Glomus sinuosum*. En cuanto a la glomalina, considerada como un indicador biológico del grado de contaminación del suelo por ser una respuesta de los HMA a condiciones de estrés, las concentraciones variaron significativamente entre sitios y se correlacionaron significativamente con la concentración de MP, particularmente de Cu y Cr, por lo que sería un buen indicador de calidad de suelo.

MR10 Bioinsumos y economía circular: una solución microbiana

Levaduras con identidad y residuos con futuro: hacia una vitivinicultura sustentable

Combina, M.^{1,2}; Mercado L.^{1,3}; Rojo M.C.²; Ponsone L.^{2,3}; Kuhn Y.¹; Becerra L.²; Riviera E.²; Torres-Palazzolo C.^{2,3}; Ferreyra S.²; Chimeno V.¹

¹Estación Experimental Agropecuaria Mendoza, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, (EEA Mza-INTA) Lujan de Cuyo, Mendoza, Argentina. combina.mariana@inta.gob.ar

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

³Facultad de Ciencias Agrarias y Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo (FCA-UNCuyo), Mendoza, Argentina

Una vitivinicultura sostenible busca un equilibrio entre la producción de vino de alta calidad y la protección del medio ambiente, el bienestar social y la viabilidad económica del sector, asegurando que las futuras generaciones puedan disfrutar de los vinos y sus beneficios. La vitivinicultura en sí, es una industria con elevados rasgos de sustentabilidad, ya que valora los territorios donde se desarrolla "Terroir", no solo su clima, sus suelos y sus variedades de vid, sino también sus microorganismos. Además, debido a sus características de cultivo, bajo requerimiento de agua y baja incidencia de hongos debido a las zonas secas donde se cultiva, su producción se realiza casi de manera orgánica o agroecológica. La microbiología juega un papel crucial en una vitivinicultura sostenible ofreciendo soluciones naturales y eficientes para mejorar la salud del suelo, la vid y la calidad del vino, reduciendo la dependencia de productos químicos sintéticos. Diferentes aportes de la microbiología a la vitivinicultura sostenible son la mejora de la salud del suelo y la biodiversidad de los viñedos que contribuyen a un ecosistema más resiliente y a una mayor resistencia a enfermedades y estrés ambiental; el biocontrol como estrategia de protección contra enfermedades y plagas y reemplazo de pesticidas de síntesis química, la mejora de la calidad de los vinos mediante la selección de levaduras autóctonas y la reducción de residuos mediante el aprovechamiento de los orujos, entre las más importantes. Las levaduras son los microorganismos claves en la producción de los vinos y representan las estrategias biológicas para la diferenciación de los vinos, el biocontrol de los diferentes tipos de productos vitivinícolas y el aprovechamiento de sus residuos. El Laboratorio de Microbiología Enológica del INTA Mendoza, viene investigando y desarrollando biotecnología en estas áreas con resultados promisorios. Se comentarán casos exitosos como: la levadura TANGO seleccionada para la fermentación de vinos Malbec y la valorización del patrimonio de vides criollas mediante la selección de levaduras propias. El uso de levaduras para el biocontrol de hongos y ocratoxina A en vinos y pasas de uvas, y para la extensión de la vida útil de la uva de mesa durante la poscosecha. El aprovechamiento de los orujos de las uvas para la producción de etanol de origen vegetal, producto de elevado valor en la industria alimenticia y cosmética. Estas y otras estrategias microbiológicas representan herramientas valiosas para una vitivinicultura más sostenible, permitiendo la producción de vinos de alta calidad con un menor impacto ambiental.

Rizobacterias inmovilizadas: el camino circular de los bioinsumos

Fernández, M.

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina

La agricultura del futuro requiere tecnologías sostenibles que reduzcan el uso de insumos químicos y promuevan la salud del suelo y el ambiente. En este contexto, los inoculantes a base de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR), como *Azospirillum* y *Pseudomonas*, representan una alternativa biológica prometedora. El desarrollo de nuevas formulaciones sólidas, basadas en la inmovilización bacteriana en matrices biodegradables obtenidas a partir de residuos industriales busca optimizar el uso de recursos, mejorar la estabilidad de los inoculantes y favorecer un modelo de producción circular que impulse la sustentabilidad agrícola. El objetivo de este trabajo fue evaluar el desempeño de una matriz biodegradable compuesta por quitosano y almidón de grado industrial para la formulación de inoculantes de liberación controlada con las cepas *Azospirillum argentinense* Az39 y *Pseudomonas rhodesiae* ZME4 para su aplicación al cultivo de maíz (*Zea mays*). Para ello, se analizó: i) la supervivencia bacteriana durante un año de almacenamiento; ii) la distribución de biofilms en las macroesferas; iii) la liberación inducida por exudados radicales de maíz en las primeras horas posteriores a la inoculación; y iv) el comportamiento en el campo bajo diferentes condiciones ambientales y de manejo, en comparación con la formulación líquida. Los resultados revelaron que *A. brasilense* Az39 y *P. rhodesiae* ZME4 pueden coexistir en macroesferas de quitosano/almidón de grado industrial, y que esta inmovilización conjunta beneficia la supervivencia de ambas especies, incluso durante más de un año en condiciones de almacenamiento. La microscopía confocal con cepas fluorescentes reveló que ambas especies se distribuyeron en diferentes ubicaciones dentro y fuera de las macroesferas. Además, la liberación de estas bacterias desde las macroesferas fue estimulada por la presencia de exudados de raíces de maíz en las primeras horas posteriores a la inoculación generando una efectiva colonización del sistema radical. En los ensayos en el campo, los inoculantes poliméricos demostraron un desempeño superior a las formulaciones líquidas. En ambientes con condiciones edafoclimáticas limitantes para el crecimiento del cultivo, la inoculación líquida mostró inestabilidad e imprevisibilidad en el rendimiento. Además, cuando los recursos estaban limitados por una alta densidad de plantas, solo la inoculación mediada por esferas mantuvo el rendimiento del cultivo. La tecnología de inmovilización bacteriana en matrices de quitosano/almidón es adecuada para la entrega de comunidades sintéticas de bacterias como inoculantes de liberación controlada y son más eficientes que la inoculación líquida, pudiendo ampliar el alcance de las aplicaciones de inoculantes a diversas áreas geográficas y manejo de cultivos.

***Trichoderma*, un hongo con gran potencial para el agro y la nanotecnología**

Consolo, V.F.

Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC-CONICET), Mar del Plata, Argentina.

consolo.vf@gmail.com, faconsolo@inbiotec-conicet.gob.ar

El desarrollo y el mercado de los agrobioinsumos se encuentra en plena expansión en el marco de los requerimientos de la implementación de una agricultura sustentable. Los hongos del género *Trichoderma*, son microorganismos de suelo ampliamente utilizados como agrobioinsumos dado que poseen mecanismos directos o indirectos para promover el crecimiento vegetal, así como también presentan excelentes propiedades de biocontrol siendo antagonistas de fitopatógenos. En Argentina, el desarrollo de bioinsumos basados en *Trichoderma* se encuentra en plena expansión. Por lo tanto, la innovación en formulaciones que aprovechen la potencialidad de estos hongos preserven su viabilidad y mejoren la logística de envasado y la distribución es un desafío que presenta un especial interés. El grupo de Micología y Microbiología de suelos del INBIOTEC lleva a cabo estudios de caracterización y selección de cepas promisorias de *Trichoderma* como así también se diseñan nuevas formulaciones que preserven la viabilidad y faciliten la forma de aplicación, así como el almacenamiento. Entre las múltiples potencialidades que tiene *Trichoderma* se puede aprovechar la capacidad de producir bionanopartículas que pueden ser utilizadas como nuevas estrategias para el agro tanto en el control de enfermedades como en la provisión de nanonutrientes para los cultivos. Nuestro grupo de trabajo es pionero en la síntesis y optimización de la producción de nanopartículas a partir de este hongo basada en métodos amigables con el ambiente. Bioensayos de formulaciones de *Trichoderma* y su aplicación, así como el uso de nanopartículas biogénicas en cultivos intensivos y extensivos han mostrado resultados promisorios validando un escenario innovador para el desarrollo y la aplicación de estos productos considerando su aplicabilidad en el marco de programas de sostenibilidad de la producción agrícola.

Comunicaciones orales

OT54

Diferentes condiciones de compostaje de cama de pollo modifican las bacterias del ciclo del Nitrógeno en el abono final

Hernández Guijarro, K.¹; Irazogui, M.²; Okada, E.¹

¹ IPADS-INTA Balcarce. Balcarce, Buenos Aires. Argentina.

² IdICaL (INTA-CONICET). Rafaela, Santa Fe, Argentina.

hernandez.keren@inta.gob.ar

El compostaje de la cama pollo permite convertir un residuo de la producción avícola en un producto usado como enmienda para mejorar las propiedades del suelo y la productividad de los cultivos. Diferentes factores bióticos y abióticos modifican la calidad del producto final dado por el grado de eficiencia en la descomposición de la materia orgánica, a través de los ciclos biogeoquímicos del nitrógeno (N), carbono (C) y fósforo (P), principalmente. Este estudio tuvo como objetivo determinar el efecto de la aireación y la relación C:N durante el compostaje sobre los microorganismos del ciclo del N. Se realizaron tres tratamientos de compostaje en pilas a campo con repeticiones: PAC19 sin aireación y C:N=19; MAC19 con aireación y C:N=19 y MAC30 con aireación y C:N=30. Además se analizó la cama de pollo fresca (CPF). A partir del ADN extraído se secuenció el gen del ARN ribosomal 16S (Oxford Nanopore) y se cuantificaron los genes involucrados en los procesos de fijación del N (*nifH*) y de desnitrificación (*nirK*, *nirS*, *nosZ*) mediante PCR en tiempo real (SyBRGreen). Los tratamientos PAC19 y MAC19 mostraron mayor diversidad filogenética respecto a MAC30 y CPF ($p < 0.05$). Los OTUs que mayoritariamente estuvieron asociados a los genes del ciclo del N pertenecieron a los phyla *Bacillota*, *Bacteroidota* y *Pseudomonadota*. Los análisis de correlaciones entre todos los genes revelaron relaciones positivas entre las abundancias de *nirK* y *nosZ* ($R = 0.6853$, $p = 0.0139$) y correlaciones negativas entre *nirS* y *nifH* ($R = -0.7343$, $p = 0.0065$). Se detectó una gran diversidad de taxones relacionados significativamente con *nirK*, mostrando el tratamiento MAC19 el número de secuencias más alto pertenecientes a las familias *Lewinellaceae*, *Nitrosomonadaceae* y *Methylophilaceae* y al género *Luteimonas*. La aireación tuvo un efecto más marcado sobre las bacterias fijadoras del N y desnitrificantes que la relación C:N. El tratamiento PAC19 favoreció la abundancia de los genes *nifH* y *nosZ* y una disminución del gen *nirS*. Los géneros con mayor número de secuencias asociados significativamente a estos genes fueron: *Skermella* para *nirS*; *Pallidibacillus*, *Simbacillus*, *Legionella* y *Brevibacterium* para *nifH* y *Alkaliphilus*, *Lysobacter* y *Rhodanobacter* para *nosZ*. Este estudio detectó cambios en las bacterias del ciclo de N según las condiciones de compostaje empleadas y crea las bases para comprender el potencial efecto de la aplicación de los compost como enmienda sobre las comunidades microbianas edáficas y el desarrollo de los cultivos.

OM4

Potencial de *Trichoderma* spp como fuente de enzimas fibrolíticas para la mejora nutricional de forrajes fibrosos en rumiantes

Rompato, K.M.¹; Jara, G.A.¹; Cian, E.¹; Reviglio, R.M.¹

¹ Genofeed SA. Reconquista, Santa Fe, Argentina.

karinarompato@gmail.com

La alimentación de rumiantes basada en forrajes con alto contenido de fibra detergente neutro (FDN), sin la inclusión de suplementos proteicos, suele ser insuficiente para cubrir sus requerimientos de mantenimiento debido a la baja digestibilidad y disponibilidad de nutrientes en el rumen. Esta limitación reduce la ingesta voluntaria y, por ende, el rendimiento animal. En este contexto, el uso de enzimas fibrolíticas exógenas, como celulasas y xilanasas de origen fúngico, ha emergido como una alternativa biotecnológica prometedora para mejorar la digestibilidad de forrajes fibrosos, incrementar la producción de ácidos grasos volátiles (AGV) y optimizar parámetros productivos como el consumo y la ganancia de peso. La expresión de estas enzimas está determinada por factores como la especie del hongo y las condiciones de cultivo, siendo la fuente de carbono un regulador clave. Mientras que la glucosa reprime la expresión de genes que codifican enzimas fibrolíticas, compuestos como el glicerol, sorbitol y la celulosa la inducen. En el ámbito agropecuario, el tratamiento de materiales fibrosos con hongos ligninolíticos ha mostrado potencial para mejorar la calidad nutritiva de los forrajes. En particular, el género *Trichoderma* destaca por su capacidad metabólica para degradar una amplia gama de biopolímeros vegetales, como celulosa, quitina, pectina y almidón, lo que lo convierte en una fuente eficaz de enzimas fibrolíticas. El objetivo del presente estudio fue identificar combinaciones óptimas de cepas de *Trichoderma* spp y sustratos que maximicen la actividad fibrolítica sobre *Pennisetum purpureum* (pasto elefante). Se aislaron doce cepas de *Trichoderma* sp (A a K) mediante bioprospección, y se cultivaron bajo condiciones controladas (28 °C, 80 % HR, 10 días) en sustratos individuales y combinados, dando lugar a 13 tratamientos. Los cultivos fueron procesados para obtener sólidos enzimáticos (SE), los cuales se evaluaron in vitro simulando condiciones ruminales (pH 5.2, 42 °C, agitación durante 60 minutos) y pasto elefante como sustrato. Se determinó la actividad fibrolítica total mediante cuantificación de azúcares reductores con la técnica del ácido dinitrosalicílico (DNS), además de las actividades específicas de celulasa y xilanasas. Los resultados revelaron que cuatro combinaciones cepa/sustrato presentaron actividades enzimáticas significativamente superiores ($p < 0.05$), entre 9 y 13 U/g de sustrato, destacando las cepas A y D cultivadas en mezclas de arroz con avena, Gramma rhodes y cascarilla de algodón. Las cepas mostraron diferencias fenotípicas en morfología y estadísticamente significativas de velocidad de crecimiento, 0,44 a 1,6 cm/día en PDA, agar Czapeck y agar malta, lo que sugiere variabilidad funcional relevante. Estos hallazgos apoyan el potencial del uso de cepas nativas de *Trichoderma* spp para el desarrollo de aditivos enzimáticos dirigidos a mejorar la digestibilidad de forrajes fibrosos en rumiantes.

PÓSTERES

Aplicaciones ómicas en la microbiología agrícola y ambiental

AO1

Metagenómica en *Anastrepha fraterculus*, la mosca Sudamericana de la fruta

Conte, C.A.¹; Rivarola, M.²; González, S.²; Paternoste, M.A.¹; Soria, M.C.¹; Russo, R.M.¹; Milla, F.H.¹; Segura, D.F.¹; Lanzavecchia, S.L.¹

¹Lab. de Insectos de Importancia Agronómica, Instituto de Genética, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Buenos Aires, Argentina. ²Instituto de Biotecnología IABIMO-CONICET, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Buenos Aires, Argentina.

conte.claudia@inta.gob.ar

Anastrepha fraterculus Wiedemann (Diptera: Tephritidae) es una de las plagas más destructivas de frutales con importancia económica en Sudamérica. Su control se basa principalmente en insecticidas químicos y medidas de control culturales; aunque la técnica del insecto estéril se encuentra en etapas de evaluación para su futura aplicación. En este contexto, estudiar las interacciones de esta especie con microorganismos cobra relevancia, ya que pueden influir procesos de interés tales como la inmunidad, reproducción, longevidad, entre otros. También podrían modular comportamientos de interés agrícola como la oviposición, la selección de hospederos y la adaptación a diversos ambientes y/o frutas. Previamente, el bacterioma intestinal de esta especie ha sido analizado mediante metasecuenciación del fragmento V6-V9 del gen 16S. En este trabajo, analizamos lecturas generadas a partir del ADN total de cuerpo entero de adultos (macho y hembra) de *A. fraterculus* utilizando la tecnología Oxford Nanopore para conocer el perfil de microorganismos potencialmente presentes, incluyendo bacterias, virus y hongos, y utilizando herramientas bioinformáticas disponibles en la plataforma Galaxy. La visualización de la calidad de las lecturas genómicas obtenidas fue realizada con NanoPlot, Porechop fue utilizado para el recorte de los adaptadores y Filtlong para el filtrado por longitud de las lecturas. La asignación taxonómica fue realizada mediante Kraken2, utilizando distintas bases de datos. La visualización de los resultados se realizó con Pavian. El ensamble de metagenomas se realizó usando metaFlye. Se obtuvieron 15.798.172 lecturas para la hembra y 9.427.791 para el macho. Al clasificar taxonómicamente las lecturas generadas para cada sexo, el porcentaje de lecturas asignadas a bacterias en la hembra fue de 1,92% mientras que en el macho fue de 1,6%. En este caso, los géneros *Wolbachia* y *Flammeovirga* fueron los más representados, siendo posible la obtención del genoma completo y circularizado de *Wolbachia* con 1.463.854 pb, mediante el ensamble de metagenomas. En cuanto a hongos, el macho mostró el 0,00171% de lecturas asociadas, mientras que la hembra 0,00116%. Los géneros con mayor número de lecturas asignadas fueron *Fusarium* y *Naumovozyma*, en ambos sexos. Se hallaron 5 lecturas asociadas a virus del género *Bracoviriform*, familia *Polydnaviridae* solo en la hembra. Este estudio nos permitió conocer el perfil taxonómico de microorganismos a partir de muestras de ADN total de *A. fraterculus*. A futuro, se espera continuar la caracterización funcional de genes de *Wolbachia* sp., y aumentar la información genómica de otros microorganismos presentes a través de técnicas específicas de aislamiento del material genético, secuenciación y análisis bioinformáticos. El conocimiento de la comunidad microbiana de este insecto de interés agrícola permitirá proporcionar herramientas innovadoras para el desarrollo de métodos alternativos para su control.

AO2**Diferencias en la comunidad fúngica de la filosfera entre tres especies de *Nothofagus* del bosque andino-patagónico**

Cagnani, J.¹; Vivanco, L.;² Soria, M.A.¹

¹Cátedra de Microbiología Agrícola. Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires. Ciudad de Buenos Aires. Argentina.

²Cátedra de Ecología. Instituto de Fisiología y Ecología vinculado a la Agricultura (IFEVA), Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, CONICET, Buenos Aires, Argentina.

julieta.cagnani@gmail.com

Nothofagus es un género diverso conformado por árboles y arbustos, presente solamente en el hemisferio Sur. El objetivo de este estudio fue evaluar si existen comunidades de hongos diferenciales presentes en la filosfera de las hojas de tres especies del género: *N. nervosa*, *N. obliqua* y *N. dombeyi*. Para este análisis se recolectaron quince hojas verdes en total, cinco de cada especie, en la zona de bosque andino-patagónico dentro del Parque Nacional Lanín. El paso siguiente fue la extracción del ADN microbiano de la filosfera de las hojas para luego amplificar, por PCR, la región que incluye al ITS2 y secuencias flanqueantes, que se secuenció con la metodología paired-end en un equipo Illumina. Se evaluó la calidad de las secuencias con los programas FastQC y Multiqc, en este paso se descartaron tres de las muestras por baja calidad y bajo número de secuencias (una muestra de cada especie). El análisis metagenómico se realizó con el software Qiime2. Luego, con el módulo ITSxpress se eliminaron las regiones extra ITS2. Posteriormente, se fusionaron las paired-end, se eliminaron quimeras y se obtuvieron *features* o Variantes Amplificadas de Secuenciación (ASVs) con el método DADA2. Para el análisis taxonómico, se filtraron los ASVs, manteniendo aquellos representados por más de 50 secuencias y presentes en al menos cuatro muestras, con el fin de reducir el ruido del análisis. Posteriormente, la tabla filtrada se rarefaccionó a 10.500 secuencias. Se calcularon índices de diversidad alfa y se estimó la diversidad beta utilizando las distancias Bray-Curtis y Unifrac. Los resultados se evaluaron con el test de Adonis, lo que permitió detectar diferencias significativas en la comunidad fúngica entre las especies de árboles. Se reconocieron 80 taxones en total, de los cuáles 37 se identificaron hasta género. Los más abundantes fueron, *Aureobasidium*, *Neophaeomoniella* y *Alternaria*; junto con algunos diferenciales, como *Curvibasidium*, *Taphrina*, *Diaporthe*, *Lapidomyces*, *Neoascochyta*. Se detectaron además otros taxones abundantes o diferenciales, pero su clasificación taxonómica fue incierta. Los resultados obtenidos permiten concluir que, aunque las muestras fueron tomadas de árboles que coexisten en cercanía, existen diferencias significativas en la composición de la comunidad fúngica de las filosferas. Además, sugieren que hay asociaciones específicas entre especies de *Nothofagus* y hongos de la filosfera, posiblemente favorecidas por rasgos tanto de las plantas como de los hongos.

AO3

Cultivos de servicios: respuesta del microbioma rizosférico del cultivo de poroto en suelos agrícolas degradados

Abán, C.L.^{1,2}, Larama, G.³; Ducci, M.A.^{1,2}; Fallard, A.⁴; Sabaté, D.C.^{1,2}; Vargas Gil, S.^{2,4}; Pérez Brandán, C.^{1,2}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Salta, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA Salta. Cerrillos, Salta, Argentina.

³Biocontrol Research Laboratory, Universidad de La Frontera. Temuco, Chile.

⁴Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA). Carillanca, Araucanía, Chile.

⁵Instituto de Patología Vegetal (IPAVE), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), INTA. CONICET. Córdoba, Argentina.

aban.carla@inta.gob.ar

La intensificación agrícola basada en monocultivos ha conllevado una pérdida progresiva de la biodiversidad, estructura y fertilidad del suelo. Los cultivos de servicio (CS) pueden modular el microbioma rizosférico, un componente clave para restaurar la funcionalidad del suelo. En un ensayo de larga duración en INTA Salta, se evaluó el impacto a corto plazo (dos años) de diferentes CS sobre el microbioma rizosférico y el rendimiento del cultivo subsiguiente de poroto. Se evaluaron gramíneas como *Brachiaria brizantha*, *Triticosecale* y *Avena sativa*, y leguminosas como *Vicia villosa* y *Melilotus alba*, y un tratamiento control de monocultivo de poroto sin CS. Además, se tomaron muestras control en un sitio de referencia de suelos prístinos. Se tomaron muestras de rizósfera, se realizó la extracción de ADN y se secuenció la región V3-V4 del gen 16S rRNA en la plataforma Illumina Miseq. Aunque los índices de diversidad alfa no mostraron diferencias significativas entre tratamientos, la diversidad beta fue significativamente influenciada por la incorporación de CS ($p \leq 0.001$). Los taxones más abundantes fueron *Proteobacteria* (37%), *Actinobacteriota* (20%) y *Firmicutes* (11%), *Acidobacteriota* (8%) y *Gemmatimonadota* (5%). El análisis LEfSe identificó un total de 16 biomarcadores diferenciales: 9 para suelos prístinos, 3 para leguminosas y 4 para gramíneas. Según FAPROTAX, los CS presentaron una mayor diversidad funcional que el monocultivo sin CS. *Vicia* promovió significativamente funciones relacionadas con el ciclo del nitrógeno (nitrificación, desnitrificación y respiración de nitrato), con incrementos de hasta 47% respecto al monocultivo. *Melilotus*, aunque en general mostró menores valores para funciones nitrogenadas, destacó en la reducción de nitrato, con un aumento de 138%. Las gramíneas, en particular *brachiaria*, se destacaron por funciones de degradación de carbono y azufre. Todos los tratamientos con CS incrementaron el rendimiento del cultivo de poroto en más del 50% respecto al monocultivo sin CS. La incorporación a corto plazo de CS, en particular *vicia*, mejora la diversidad funcional del microbioma rizosférico y el rendimiento del cultivo, destacando su potencial para restaurar la salud del suelo y fomentar sistemas agrícolas más sostenibles.

AO4

Microbioma oculto en áreas críticas: caracterización genómica de bacterias ambientales en un banco de sangre del sistema público de salud

Alonso-Reyes, D.G.¹; D'Arpino, M. C.¹; Albarracín, H.V.^{1,2}

¹Centro Integral de Microscopía Electrónica (UNT-CONICET). Yerba Buena, Tucumán, Argentina.

²Instituto de Salud y Calidad de Vida, Universidad de San Pablo, San Pablo, Tucumán, Argentina

gundizalvus16@hotmail.com

Los entornos hospitalarios representan reservorios críticos de microorganismos con potencial patogénico, incluso en áreas donde se manipulan productos sanguíneos bajo estrictas normas de bioseguridad. En este estudio se caracterizaron bacterias aisladas de superficies críticas de un banco de sangre público de Tucumán (Argentina), con el objetivo de evaluar su identidad taxonómica y su potencial virulento y de resistencia antimicrobiana mediante herramientas genómicas. Las muestras fueron obtenidas por hisopado en diciembre de 2019 desde mesas, equipos y sistemas de aire acondicionado de las áreas de producción, distribución y biología molecular. Los aislamientos se cultivaron en medio LB, y se seleccionaron cepas representativas para su identificación mediante MALDI-TOF y análisis de identidad nucleotídica promedio (ANI) a partir de genomas ensamblados con SPAdes. La clasificación taxonómica se complementó con Kraken2, y la anotación funcional se realizó mediante el pipeline Arche. Se analizaron seis genomas bacterianos. Las especies identificadas incluyeron *Staphylococcus haemolyticus*, *Priestia megaterium*, *Bacillus albus*, *Dietzia kunjamensis* y *Bacillus safensis*. Una cepa no presentó una coincidencia superior al 92 % de ANI con genomas públicos, lo que sugiere que podría representar una especie aún no caracterizada. El número de contigs varió entre 79 y 311, y los tamaños genómicos entre ~2,5 y ~6 Mb, reflejando diversidad filogenética y estructural. El análisis funcional reveló diferencias marcadas en el perfil de resistencia y virulencia. *Bacillus albus* (BS-009), proveniente de equipamiento técnico, presentó la mayor carga de genes relacionados con producción de toxinas, especialmente aquellos que afectan membranas celulares, junto a una amplia resistencia a antibióticos. *P. megaterium* (BS-021), aislada del sistema de aire acondicionado, exhibió gran capacidad genómica para formar biofilm y resistir múltiples fármacos. En contraste, la cepa no identificada (BS-018) mostró un perfil reducido en genes de virulencia, aunque presentaba el mayor número de genes asociados a síntesis de biofilm. Estos hallazgos evidencian que, incluso en ambientes controlados, persisten bacterias con atributos patogénicos relevantes. La recuperación de cepas altamente resistentes desde equipos y sistemas de climatización subraya la necesidad de reconsiderar los protocolos de limpieza en áreas subestimadas. La integración de cultivos clásicos con secuenciación y anotación funcional ofrece un enfoque robusto para identificar riesgos microbiológicos en contextos hospitalarios.

AO5

Caracterización genómica de *Azotobacter chroococcum* subsp. *madrynensis* subsp. nov. y su papel en la fijación de nitrógeno y la promoción del crecimiento vegetalPiccinetti, C.F.¹; Ortíz, L.M.¹; Niz, J.M.¹; Sterzer, J.P.¹; Vallejo, D.A.¹; Sauka, D.H.^{1,2}¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA). Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.sauka.diego@inta.gob.ar

Azotobacter chroococcum AT42 es un componente clave del bioestimulante AZOTOBAC, desarrollado en el Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola-INTA. Esta bacteria, aislada de suelo de una pradera natural en Puerto Madryn (Chubut), es un bacilo Gram negativo capaz de formar quistes, lo que les confiere tolerancia a condiciones ambientales adversas. AT42 destaca por su capacidad para fijar nitrógeno atmosférico (89 nmol C₂H₄/ml caldo/h), producir sideróforos y sintetizar fitohormonas. El objetivo del estudio fue secuenciar y analizar el genoma de *A. chroococcum* AT42, enfocándose en genes relacionados con la fijación biológica de nitrógeno y su potencial como bacteria promotora del crecimiento vegetal (PGPR). Se extrajo DNA total y se secuenció mediante Illumina NovaSeq 6000. Las lecturas se ensamblaron con SPAdes y la calidad evaluada con CheckM. Se compararon valores de hibridación DNA-DNA (DDH) e identidad promedio de nucleótidos (ANI) con genomas relacionados usando TYGS y JSpeciesWS. La anotación genómica se realizó en RAST para identificar genes y subsistemas funcionales, y clústeres biosintéticos con antiSMASH. El ensamblaje produjo 269 *contigs*, totalizando 4.978.080 pb y un G+C de 66,3%, con 99,6% de completitud. La anotación identificó 5189 CDS. TYGS mostró un DDH de 76,2%, superior al umbral del 70,0% para delimitar especie, confirmando la pertenencia a *A. chroococcum*. Los altos valores de ANI (ANIm 97,4% y ANIb 96,9%) respaldan su diferenciación a nivel subespecífico. Aunque no se evaluaron diferencias fenotípicas, la evidencia genómica apoya la propuesta de una nueva subespecie, *Azotobacter chroococcum* subsp. *madrynensis*. El análisis genómico reveló un conjunto amplio de genes para fijación biológica de nitrógeno, incluyendo proteínas nitrogenasas: cadenas alfa y beta de la nitrogenasa molibdeno-hierro (NifD, NifK), nitrogenasa vanadio-hierro (VnfD, VnfG, VnfK), el regulador transcripcional NifA y proteínas para maduración y ensamblaje de cofactores FeMo y FeS (NifB, NifE, NifN, NifH). También se identificaron genes para homocitrato sintasa, ensamblaje de cúmulos hierro-azufre (NifU, HesB/IscA/SufA) y proteínas estabilizadoras o reguladoras (NifW, NifT, NafY). La anotación con antiSMASH detectó clústeres biosintéticos relevantes, como producción de vibrioferrina (sideróforo, 100% similitud), lípidos fenólicos (100%), carotenoides (100%) y crochelin A (40%), compuestos vinculados a adquisición de nutrientes, resistencia ambiental y competencia microbiana. La caracterización genómica de AT42 confirma su capacidad genética para fijación biológica de nitrógeno, sustentando su rol fundamental como PGPR. La presencia de múltiples genes nitrogenasa y clústeres para metabolitos secundarios relevantes refuerzan su

potencial como bioestimulante. La propuesta de la subespecie *madrynensis* amplía el conocimiento taxonómico del género y abre posibilidades para el desarrollo de bioinsumos bacterianos adaptados a condiciones locales.

AO6

Metagenómica del suelo antártico: Diversidad microbiana en bases antárticas argentinas

Calvete, L.¹; Becker, C.²; Cuparo, A.³; Fuertes, A.⁴; Poklepovich, T.⁵; Cuba, F.⁵; Mallou, F.⁵; Mac Cormack, W.^{3,6}; Ruberto, L.^{3,6,7}; Soria, M.¹; Martínez Álvarez, L.^{3,6,7}

¹ Cátedra de Microbiología Agrícola. Fac. Agronomía, Universidad de Buenos Aires (UBA)

² Universidad Favaloro

³ Instituto Antártico Argentino

⁴ Dirección Nacional del Antártico (DNA)

⁵ Instituto Nacional de Microbiología Dr. Malbrán

⁶ Instituto de Nanobiotecnología UBA-CONICET

⁷ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y técnicas (CONICET).

lcalvete@agro.uba.ar

La presencia permanente de Argentina en la Antártida, sustentada por trece bases totales (siete permanentes), representa un escenario único para el estudio de microbiomas de suelos en ambientes extremos e impactados. Sin embargo, el potencial genético y la diversidad microbiana de estos suelos permanecen escasamente caracterizados. Este estudio presenta el primer análisis metagenómico de 17 muestras de suelo recolectadas en varias bases antárticas argentinas (Carlini, Esperanza, Orcadas, Petrel, y San Martín), abarcando gradientes ambientales que incluyen: zonas prístinas (suelos desglaciados recientemente, áreas ornitogénicas) y áreas antropizadas (sitios de acopio y transporte de combustibles). El ADN total fue extraído directamente del suelo con el kit comercial DNA PuriPrep-Suelo y se secuenció con Illumina. Las secuencias crudas fueron evaluadas mediante los software FastQC y MultiQC y acondicionadas con Fastp. A partir de ello se realizó el análisis taxonómico a nivel de reads con Kraken2. Los resultados revelan que entre el 51% y 79% de las lecturas de secuenciación no pudieron asignarse a ningún taxón conocido en bases de datos de referencia, evidenciando una limitada representación de genomas microbianos antárticos en los repositorios actuales. Entre las secuencias clasificadas, el género *Streptomyces* (phylum Actinobacteria) fue el más frecuente, dominando en 12 de los 17 metagenomas analizados, aunque con abundancias relativas bajas (2-11%). En contraste, dos muestras (Petrel XI y Petrel V, ambas asociadas a áreas de actividad humana) exhibieron una dominancia significativa del género *Nocardioide*s (también Actinobacteria), un taxón psicrotolerante reconocido por su versatilidad metabólica y sus adaptaciones a ambientes extremos). Por último, 3 de las comunidades relevadas (2 en sitios antropizados y 1 prístino) revelan composiciones microbianas altamente diferenciadas de las demás comunidades y entre sí.

AO7

Composición del microbioma en suelos con diferentes perfiles edáficos cultivados con *Vitis vinifera* cv. Malbec

Paolinelli, M.^{1,2}; Martínez, L.E.³; García Lampasona, S.^{1,4}; Díaz Quiros, C.⁵; Farber, M.D.⁶; Escoriaza, G.¹; Longone, V.¹; Sturm M.E.¹; Chimeno, S.V.¹; Lerena, M.C.²; Combina, M.^{1,2}; Mercado, L.A.^{1,4}

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Mendoza, Luján de Cuyo, Mendoza, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Centro Científico Tecnológico Mendoza, Mendoza, Argentina.

³INTA, EEA Rama Caída, San Rafael, Mendoza, Argentina

⁴Universidad Nacional de Cuyo, Facultad de Ciencias Agrarias, Mendoza, Argentina

⁵Biovin SA, Luján de Cuyo, Mendoza, Argentina.

⁶INTA-CONICET, Inst. Agrobiotecnología y Biología Molecular, Hurlingham, BA Argentina.

mercado.laura@inta.gob.ar

El Valle de Uco, destacada región vitivinícola de Mendoza (Argentina), presenta suelos de origen aluvial con alta variabilidad en profundidad efectiva, pedregosidad y estructura. En zonas cercanas, pueden encontrarse perfiles con capas limitantes (como gravas o rocas) a menos de 30 cm de profundidad —que restringen el desarrollo radicular—, así como suelos más profundos, donde dichas capas se ubican por debajo de los 70 cm. Estas diferencias edáficas influyen en el comportamiento de la vid y la calidad del vino, aunque su impacto sobre el microbioma del suelo ha sido escasamente explorado. Con este objetivo, se caracterizaron las comunidades bacterianas y fúngicas en viñedos de *Vitis vinifera* cv. Malbec, con sectores de diferente profundidad de suelos, durante tres campañas consecutivas (2019–2021) mediante secuenciación de amplicones (16S V3–V4 e ITS2), junto con análisis de nutrientes y materia orgánica. Los suelos superficiales presentaron mayor nivel de nutrientes en todas las campañas. La profundidad del perfil influyó más sobre la composición fúngica que la bacteriana. En particular, *Conocybe* se encontró exclusivamente en suelos superficiales. Proteobacteria aumentó en 2021 y Actinobacteria disminuyó, independientemente del perfil. *Adhaeribacter* y *Arthrobacter*, abundantes en 2019, disminuyeron en años siguientes, posiblemente como remanentes de condiciones anteriores a la implantación. En 2020, *Arthrobacter* y *Kribella* fueron más frecuentes en suelos profundos, y en 2021, solo *Asanoa* lo fue. Los hongos mostraron un aumento progresivo de diversidad a lo largo del tiempo. Varios géneros disminuyeron (ej. *Alternaria*, *Coprinellus*, *Rhizopus*), mientras que otros aumentaron (*Curvibasidium*, *Hydropisphaera*). En 2021 se observó una clara diferenciación de comunidades fúngicas según el perfil del suelo, con géneros como *Pulvinula* y *Conocybe* marcando diferencias en suelos superficiales. Los resultados evidencian que el perfil edáfico, especialmente la profundidad del horizonte rocoso influye sobre la diversidad y composición del microbioma del suelo, siendo esta influencia más marcada en hongos que en bacterias. A diferencia de estudios previos centrados

en el terroir a escala regional o en prácticas agrícolas, este trabajo demuestra que variaciones a escala de microambiente, como la profundidad del perfil, ya impactan significativamente en el ensamblaje de comunidades microbianas, en particular las fúngicas. Esta información puede ser clave para interpretar los efectos del manejo agronómico sobre el suelo y el vino, y para orientar prácticas más sostenibles según las características edáficas locales.

AO8

Análisis filogenómico, caracterización genómica y evaluación ecológica de la cepa VMM, una potencial nueva especie del género *Sphingobium* con capacidad degradadora de hidrocarburos aromáticos policíclicosMacchi, M.^{1,2}; Colman, D.¹; Coppotelli, B.M.¹

¹Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales, CINDEFI (UNLP; CCT-La Plata, CONICET), La Plata, Argentina. ²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires, La Plata, Argentina

bibicoppotelli@gmail.com

En suelos contaminados hay muchos microorganismos no identificados que necesitan ser explorados y nominados para beneficiar el estudio de la ecología microbiana. En trabajos previos se aisló la cepa VMM a partir de suelos salinos contaminados con hidrocarburos policíclicos aromáticos (PAH) y metales pesados, provenientes de la cuenca petrolífera de Vaca Muerta, Neuquén, Argentina. Mostró capacidad para degradar de PAH (fenantreno, antraceno y fluoreno) y tolerancia al 4 % de NaCl. El análisis filogenético reveló que pertenece al género *Sphingobium* con una identidad del gen 16S ARNr inferior al 98.5% respecto a especies válidamente descritas, lo que sugiere que podría tratarse de una nueva especie. Este trabajo tuvo como objetivo analizar la secuencia del genoma de *Sphingobium sp.* VMM, para dar los primeros pasos en su caracterización taxonómica e identificar *in silico* genes relacionados con la degradación de PAH, la resistencia a metales pesados y el estrés osmótico. Se realizó también un análisis funcional mediante el estudio del perfil de utilización de sustratos (Biolog Ecoplate) y su resistencia a metales pesados (CIM^{met}). El genoma fue secuenciado por Illumina MiSeq, con profundidad de 227X, el contenido de GC es de 64,23 % y su tamaño total de 5.6 Mpb. Se identificaron 5.280 genes codificantes, 3 genes de ARNr y 55 de ARNt. La anotación del genoma se realizó con Bakta. La cepa mostró una identidad nucleotídica ANI de 94.85% (Jspecies) y una hibridación ADN-ADN digital de 67.8% (TYGS) en comparación con sus cepas tipo más cercanas, ambos valores estuvieron por debajo de los umbrales para la delimitación de especies. Además, la inferencia del árbol filogenético a partir del genoma (filogenoma) realizados utilizando GBDP Genome BLAST Distance Phylogeny (TYGS) indicaron que representa una especie nueva. Se encontraron genes relacionados con la supervivencia en ambientes con alta presión osmótica, contaminados con PAH y metales. Se observó que la cepa puede utilizar 19 de los compuestos presentes en las placas Biolog, lo que refleja una alta versatilidad metabólica. Las CIM^{met} fueron 2 ppm para Cromo y 31 ppm para Arsénico, indicando una baja tolerancia a esos metales. La cepa produciría cuatro categorías de metabolitos secundarios (terpeno, T3PKS, lassopéptido y homoserinolactona) según lo revelado por anti-SMASH. Este estudio posiciona a *Sphingobium sp.* VMM como cepa autóctona y potencial nueva especie dentro del género, con capacidad de degradar eficientemente PAH de diversas estructuras de anillo en entornos de alta salinidad, destacando su potencial para aplicaciones en biorremediación en suelos contaminados de nuestro país.

AO9

Secuenciación y análisis del genoma de dos cepas nativas de *Metarhizium robertsii* patógenas de *Anthonomus grandis* (Coleóptera: Curculionidae)

Lopez, P.¹; Converti, D.^{2;3}; Gonzalez, S.⁴; Posadas, J.¹; Ledesma, C.¹; Berretta, M.^{1;2;3}

¹Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola-INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

²Depto. de Ciencias Aplicadas y Tecnología, Universidad Nacional de Moreno, Moreno, Buenos Aires, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CONICET, CABA, Argentina.

⁴Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, IABIMO-INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

lopez.julian@inta.gob.ar

El género *Metarhizium* comprende un grupo de hongos entomopatógenos de la familia Clavicipitaceae con amplio potencial para su utilización en el control biológico de insectos plaga y como PGPF. Actualmente, la identificación de especies del complejo *Metarhizium anisopliae* s.l., alas que pertenecen los aislamientos que se utilizan como micoinsecticidas comerciales, se basa principalmente en caracteres moleculares, debido a que los caracteres morfológicos son muy conservados entre ellas. En este contexto, la secuenciación genómica de cepas contribuye no solo a identificar y validar especies, sino también a objetivos tales como correlacionar caracteres de interés con grupos taxonómicos definidos y rastrear cepas aplicadas en el ambiente. El objetivo del presente trabajo consistió en caracterizar los genomas completos de las cepas nativas INTA05 e INTA06, previamente identificadas como patógenas para *A. grandis* (picudo del algodón), taxonómicamente asignadas de forma provisoria al complejo *M. anisopliae* s.l. Las muestras fueron secuenciadas mediante tecnología Illumina y ensambladas con el programa SPAdes. La calidad e integridad de los ensamblados fue evaluada mediante los programas KAT y Quast, y por el contenido de ortólogos de copia única, comunes al orden Hypocreales, con el programa BUSCO. A partir de estos genes se realizó el análisis filogenético con IQ-TREE. La anotación estructural se realizó utilizando Funannotate, y la anotación funcional mediante InterProScan y BLAST. La comparación de las lecturas de ambas cepas con el ensamblado de la cepa KVL12-38, usado como referencia, permitió mediante Ragtag, ensamblar 630 scaffolds para INTA05 (N50=4.306.919; L50=3) y 246 scaffolds para INTA06 (N50=4.215.972; L50=3) El tamaño de los genomas fue de 41,1 MB para INTA05 y 40,1 para INTA06. El análisis filogenético permitió identificar a ambas cepas como *Metarhizium robertsii*, una especie considerada generalista con relación a su espectro de insectos hospedantes. Las cepas presentaron alto grado de identidad nucleotídica entre ellas, aunque el relacionamiento filogenético de INTA05 con las cepas secuenciadas de la especie, resultó más distante. Por su parte, un análisis comparativo global preliminar evidenció diferencias en el contenido de ortólogos con potencial participación en el metabolismo secundario.

AO10**Comparación de flujos de análisis bioinformático para estudio de microbiomas**

Martin, A.P.^{1,3}; Requelme, R.¹; Posner, V.M.¹; López Crespo, R.¹; Teijeiro, J.M.^{2,3}; Villanova, G.V.^{1,3}; Rubiolo, J.A.^{1,3}

¹Laboratorio de Biotecnología Acuática – FBIOyF (UNR) – CCTyE Acuario Río Paraná, Rosario, Santa Fe, Argentina.

²Laboratorio de Medicina Reproductiva - FBioyF (UNR), Rosario, Santa Fe, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

martin@rosario-conicet.gov.ar

El *metabarcoding* del ADN proveniente de microbiomas es una herramienta que está siendo utilizada globalmente para identificar simultáneamente múltiples especies en muestras tan diversas como las humanas, las ambientales o las de alimentos. Utilizando técnicas de secuenciación masiva, cebadores diseñados para amplificar una región de ADN diana de un grupo específico de especies o taxones, y *pipelines* bioinformáticos; es posible obtener y asignar taxonómicamente millones de secuencias de ADN a través de la comparación con bases de datos pre-existentes. En este trabajo nos proponemos optimizar la estrategia de asignación taxonómica y de análisis de diversidad bacteriana partiendo de secuencias de ADN 16S obtenidas por secuenciación Oxford Nanopore. Se utilizaron diversos programas informáticos a fin de identificar la alternativa más resolutive. La muestra de ADN de partida fue obtenida a partir de una mezcla de bacterias de composición conocida (mock comercial). Se amplifica el gen ARNr 16S completo utilizando primers universales, y se secuenció con tecnología Oxford Nanopore. La asignación taxonómica se realizó a partir de secuencias filtradas por calidad (NanoFilt¹, phred10), ensayando diferentes *pipelines* informáticos: (1) BLAST² contra la base de datos SILVA 138.2³; (2) clustering de secuencias por homología utilizando NGSpecies⁴ o DECONA⁵ con posterior BLAST de secuencias consenso contra la base de datos SILVA 138.2; (3) clustering por VSEARCH o BLAST con posterior asignación taxonómica utilizando BLAST contra la base de datos SILVA 138.2 en el entorno de QIIME2⁶; (4) alineamiento de k-mers al ancestro común más bajo (LDA) de la base de datos SILVA 138.2 y GREENGENES2 2022.10 utilizando KRAKEN2. Luego, los resultados obtenidos se compararon con la composición teórica del mock bacteriano a fin de establecer la metodología bioinformática óptima para su caracterización. A partir del análisis de resultados se concluye que, aunque ninguno de los pipelines utilizados pudo identificar la composición total de la mezcla de ADN bacteriano, KRAKEN2 fue el que más especies identificó con errores al momento de determinar las proporciones específicas, algo que sí se observó con DECONA y QIIME2. Estos dos últimos fueron efectivos en identificar y detectar las proporciones específicas de los taxones más abundantes, pero no lograron identificar las especies menos abundantes. Estos resultados subrayan la importancia de seleccionar flujos de trabajo adecuados para garantizar la representatividad de los datos y una resolución taxonómica precisa en estudios de comunidades microbianas.

AO11**Caracterización de *Burkholderia ambifaria* Q53 como potencial productora de metabolitos antifúngicos**Ualdegaray, N.¹; Beassoni, P.¹; Nievas, F.¹; Giordano, W.¹; Bogino P.¹

¹Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS-CONICET), Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

pbogino@exa.unrc.edu.ar

La rizósfera y la filósfera de las plantas albergan una alta diversidad microbiana, incluyendo organismos beneficiosos y patógenos. El control convencional de enfermedades vegetales se basa en plaguicidas químicos, los cuales presentan riesgos ambientales y para la salud. El uso de microorganismos benéficos, como las bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR), y sus metabolitos secundarios surgen como estrategias de biocontrol, bioestimulación y biofertilización; representando un eje fundamental para la transición hacia prácticas agrícolas más resilientes, regenerativas y ambientalmente sostenibles. Diferentes especies del género *Burkholderia* se caracterizan por su capacidad para producir metabolitos con propiedades antimicrobianas. El objetivo de este trabajo fue explorar la capacidad antifúngica de la rizobacteria *B. ambifaria* Q53 mediante análisis bioinformáticos y ensayos *in vitro*. A partir del análisis del genoma de *B. ambifaria* Q53 mediante AntiSMASH v7.0, se identificaron varios clústeres biosintéticos (BGCs) con alta similitud a vías metabólicas asociadas a la producción de metabolitos con actividad antifúngica. Entre los compuestos bioactivos de mayor relevancia se destacan pirrolnitrina, occidiofungina A y bactobolina; compuestos que podrían inhibir directamente el desarrollo fúngico. Además, se identificaron sideróforos como ornibactina, cromobactina y paenibactina; implicados en mecanismos de biocontrol indirecto mediante competencia por hierro. En conjunto, estos hallazgos revelan el amplio potencial biosintético de *B. ambifaria* Q53 como fuente de compuestos antifúngicos naturales. Para validar estos hallazgos, se enfrentó la cepa Q53 a diversos hongos fitopatógenos en condiciones *in vitro*. Se observó inhibición del crecimiento micelial en varias especies, siendo *Sclerotium rolfsii* la más sensible. En ensayos de contacto directo se registró una inhibición de desarrollo micelial superior al 50% al cuarto día de incubación y una reducción del 15% en la formación de esclerocios. El análisis morfológico mediante lupa, microscopía óptica y microscopía electrónica de barrido (SEM) evidenció daño estructural en hifas expuestas a la cepa bacteriana. Considerando el creciente interés en reemplazar o complementar agroquímicos convencionales con soluciones sostenibles, estos resultados confirman las predicciones genómicas y sugieren que *B. ambifaria* Q53 produce numerosos compuestos activos con efecto antifúngico, posicionándola como candidata promisoría para el desarrollo de formulaciones biofungicidas aplicables en agricultura.

AO12

Herramientas de diagnóstico rápido para el control de calidad de bioinsumos: experiencia con MALDI-TOF MS

Iribarne, A.¹; Rocca, F.²; Prieto, M.²; Bos, E.¹; Landa, M.¹

¹Departamento de Bacteriología. Coordinación de plagas, enfermedades de las plantas y bioinsumos. Dirección de Laboratorio Vegetal. SENASA. Martínez, Buenos Aires, Argentina.

²Servicio Bacteriología Especial, Instituto Nacional de Enfermedades infecciosas, ANLIS Dr. Carlos G. Malbrán, Buenos Aires, Argentina.

mlanda@senasa.gob.ar

Los bioinsumos agropecuarios, productos elaborados con microorganismos, macroorganismos, extractos vegetales o compuestos biológicos, se utilizan en la producción agropecuaria para reducir el impacto ambiental de los agroquímicos tradicionales y promover prácticas sostenibles.

El control de calidad de los bioinsumos comerciales resulta esencial para asegurar su eficacia, estabilidad y seguridad. Los parámetros evaluados incluyen concentración, identidad, pureza y actividad biológica de los organismos presentes en los productos. El laboratorio del Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA) desempeña un rol clave en este proceso, realizando ensayos para verificar que los productos cumplan con los requisitos establecidos por la normativa vigente. Actualmente, la identificación de los microorganismos presentes en los bioinsumos se realiza mediante la evaluación de características morfo-fisiológicas. Este enfoque presenta limitaciones frente a grupos taxonómicos complejos. Por otra parte, los métodos basados en análisis de ADN suelen ser costosos, laboriosos y demandan largos tiempos de procesamiento. El objetivo de este trabajo fue evaluar la técnica MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization-Time Of Flight Mass Spectrometry) como alternativa para la identificación microbiana mediante análisis de perfiles proteicos específicos de cada especie, comparándolos con una base de datos de referencia. Se analizaron diez aislamientos bacterianos provenientes de distintos productos comerciales registrados o en proceso de registro en la Dirección de Agroquímicos y Biológicos de SENASA, utilizando MALDI-TOF MS en el servicio Bacteriología Especial-ANLIS Malbrán. MALDI-TOF MS permitió una correcta identificación de los aislamientos analizados, coincidiendo con lo declarado por las empresas registrantes, y logró discriminar con precisión especies de los géneros *Bacillus* y *Pseudomonas*, comúnmente utilizados en bioinsumos por sus propiedades benéficas para plantas y suelo. Los resultados demuestran que MALDI-TOF MS constituye una herramienta válida y eficiente para complementar los métodos tradicionales utilizados actualmente para el control de calidad de bioinsumos, con ventajas significativas en términos de velocidad de procesamiento, bajo costo operativo y alta resolución en la identificación microbiana.

AO13

Estudio de la contribución de *Mycolicibacterium* sp. 1A8 en el ensamblado de comunidades mínimas degradadoras de pireno.

Raposeiras Aldorino, P.^{1,2}; Mora, V.¹; Gastaca, B.³; Constante, M.¹; Morelli, I.^{1,2}; Festa, S.¹

¹CINDEFI (UNLP, CONICET), La Plata, Argentina

²CIC-PBA, La Plata, Argentina

³Laboratorio UPL (UNLP-CIC), Gonnet, Argentina.

rapopee@gmail.com

El estudio del ensamblaje de comunidades microbianas permite desentrañar las interacciones claves que determinan la eficiencia de la biorremediación. Previamente se obtuvieron dos comunidades mínimas degradadoras de pireno (Pd8.1 y Pd8.2), mediante la combinación de estrategias "top-down" y "dilución a extinción". El análisis de la composición de Pd8.1 y Pd8.2 reveló la presencia del género bacteriano *Mycobacterium* en ambas. A partir de Pd8.1, se logró aislar e identificar la cepa *Mycolicibacterium* sp. 1A8. La secuencia del gen 16SrRNA de esta cepa mostró una similitud del 100% con la secuencia del único ASV identificado como *Mycobacterium* en las comunidades mínimas. El objetivo fue establecer el potencial funcional de la cepa 1A8, su contribución a la degradación de pireno y en el ensamblado de las comunidades mínimas degradadoras de dicho compuesto. Para ello, se llevó a cabo por tercera vez la estrategia "dilución a extinción" sobre el cultivo de enriquecimiento rk-MSP10 (en MML con pireno como UFCE), el análisis de metabolitos de degradación de pireno. (*resting cells* – GC-MS) y la secuenciación del genoma de la cepa 1A8 (Illumina Miseq). La dilución d7.3 resultó ser la comunidad mínima degradadora de pireno por lo que se conservó a -80°C en glicerol. Se reactivó d7.3 durante 21 días de incubación (MML con pireno como UFCE) y se lo llamó Pd7.3 (triplicado biológico). Por secuenciación masiva del gen 16S rRNA (V4-Illumina NovaSeq 6000-QIIME2) se encontró que los géneros predominantes en Pd7.3 fueron *Pseudoxanthomonas* (49,8%), *Mesorhizobium* (25,7%), *Mycobacterium* (17,5%), *Plot4-2H12* (5,3%) y *Afipia* (1,4%). Se confirmó que la cepa 1A8 fue capaz de degradar el 42% del pireno suplementado (1000ppm) luego de 28 días de incubación. El análisis por GC-MS de *resting cells* en 1000 ppm de pireno de 1A8 demostró la formación de cis-4,5 pireno dihidrodiol (40hs), el primer compuesto de la ruta de degradación. El genoma de la cepa 1A8 presentó un tamaño de 6,8 Mpb y un contenido de GC del 66,4%. Se identificó la presencia de genes de la vía alta degradación de PAH (e.g. *nidA*, *nidB*, *nidD*, *phdF*, *phdG*, *phdI*, *phtA*, *phtB*, *pcaG*, *pcaH*) y de la vía baja relacionados a la degradación del ácido ftálico a protocatecuato. (*phtA*, *phtB*, *pcaG*, *pcaH*) (BlastKOALA). La presencia de un género común en las tres comunidades mínimas, junto con la detección de genes relacionados a la degradación de PAH en el genoma de 1A8 y la identificación del primer metabolito de degradación de pireno, confirman el papel crucial de esta cepa en la degradación del contaminante dentro de dichas comunidades y en su ensamblado.

AO14

Diversidad microbiológica en suelos de cultivos de alfalfa y vid

Ontivero, R.E.^{1,2}; Soruco, A.S.^{1,3}; Iriarte, H.J.^{1,4}; Guillén, L.F.⁵; Tornello, S.⁵; Roquero, G.⁵; Ferrero, M.A.⁶; Kurth, D.^{1,7}; Lugo, M.A.^{1,4}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA San Juan. San Juan, Argentina.

³Instituto de Estudios Celulares, Genéticos y Moleculares (ICEGEM), Universidad Nacional de Jujuy. San Salvador de Jujuy, Argentina.

⁴Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis. San Luis, Argentina.

⁵Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), AER Calingasta. San Juan, Argentina.

⁶YPF Tecnología (Y-TEC). Buenos Aires, Argentina.

⁷Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, (PROIMI-CONICET). San Miguel de Tucumán, Argentina.

antosoruco13@gmail.com

El valle de Calingasta (San Juan), está enclavado en la región fitogeográfica del Monte, donde la agricultura persiste como actividad clave a pesar de las condiciones ambientales extremas. Se caracteriza por un clima árido, con marcada amplitud térmica y una fuerte dependencia del riego proveniente del deshielo. En la zona predominan los cultivos a pequeña escala, incluyendo salicáceas, frutales, forrajeras y hortalizas. Entre los cultivos más representativos se destacan la vid (*Vitis vinifera*) y la alfalfa (*Medicago sativa*), el primero como uno de los cultivos que ha experimentado un mayor crecimiento en los últimos veinte años y que representa una oportunidad para el desarrollo local. Mientras que la alfalfa constituye un componente de gran distribución productiva e identitaria. Los microorganismos edáficos constituyen un componente clave para el funcionamiento de los agroecosistemas. En este contexto, el objetivo del presente estudio fue determinar si existen diferencias en la diversidad de bacterias y hongos del suelo entre viñedos y alfalfares del valle. Para ello, se recolectaron muestras de suelo a 20 cm de profundidad en parcelas de 30 × 30 m correspondientes a ambos tipos de cultivo. De cada parcela se tomaron cinco muestras de suelo y se mezclaron obteniendo muestras compuestas. La diversidad de bacterias y hongos fue descrita a partir de la secuenciación del ADN total extraído de las muestras, por amplificación con cebadores para las regiones V3-V4 del gen 16S ARNr y para las regiones ITS. Los datos de secuenciación generados se analizaron en la plataforma online Nephele. Se observaron diferencias entre las comunidades microbianas de ambos cultivos. La diversidad fúngica fue baja. Lo más notable fue la elevada presencia de los géneros bacterianos *Escherichia/Shigella* (25 a 50%). Esto podría deberse a heces de animales domésticos o silvestres en los cultivos, o también provenir del agua de riego o de abono. Estos microorganismos pueden persistir en suelos con alto contenido de materia orgánica y humedad, comunes en sistemas de riego intensivo, y representan un potencial riesgo para la salud.

AO15

Análisis metagenómico del efecto del sanitizado por apilado en el microbioma y la carga de genes de resistencia presentes en la cama de pollos parrilleros

Stipisich, A.L.¹; Royero, G.³; Bernigaud, C.⁴; Bucci, J.S.¹; Dominguez, J.E.^{1,2}; Socas, M.L.^{1,2}; Acosta, J.³; Timo F.³; Gomez, S.^{2,5}; Redondo, L.M.^{1,2}; Fernández-Miyakawa, M.E.^{1,2}; West, H.⁶; Diaz Carrasco, J.M.^{1,2}

¹ Instituto de Patobiología, Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. ³ Frigorífico de Aves Soychú, Gualaguay, Entre Ríos, Argentina. ⁴ EEA-INTA, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina. ⁵ Servicio Antimicrobianos, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", CABA, Argentina. ⁶ Nottingham University, Leicestershire, Reino Unido.

stipisich.agustina@inta.gob.ar

La reutilización de la cama de pollo, empleada para reducir residuos y costos, puede promover la persistencia de bacterias patógenas y genes de resistencia (ARGs) asociados al uso de antimicrobianos. El objetivo fue caracterizar el microbioma y resistoma de la cama de pollos suplementados con virginiamicina (VIR) o una mezcla de prebióticos, fitoquímicos y probióticos (ALT) a lo largo de un proceso de sanitización por apilado. Un galpón con 6,000 aves fue dividido en dos secciones idénticas y suplementadas con los tratamientos VIR y ALT. Se colocó cama nueva (cascarilla de arroz) al inicio del 1er ciclo y se mantuvo hasta el 5to. Luego, parte fue apilada 7 días antes del 6to ciclo. Se tomaron muestras al final del 5to ciclo (PRE), durante el apilado (D0 y D7) y al inicio del 6to ciclo (POST). Cada muestreo incluyó 5 réplicas de distintos puntos del galpón. Se extrajo ADN total y se realizó secuenciación metagenómica (Illumina). El análisis bioinformático se hizo con *kraken2*, *bracken*, *ARIBA* y *phyloseq* en R. El índice de Shannon varió significativamente entre muestreos (KW, $p < 0.05$). Inicialmente, la diversidad aumentó entre PRE (5.5 ± 0.5) y D0 (6.5 ± 0.4), asociada a especies del ambiente de cama. En D7, disminuyó (4.6 ± 0.4 ; $p < 0.001$), vinculada a la reducción bacteriana durante el apilado, más evidente en el tratamiento ALT. En POST se incrementó nuevamente (5.8 ± 0.5), volviendo a niveles pre-apilado. La diversidad de ARGs también varió (KW, $p = 0.014$), pero con un patrón inverso: disminuyó entre PRE (97 ± 10) y D0 (91 ± 8), aumentó en D7 (115 ± 5) y se normalizó en POST (96 ± 15). También se incrementó la abundancia relativa de ARGs contra fosfomicinas, macrólidos, estreptograminas B y tetraciclinas. Solo hubo diferencias significativas entre tratamientos en D0, con mayor abundancia de ARGs contra fosfomicinas, macrólidos, anfenicoles y estreptograminas B en VIR. Esto sugiere que bacterias portadoras de ARGs resisten mejor el sanitizado, ya que se detectó más ARGs en D7, cuando la diversidad taxonómica fue más baja. En ALT se observó una disminución significativa de la carga de varios ARGs, no evidente tras el apilado. Este estudio evidencia la complejidad de los mecanismos de persistencia de ARGs en la cama de pollo y el potencial impacto positivo de suplementos alternativos y sanitización.

AO16

Isla de patogenicidad con combinación genética única de genes pesticidas en el genoma de *Bacillus thuringiensis* INTA H42-1

Ortiz, L.M.¹; Salas, A.^{1,2}; Bosio Guaraz, A.³; Fernández Göbel, T.³; Nieves, E.⁴; Muttis, E.⁴; Lizuain, A.⁴; Micieli, M.V.⁴; Sauka, D.H.^{1,2}

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMyZA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

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

³Elytron Biotech, Ciudad de Buenos Aires, Argentina.

⁴Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE) (UNLP-CIC-CONICET), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

ortiz.leila@inta.gob.ar

Bacillus thuringiensis, una bacteria Gram positiva, es reconocida por su capacidad para controlar plagas de invertebrados gracias a la producción de proteínas con actividad pesticida. En estudios previos, se seleccionó la cepa *B. thuringiensis* INTA H42-1 por su alta toxicidad contra *Cydia pomonella* (Lepidoptera: Tortricidae) y su perfil atípico de genes pesticidas, identificado mediante amplificación génica (PCR). Estas dos características la posicionan como un candidato prometedor para un bioinsecticida destinado al control de la carpocapsa. El objetivo de este trabajo fue confirmar el contenido génico relacionado con proteínas pesticidas y analizar su entorno genético mediante secuenciación masiva, además de ampliar el conocimiento sobre su potencial biocida frente a otras especies. Se extrajo ADN total con un kit comercial y se secuenció usando tecnologías Illumina (paired-end, 150 pb) y Nanopore. El ensamblaje híbrido se realizó con Unicycler en la plataforma Galaxy, y la anotación se llevó a cabo con Prokka; los genes pesticidas se corroboraron mediante la base de datos BPPRC. Se realizaron bioensayos con suspensiones de esporas y cristales contra *Plodia interpunctella* (Lepidoptera: Pyralidae), *Alphitobius diaperinus* (Coleoptera: Tenebrionidae) y *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae). Para *P. interpunctella* y *A. diaperinus*, las suspensiones se incorporaron en la dieta a concentraciones finales de 100 y 500 µg/ml, respectivamente, mientras que para *A. aegypti*, se aplicaron directamente en agua a 10 µg/ml. El ensamblaje genómico arrojó un *scaffold* de 5.643.782 pb (35,1% G+C), compuesto por tres *contigs* y 13 plásmidos. El megaplásmido pINTAH42-1.2 (250.706 pb) contiene una isla de patogenicidad de aproximadamente 48.167 pb, que incluye los genes *cry1Ac* y *cry2Aa*, ambos con un 100% de similitud a las secuencias de referencia. Dentro de esta isla se identificaron también genes relacionados con integración y excisión, como *xerS*, *tnpA* y *tnpB*, así como el gen *xlyA*, vinculado a fagos. Por otra parte, el plásmido pINTAH42-1.6 (69.355 pb) incluye el gen para la proteína pesticida Cry1Ab. La cepa mostró alta actividad biocida, con mortalidades del 80% y 85% contra *P. interpunctella* y *A. aegypti*, respectivamente, mientras que contra *A. diaperinus*, la actividad fue inferior al 19%. Estos resultados confirman el potencial de INTA H42-1 como candidato para un bioinsecticida eficaz.

AO17

Análisis genómico de la cepa 4I1 (HD-10) de *Bacillus thuringiensis* serovar *entomocidus*

Niz, J.M.¹; Ortiz, L.M.¹; Rojo, C.A.¹; Sauka, D.H.^{1,2}

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

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

niz.jose@inta.gob.ar

Bacillus thuringiensis es una bacteria Gram positiva formadora de esporas que, durante la esporulación, produce proteínas cristalinas parasporales con actividad pesticida. Además, durante su fase de crecimiento vegetativo, puede secretar otras proteínas con propiedades similares. El serovar *entomocidus* de *B. thuringiensis* se distingue por su alta especificidad insecticida hacia insectos de los órdenes Lepidoptera y Diptera, lo que lo convierte en una herramienta valiosa para el control de plagas agrícolas y vectores de enfermedades. Algunas cepas de este serovar también han demostrado la capacidad de producir bacteriocinas, compuestos bioactivos con potencial para inhibir microorganismos competidores. El objetivo de este estudio fue secuenciar y analizar el genoma de la cepa 4I1 (HD-10) *B. thuringiensis* serovar *entomocidus*, enfocándose en genes de toxinas pesticidas y metabolitos de interés agrobiotecnológico. Se extrajo DNA total y se secuenció mediante la plataforma Illumina; las lecturas se ensamblaron con SPAdes y su calidad se evaluó con CheckM. Los valores de identidad promedio de nucleótidos (ANI) se obtuvieron al comparar con genomas relacionados utilizando JSpeciesWS, y los de hibridación DNA-DNA (DDH) se determinaron mediante TYGS. La anotación genómica se realizó con RAST y Prokka, identificándose los genes de toxinas pesticidas mediante la base de datos BPPRC, mientras que antiSMASH se utilizó para detectar los clústeres de genes biosintéticos. A partir del ensamblaje se obtuvieron 295 *contigs*, alcanzando el genoma un tamaño total de 5979374 pb con un nivel de completitud del 99,4%, un contenido de G+C del 34,9% y 6290 CDS. La plataforma TYGS proporcionó un DDH (d4) del 83,00%, estrechamente relacionado con *Bacillus cereus* ATCC14579. Asimismo, el análisis con JSpeciesWs mostró un ANIb del 97,83% y un ANIm del 98,73%, relacionando la cepa en estudio con *B. cereus* MIT0214. Se identificaron ocho genes de proteínas pesticidas conocidas, de los cuales cuatro estaban completos con los siguientes porcentajes de identidad: *cry1Aa* (100%), *cry1Ia* (100%), *cry2Ab* (100%), *spp1Aa* (79%). Los otros cuatro genes incompletos presentaron las siguientes identidades: *cry1Ba* (65%), *cry1Ca* (93%), *cry1Da* (85%) y *cry1Cb* (72%). El análisis mediante antiSMASH reveló clústeres biosintéticos para metabolitos secundarios clave, incluyendo péptidos RiPPs como thurincin H, compuestos NRPS/PKS relacionados con zwittermicina A y fengicina, y sideróforos como bacillibactina y petrobactina. Estos hallazgos resaltan el potencial de esta cepa para el control biológico y su capacidad de adaptación, consolidándose como un candidato prometedor para bioinsumos agrícolas multifuncionales.

AO18**Impacto del estrés biótico inducido por *Tetranychus urticae* en la dinámica microbiana del suelo en *Cannabis sativa* L.**

Pinto, A.L.¹; de Urreaza, P.³; Coppotelli, B.²; Colman, D.²; Vaccarini, C.¹; Bugvila, C.¹; Sedán, D.¹; Andrinolo, D.¹

¹Centro de investigaciones del Medio Ambiente (CIM) -CONICET- UNLP- La Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Centro de Investigación y Desarrollo de Fermentaciones Industriales, (CINDEFI) – CONICET- UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina. ³Laboratorio de Microbiología General, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad Ciencias Exactas - UNLP - La Plata, Buenos Aires, Argentina.

lucaspintoalman@gmail.com

El cultivo de *Cannabis sativa* L. con fines terapéuticos ha cobrado impulso en los últimos años, promoviendo el interés por comprender las interacciones entre la planta, microbiota y los factores que afectan su desarrollo. Aunque existen estudios que caracterizan la microbiota de *Cannabis*, aún es limitado el conocimiento sobre su respuesta conjunta con la planta frente a un estrés biótico, como la infestación por *Tetranychus urticae*, principal plaga agrícola del cultivo. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la dinámica del microbioma bacteriano en plantas de *C. sativa* sometidas a estrés biótico por *T. urticae*, considerando el estadio del ciclo de cultivo (vegetativo temprano, tardío y floración tardía) y la compartimentalización edáfica (rizósfera vs. suelo). El ensayo experimental incluyó dos tratamientos (control y estrés) en cultivo interior. A las muestras se extrajo ADN total (SpinSoil, Macherey Nagel) y partir de la secuenciación de la región V4 del 16S rRNA (Illumina (Novaseq-QIIME 2), se evaluaron diversidad alfa (índice de Shannon), abundancia relativa (R package) y taxones discriminantes mediante LEfSe (Linear Discriminant Analysis Effect Size, LDA > 2, p < 0.05). No se observaron diferencias significativas en diversidad alfa entre tratamientos o microambientes. Las comunidades estuvieron representadas principalmente por los filos *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Acidobacteriota* y *Planctomycetota*. El análisis LEfSe mostró mayor número de taxones discriminantes en condiciones control que en estrés. En la rizósfera control se encontraron géneros PGPR (Plant growth promoting rhizobacteria), que no se encontraron en condición de estrés. En suelo con estrés se encontró un único taxón dominante, en suelo control los taxones diferenciales correspondieron a taxones bacterianos no cultivados. A lo largo del ciclo de cultivo se detectaron ciertos géneros y familias discriminantes específicas correspondientes a cada etapa. Estos resultados darían indicio que el estrés inducido por *T. urticae* modificó la abundancia relativa de ciertos taxones bacterianos, con un desplazamiento de PGPR por taxones más tolerantes al estrés, con posibles implicancias en la funcionalidad edáfica y en la interacción planta-bacteria.

Biocontrol de plagas y enfermedades

BPE1**Evaluación del efecto antifúngico de exopolisacáridos extraídos de bacterias aisladas de abejas nativas sin aguijón de la provincia de Jujuy, Argentina**

Tejerina, M.R.^{1;2}; Ruiz, G.B.^{1;2}; Fonseca, M.I.^{3;4}; Benitez Arhendts, M.R.^{1;2}.

¹ Laboratorio de Sanidad Apícola y Meliponícola. Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu, San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

² Instituto de Ecorregiones Andinas, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (INECOA-CONICET)- San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

³ Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNaM. Instituto de Biotecnología "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

⁴ CONICET, Buenos Aires, Argentina.

tejerina.marcos@yahoo.com

Los exopolisacáridos (EPS) son biopolímeros secretados por bacterias que cumplen diversas funciones como adhesión, actividad antimicrobiana e inmunomoduladores, así también actúan como moléculas señal en interacciones entre bacterias. Este estudio evaluó el potencial antifúngico de EPS extraídos de bacterias asociadas a abejas sin aguijón contra *Ascosphaera apis*, hongo patógeno de larvas de *Apis mellifera*. Los EPS fueron extraídos de las cepas *Levilactobacillus brevis* LSAMN, *Acetobacter ghanensis* LSAMT, *Lactiplantibacillus plantarum* LSAMS y *Pantoea agglomerans* LSAMP, aisladas de intestino de abeja sin aguijón. Primeramente, se realizaron ensayos duales donde las bacterias fueron enfrentadas entre sí en Agar-MRS para determinar un posible antagonismo. Para la producción de EPS las bacterias fueron activadas en 5mL de medio líquido polen, suplementados con glucosa. Los esporocistos de *A. apis* previamente activados fueron resuspendidos en 5mL de medio líquido My20. Para cada ensayo 200μL de cada cepa bacteriana individual fue inoculada en el medio líquido, mientras que 100μL de cada una de las cepas fue inoculada en combinaciones duales. Todos los ensayos se incubaron en condiciones de microaerofilia por 72hs a 37°C. Los EPS fueron extraídos de cada suspensión bacteriana siguiendo la técnica propuesta por Kowsalya y col., (2023), con modificaciones. Para determinar la actividad antifúngica, 5mL de medio líquido My20 fueron inoculados con 100μL de la suspensión de esporocistos y 200μL de la suspensión de EPS, además se realizaron tratamientos sin EPS adicionando 200mL polen estéril y otros sin este último, todos los tratamientos fueron incubados a 30°C durante 10 días, posteriormente se determinó la biomasa como peso seco de los micelios. Por otro parte, los micelios que mostraron crecimiento y que tuvieron contactos con los EPS, fueron inoculados en medio agar-My20, para evaluar su capacidad para desarrollar esporocistos. Los tratamientos con EPS mostraron una disminución del crecimiento en un 80% con respecto al control ($p=0,0001$) y los EPS de las cepas combinadas LSAMT y LSAMS mostraron la mayor inhibición ($21\pm 2,83$ mg). Los micelios que estuvieron en contacto con EPS no desarrollaron esporocistos. Los EPS extraídos de bacterias poseen efecto antifúngico para *A. apis*.

BPE2**Producción en sustrato sólido de *Purpureocillium lilacinum* SR14 para el control de *Nacobbus aberrans* s.l.**

Sosa, A.L.¹; García, D.¹; Girardi, N.S.¹; Passone, M.A.¹

¹CONICET, Lab. de Ecología Microbiana, Dto. de Microbiología e Inmunología - (ICBIA) - UNRC. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

asosa@exa.unrc.edu.ar

Uno de los problemas frecuentes en el cinturón hortícola de Río Cuarto, es la infestación causada por nematodos parásitos de plantas (NPP). Para su control, en muchos casos, se utilizan productos químicos de síntesis, que son potencialmente peligrosos para la salud humana, animal y el medio ambiente. Desde una perspectiva más ecológica, el hongo *Purpureocillium lilacinum* es una de las especies fúngicas más estudiadas para lograr este propósito, debido a su alta capacidad de adaptación a distintas condiciones edafoclimáticas, su capacidad para parasitar NPP, de producir enzimas y nematotoxinas, de desarrollar en una amplia variedad de sustratos y su alta producción de esporas. En ensayos previos se demostró que *P. lilacinum* SR14 aislado de suelo hortícola infestado con *N. aberrans* s.l., presenta actividad nematófaga *in vitro* e *in planta* sobre este NPP. Para su aplicación a campo se requiere la producción a gran escala de micropropágulos, por lo que la fermentación en sustrato sólido es un proceso rentable y muy utilizado en la producción masiva de hongos filamentosos. Por ello, el objetivo de este trabajo fue evaluar si el proceso de producción de un bionematicida a base de *P. lilacinum* SR14, mediante fermentación en arroz como sustrato sólido, permite lograr resultados óptimos en términos de rendimiento, viabilidad y calidad del agente de control biológico. Para ello, se inocularon 2 ml de una suspensión de conidios de SR14 (1×10^7 conidios ml^{-1}) en 50 g de arroz y se incubó durante 15 d bajo condiciones óptimas de crecimiento (25 °C- a_w : 0,99). Al finalizar el tiempo de incubación, se determinó la calidad y el rendimiento de los conidios (recuento total y viabilidad), la capacidad de parasitismo sobre huevos de *N. aberrans* s.l.; y la producción de enzimas proteasas y quitinasas. Los resultados de este ensayo indicaron que la cepa SR14 puede ser producida a gran escala en sustrato sólido bajo estas condiciones, registrando un rendimiento de $7,4 \times 10^7$ conidios g arroz^{-1} y manteniendo la viabilidad en el orden de $4,1 \times 10^7$ UFC g arroz^{-1} . Por otro lado, SR14 preservó su patogenicidad sobre *N. aberrans* s.l., logrando porcentajes de infección del 85%. Se confirmó, además, la capacidad de producción de proteasas ($0,22 \text{ U.h}^{-1}\text{mL}^{-1}$) y quitinasas ($0,88 \text{ U.h}^{-1}\text{mL}^{-1}$). Podemos concluir que el desarrollo de *P. lilacinum* SR14 en arroz como sustrato sólido permite garantizar un rendimiento de biomasa y alta viabilidad conidial, sin afectar sus características biocontroladoras sobre NPP, lo que favorece su producción a mayor escala y su aplicación en agroecosistemas con problemas recurrentes de infestación con *N. aberrans* s.l.

BPE3**Biodiversidad microbiana como recurso: Antagonismo in vitro de consorcios de *Trichoderma spp.* y *Aspergillus spp.* contra *Sclerotinia spp.* en lechuga**Zubieta, D.A.¹; Echeverry, L.C.¹; Zafra-Mejía, C.A.¹¹Grupo de Investigación en Ingeniería Ambiental—GIIAUD, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá E-111711, Colombia.czafra@udistrital.edu.co

La agricultura sustentable se enfrenta a desafíos crecientes, y la biodiversidad microbiana emerge como una solución clave para el manejo de fitopatógenos. La biodiversidad microbiana representa un recurso estratégico para el desarrollo de soluciones sustentables frente a los desafíos fitosanitarios en la agricultura moderna. En este estudio, se evalúa el antagonismo in vitro de consorcios fúngicos conformados por cepas nativas de *Trichoderma spp.* (Tr1, Tr2, Tr3) y *Aspergillus spp.* (As1, As2, As3) frente a *Sclerotinia spp.*, un fitopatógeno de alta persistencia en el suelo y agente causal de la podredumbre blanca en lechuga (*Lactuca sativa*). Esta enfermedad representa una amenaza significativa para la producción agrícola en Colombia, donde la lechuga constituye un cultivo de importancia económica. *Sclerotinia spp.* puede permanecer viable en el suelo por más de cinco años mediante la formación de esclerocios, estructuras de resistencia que dificultan su erradicación y pueden causar pérdidas de hasta el 50% en campo. Las cepas fúngicas se aislaron de suelos agrícolas y se cultivaron en medios PDA, Jugo V8 y Miel-Avena. Se evaluó su capacidad antagónica mediante ensayos de confrontación dual, tanto de forma individual como en combinaciones consorciales. Los resultados muestran que los consorcios As1+As2+Tr1, As1+As2+Tr2 y As1+As2+Tr3 inhibieron significativamente el crecimiento de *Sclerotinia spp.*, siendo el consorcio As1+As2+Tr1 el más eficaz, con una inhibición del 85,1%. A nivel individual, las cepas Tr2 y As1 presentan los mayores niveles de antagonismo, con eficiencias del 95,6% y 95,1%, respectivamente, según el análisis de similitud de Jaccard. Un hallazgo relevante es la ausencia de formación de esclerocios en los tratamientos con consorcios durante los diez días de evaluación, lo que sugiere una posible interrupción del ciclo infeccioso del patógeno. Esta inhibición podría representar una reducción significativa en la capacidad de persistencia del hongo en el suelo, lo cual es clave para el manejo a largo plazo de la enfermedad. Los resultados posicionan a estos consorcios microbianos como candidatos prometedores para el desarrollo de bioproductos aplicables en programas de manejo integrado de enfermedades. Se recomienda profundizar en los mecanismos de antagonismo involucrados, como la producción de metabolitos antifúngicos, competencia por espacio y nutrientes, y micoparasitismo. Asimismo, es necesario evaluar la eficacia de estos consorcios en condiciones in vivo y su impacto ecotoxicológico, con el fin de establecer su viabilidad como agentes de control biológico en sistemas agrícolas sustentables.

BPE4**Eficiencia de biocontrol de *Trichoderma capillare* T66 sobre patógenos relevantes que afectan los cultivos de trigo y soja**

Moyano, P.H.¹, Costanzo, M.E.¹, Escalante, M.R.¹, Anta, G.G.¹.

¹ Indrasa Biotecnología S.A. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

priscilamoyano19@indrasa.com

Introducción. *Trichoderma capillare* es un hongo cosmopolita perteneciente al género *Trichoderma* que, además de poseer capacidades PGP que favorecen el crecimiento y desarrollo de cultivos, presenta características como endofitismo, micoparasitismo, competencia y producción de metabolitos secundarios, que lo vuelven prometedor para biocontrolar, de manera directa o indirecta, patógenos de cultivos de importancia agronómica. Año tras año se registran pérdidas de rendimiento en la cosecha de trigo y soja debido a patógenos fúngicos, entre otros factores, que impactan a nivel económico y social. Objetivos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficiencia de biocontrol de *Trichoderma capillare* sobre patógenos de trigo (*Bipolaris sorokiniana*, *Rhizoctonia solani*, *Alternaria alternata*, *Fusarium graminearum* y *Drechslera tritici repentis*) y sobre patógenos de soja (*Cercospora kikuchii*, *Cercospora sojina*, *Macrophomina phaseolina*, *Diaporthe longicolla* y *Sclerotinia sclerotium*) in vitro mediante siembra en cultivo dual. Metodología. Para esto, se realizaron in vitro los cultivos duales correspondientes en medio PDA sólido, y se calculó el porcentaje de inhibición de crecimiento radial (PIRC). Para la siembra, se colocó un disco de 5 mm de diámetro de *T. capillare* en un extremo de la placa, y un disco del patógeno correspondiente en el otro extremo, de manera equidistante, manteniendo la misma distancia desde el centro de la placa. Se realizaron 5 repeticiones por cada patógeno evaluado. Las placas se incubaron a 30°C durante 7 días. El halo de inhibición se midió diariamente hasta observar el máximo porcentaje de inhibición. Resultados. Los valores obtenidos de porcentaje de inhibición de crecimiento radial para el caso de patógenos de trigo, *Bipolaris sorokiniana*, *Rhizoctonia solani*, *Alternaria alternata*, *Fusarium graminearum* y *Drechslera tritici repentis*, fueron de 80%, 69,2%, 77,7%, 57,1% y 70,3%, respectivamente. Para los patógenos de soja, *Cercospora kikuchii*, *Cercospora sojina*, *Macrophomina phaseolina*, *Diaporthe longicolla* y *Sclerotinia sclerotium*, el porcentaje de inhibición fue de 75,78%, 71,79%, 74%, 76,22% y 72,5%, respectivamente. Los resultados obtenidos fueron estadísticamente significativos, observándose un efecto de biocontrol menor contra *Fusarium graminearum* y un mayor efecto contra *Bipolaris sorokiniana*. Conclusión. *Trichoderma capillare* resultó eficaz para biocontrolar los patógenos de trigo y soja evaluados en este estudio, respaldando el potencial de uso del género *Trichoderma* en el manejo integrado de enfermedades en cultivos agrícolas.

BPE5

Evaluación de la estabilidad de una suspensión líquida formulada con *Bacillus thuringiensis* INTA Mo4-4 para el control de *Alphitobius diaperinus*

Pérez, M.P.¹; Ortiz, L.M.¹, Viscarret, M.M.¹, Sauka, D.H.^{1,2}

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMyZA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

perez.melisa@inta.gob.ar

Las granjas avícolas, especialmente las de de pollos parrilleros, comúnmente enfrentan problemas significativos debido al escarabajo de la cama de pollos (*Alphitobius diaperinus*, Coleoptera: Tenebrionidae), un coleóptero que causa daños no solo a las aves, sino también en las instalaciones, además de generar problemas de salud en los trabajadores. Para ofrecer una alternativa ambientalmente amigable a los pesticidas químicos, se desarrolló un formulado de suspensión líquida a base de *Bacillus thuringiensis* INTA Mo4-4, con actividad tóxica contra las larvas de este insecto. Esta cepa, caracterizada fenotípica y genotípicamente, presenta cristales parasporales rectangulares planos y una proteína tóxica de ~67 kDa. Su genoma codifica múltiples proteínas pesticidas asociadas con actividad coleopterocida y mostró alta toxicidad contra *A. diaperinus*, superando a la cepa de referencia DSM-2803. El objetivo de este estudio fue evaluar la estabilidad biológica del formulado a lo largo del tiempo y bajo diferentes condiciones de almacenamiento. Se establecieron tres tiempos de análisis (0, 1 mes y 3 meses) y dos temperaturas: temperatura ambiente (25°C ± 3°C) y 4°C. Se estimó la concentración letal media (CL₅₀) (lectura de mortalidad a los 15 días) mediante ensayos de incorporación en dieta y análisis Probit con el software Polo Plus 1.0. Los valores iniciales de CL₅₀ fueron de 3,8 µl de formulado/ml de dieta (2,9-6,9). A un mes, las CL₅₀ fueron de 3,0 µl/ml (2,4-4,3) a 4°C y 2,5 µl/ml (1,8-4,4) a temperatura ambiente. A los tres meses, los valores fueron de 3,1 µl/ml (2,5-4,1) y 3,4 µl/ml (2,8-4,7), respectivamente. La falta de diferencias significativas entre las CL₅₀, tal como se evidencia en el solapamiento de los intervalos de confianza al 95%, indica estabilidad en la actividad tóxica del formulado durante los tres meses evaluados y bajo ambas temperaturas. Estos resultados son cruciales para el futuro registro del bioinsecticida y su implementación en el control de *A. diaperinus*.

BPE6**Optimización del medio de cultivo para aumentar la producción de sideróforos de dos PGPB aisladas de suelo vitícola**

Berca Espinosa, J.¹; Lambrese, Y.S.^{2,3}; Navarta, G.¹; Sansone, M.G.¹; Calvente, V.E.¹

¹Laboratorio de Microbiología Industrial, Universidad Nacional de San Luis. San Luis, Argentina

²Instituto Nacional de Tecnología Industrial, Villa Mercedes, San Luis, Argentina

³Área de Básicas Agronómicas, Facultad de Ingeniería y Ciencias Agropecuarias, UNSL. Villa Mercedes, San Luis, Argentina.

julianberca@gmail.com

Los sideróforos son importantes en la nutrición de hierro en plantas, ya que ayudan a asimilarlo del entorno. Además de favorecer el crecimiento vegetal, son útiles en el control biológico de fitopatógenos, especialmente hongos. Con el aumento de la agricultura orgánica y la preocupación por la salud del suelo, su uso como herramienta biotecnológica ha ganado interés. Sin embargo, producir sideróforos de forma sintética es complejo y para su aplicación industrial se necesita lograr una producción eficiente y en grandes volúmenes. El **objetivo** de este trabajo fue incrementar la producción de sideróforos bacterianos mediante la modificación de las fuentes de carbono y nitrógeno del medio de cultivo. Se trabajó con el medio Vitamin Free (VF) debido a su bajo contenido de hierro. Dicho medio contiene glucosa y sulfato de amonio como fuentes de carbono y nitrógeno, además de otros compuestos como asparagina, triptófano y fosfato di ácido de potasio. Se ensayaron dos cepas bacterianas ChM90c y ChM120y, ambas en proceso de identificación. Para ChM120y se eligieron glicerol y almidón como fuentes de carbono alternativas; para ChM90c glicerol y lactosa. En ambos casos, las fuentes alternativas de nitrógeno evaluadas fueron glicina y urea. La composición restante del medio se mantuvo constante y las bacterias fueron cultivadas por 48 horas, a 25 °C y 120 rpm. Los ensayos de modificación de la fuente de carbono y de nitrógeno fueron independientes entre sí. La concentración de sideróforos se determinó mediante el método colorimétrico de Arnou, midiendo la absorbancia a 510 nm y con una curva de calibrado se transformaron los datos a mg/L de enterobactina para obtener resultados cuantitativos. Los resultados se analizaron con ANOVA, buscando diferencias significativas en las concentraciones de sideróforos obtenidas con las diversas fuentes ensayadas. El software estadístico utilizado fue Rstudio. En el caso de la cepa ChM120y, no se logró obtener mejoras significativas en la producción de sideróforos obteniendo en promedio una concentración de 100mg/L en todos los ensayos. En contraste, la cepa ChM90c mostró un aumento considerable en su producción, pasando de producir 20mg/L en el medio VF convencional a 70mg/L en VF con lactosa y 95mg/L en VF con glicina. Estos resultados destacan la importancia de adaptar la formulación del medio a los requerimientos metabólicos específicos de cada cepa, en lugar de buscar una solución única de aplicación general.

BPE7

Sideróforos bacterianos: ¿eficaces para inhibir el crecimiento de hongos fitopatógenos?

Berca Espinosa, J.¹; Lambrese, Y.S.^{2,3}; Navarta, G.¹; Sansone, M.G.¹; Calvente, V.E.¹

¹Laboratorio de Microbiología Industrial, Universidad Nacional de San Luis. San Luis, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Industrial, Villa Mercedes, San Luis, Argentina

³Área de Básicas Agronómicas, Facultad de Ingeniería y Ciencias Agropecuarias, UNSL. Villa Mercedes, San Luis, Argentina.

julianberca@gmail.com

Los sideróforos son compuestos extracelulares producidos por microorganismos, que permiten solubilizar hierro no asimilable. Además de su función nutricional, tienen potencial en el control biológico de diversos fitopatógenos. Tradicionalmente, se usan fungicidas químicos contra dichos patógenos, pero se ha demostrado que estos generan impactos negativos en la salud y el ambiente. Como alternativa sustentable, las bacterias productoras de sideróforos se presentan como solución innovadora. Los sideróforos favorecen la competencia por el hierro entre los microorganismos productores y los fitopatógenos, lo que limita la disponibilidad de este nutriente para los patógenos. Este trabajo tuvo como objetivo evaluar la eficacia de dos sideróforos y sus bacterias productoras ChM90c y ChM120y, frente a los hongos fitopatógenos *Botrytis cinerea*, *Penicillium expansum*, *Fusarium* sp. y *Aspergillus niger* en tres ensayos *in vitro*. En el primer y segundo ensayo, se prepararon suspensiones de conidios ($\sim 1 \times 10^6$ conidios/mL) en agua destilada estéril, cuantificadas en cámara de Neubauer. Se prepararon también suspensiones bacterianas en agua destilada estéril, una con sideróforos y otra sin ellos, ambas estandarizadas por OD a 625 nm. En el primer ensayo, suspensiones de *P. expansum*, *Fusarium* sp. y *A. niger* fueron inoculadas en placas con medio Vitamin Free (VF), en las cuales se realizaron cuatro orificios con sacabocados. En los pocillos se aplicaron 20 μ L de: agua destilada estéril (control), suspensión bacteriana, solución con sideróforos y la combinación bacterias + sideróforos. En el segundo ensayo, se reemplazaron los pocillos por discos de papel de filtro embebidos con las mismas soluciones. En este caso se evaluaron las cuatro especies de hongos fitopatógenos. El tercer ensayo se realizó en placas de Petri divididas en tres secciones con medio VF, utilizando además discos de agar. Cada sección contenía un disco de VF con el fitopatógeno. Se incorporó, además, un disco con bacteria en VF (con sideróforo), otro con bacteria en YGM (sin sideróforo) y un tercero con solución de sideróforos completamente absorbida. La formación de halos de inhibición fue registrada a las 72, 96 y 120 horas. Se observó que ninguno de los sideróforos logró inhibir el crecimiento fúngico. Sin embargo, una de las bacterias logró inhibir el crecimiento de *B. cinerea* y *P. expansum*. Los resultados indican que los sideróforos, bajo estas condiciones, no fueron efectivos para inhibir el crecimiento de estos hongos fitopatógenos.

BPE8**Antagonismo contra *Macrophomina phaseolina* en bacterias endófitas asociadas a soja y *N. viridula***

Naranjo Rojas, D.A.¹; Rosso, B.¹; Simonetti, E.²; Zavala, J.A.¹; Pagano E.A.¹; Alvarez, F.¹

¹ Cátedra de Bioquímica, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

² Cátedra de Microbiología Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

dnaranjo@agro.uba.ar

El conocimiento sobre el microbioma de plantas e insectos puede ser potencialmente utilizado en el manejo de enfermedades en cultivos como alternativa al uso de pesticidas químicos. Una de las principales enfermedades del cultivo de soja es la podredumbre carbonosa (PC), causada por el hongo *Macrophomina phaseolina*, que en nuestro país se presenta con mayor incidencia en el NOA debido a las condiciones frecuentes de calor y sequía. Al no disponerse de variedades resistentes a la enfermedad, el uso de microorganismos o de sus metabolitos representa una posible estrategia de control. Nuestro laboratorio cuenta con una colección de bacterias endófitas aisladas de tejidos aéreos de soja y del intestino del insecto plaga *Nezara viridula* (chinche verde). Estos aislamientos fueron identificados mediante MALDI-TOF MS con el objetivo de estudiar la transmisión microbiana entre ambos organismos. En el presente trabajo se evaluó la capacidad de dichos aislamientos de inhibir el crecimiento de *M. phaseolina* en medio APD, así como su potencial para producir enzimas hidrolíticas (quitinasas y proteasas) y solubilizar fósforo inorgánico. Las bacterias pertenecen principalmente a los géneros *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Pantoea*, *Microbacterium*, *Curtibacterium*, *Sphingomonas* y *Staphylococcus*, la mayoría de los cuales fueron hallados en ambos hospederos (soja y chinche verde). En una segunda etapa, se evaluó el efecto de la inoculación de semillas de soja frente a la protección de la PC y el poder germinativo. Como referencia se utilizaron cepas del género *Burkholderia* pertenecientes al Banco Nacional de Microorganismos (FAUBA), previamente reportadas como antagonistas de diversos fitopatógenos (León *et al.* 2009; Alvarez *et al.* 2025), y un bioinsumo comercial formulado con cepas del grupo *Bacillus subtilis* (Biotrap® Nitrap S.R.L). De acuerdo a los resultados obtenidos hasta el momento, los aislamientos de *Burkholderia* spp. mostraron el mayor efecto antagonista frente a PC, seguidos por aislamientos de *Pseudomonas* spp. y *Pantoea* spp. Si bien los aislamientos pertenecientes al grupo *Bacillus subtilis*, presentes en la microbiota transitoria del insecto, mostraron una inhibición del crecimiento fúngico *in vitro*, su eficacia en la protección de semillas fue menos efectiva que la del bioinsumo comercial. La producción de enzimas hidrolíticas y solubilización de fósforo se asociaron más con el género bacteriano que con el tipo de hospedero. Se evaluará la eficacia de la inoculación de aislamientos seleccionados y metabolitos de las cepas de *Burkholderia* en respuesta a la protección de la PC bajo condiciones de invernadero.

BPE9**Aislamiento de bacterias del género *Bacillus* con propiedades promotoras del crecimiento vegetal y efecto antagónico frente a hongos fitopatógenos de interés regional.**

Gramajo, F.M.^{1,2}, Abán, C.^{1,2}, Vargas-Gil, S.⁴, Pérez Brandán, C.^{1,2,3}, Sabaté, D.C.^{1,2,3}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Salta, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria INTA-Estación Experimental Agropecuaria, Cerrillos, Salta, Argentina.

³Universidad Nacional de Salta, Facultad de Ingeniería, Salta, Argentina.

⁴Instituto de Patología Vegetal, Centro de Investigaciones Agropecuarias, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (IPAVE, CIAP – INTA), Córdoba, Argentina.

fatigs17@gmail.com.

El cultivo de poroto (*Phaseolus vulgaris* L.) en sus diversas variedades, es de gran relevancia en el noroeste argentino (NOA), siendo Salta el principal productor. Un factor importante es la calidad de la semilla que define en gran parte el éxito o fracaso de la producción. En este sentido, el uso de bioinsumos formulados a partir de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB), constituyen una estrategia tecnológica cada vez más aceptada en las prácticas agrícolas sustentables, amigables con el ambiente y representan una alternativa natural y económica. El objetivo de este trabajo fue aislar bacterias pertenecientes al género *Bacillus* con potenciales propiedades como PGPB y biocontroladoras de fitopatógenos de interés regional. Los aislamientos se realizaron a partir de muestras de suelos rizosféricos provenientes de diferentes cultivos de la provincia de Salta. Se seleccionaron las colonias que presentaron características fenotípicas y/o morfologías macro y microscópicas típicas del género *Bacillus*. El efecto antagónico se evaluó por la técnica de cultivo dual frente a diferentes hongos fitopatógenos como: *Sclerotinia sclerotiorum*, *Macrophomina phaseolina* y *Fusarium oxysporum*. Se calculó el porcentaje de inhibición fúngica (%IF) después de 7 días de contacto. La producción de sideróforos se determinó por la técnica del Cromo Azurol S (CAS) y se evaluó la solubilización de fósforo inorgánico utilizando el medio de cultivo NBRIP. La síntesis de auxinas (AIA) fue cuantificada por método espectrofotométrico utilizando reactivo de Salkowski. Se evaluó el efecto de los aislados sobre el poder germinativo de las semillas de poroto negro cv. Nag 12 a los 9 días de la inoculación y el desarrollo radicular mediante la determinación del peso seco de las raíces. Apartir de 70 cepas aisladas, 17 fueron preseleccionadas por su potencial efecto de biocontrol frente a los patógenos evaluados. Las 17 cepas preseleccionadas sintetizaron sideróforos y auxinas, pero ninguna generó solubilización de fosfatos inorgánicos. La cepa F31CH fue la que produjo mayor concentración de auxinas (12,41 mg/mL). Las cepas F26R y F31CH generaron un incremento del desarrollo radicular del 26% y 32% (peso seco de raíz en gramos) respectivamente, en comparación al control. De acuerdo a los resultados obtenidos, las cepas con efecto antifúngico y propiedades PGPB fueron seleccionadas para posteriores estudios. Las cepas seleccionadas combinan mecanismos complementarios relacionados a la promoción del crecimiento (producción de auxinas, sideróforos y actividad antifúngica), es por ello que consideramos factible el

desarrollo de consorcios microbianos para su aplicación sobre diferentes cultivos, para lo cual posteriores estudios serán necesarios.

BPE10**Efectividad biológica del producto Fagolytic a base de bacteriófagos para el control de la mancha bacteriana en el cultivo de chile en condiciones de campo**

Quiñones-Aguilar E.E.¹, Olivares-Terrones, R.A.¹; Solís-Sánchez, G.A.¹; Enríquez-Vara, J.N.²; Rincón-Enríquez, G.¹

¹Laboratorio de Fitopatología, Unidad de Biotecnología Vegetal, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. (CIATEJ) Zapopan, Jalisco, México.

²SECIHTI-CIATEJ, Zapopan, Jalisco, México.

ruolivares_al@ciatej.edu.mx; grincon@ciatej.mx

La mancha bacteriana en el cultivo de solanáceas (como *Capcicum annum* o *Solanum lycopersicum*) es provocada por distintas especies de *Xanthomonas*. En particular *X. euvesicatoria* es el agente causal de esta enfermedad en chile en varias regiones productoras de México. Para el control de esta bacteria fitopatógena se emplean agroquímicos a base de antibióticos y compuestos de cobre; sin embargo, estas bacterias están generando resistencia a estas estrategias, además de que estos compuestos provocan problemas ambientales; por lo cual el uso de bacteriófagos es una alternativa biológica y ambientalmente neutra para el manejo de esta problemática fitosanitaria. Fagolytic es un producto a base de dos bacteriófagos (Φ XaF13 y Φ XaF18) colocados en una formulación que protege a los virus de la radiación solar UV (patente 412087; <https://vidoc.impi.gob.mx/visor?d=MX/2024/33644>). Por lo cual el objetivo de este trabajo fue determinar la efectividad biológica de Fagolytic en condiciones de campo. Se realizó un experimento con 4 bloques al azar con 5 tratamientos: Fagolytic a dosis de 1, 2 y 3 L / ha; Hidrocop 77 (3 kg / ha, hidróxido de cobre) y control sin tratamiento fitosanitario. La parcela donde se estableció este experimento se localizó en el estado de Morelos, México. Se realizaron dos aplicaciones foliares para el manejo fitosanitario al inicio de la floración: 1) inicial a la aparición de primeros síntomas de la enfermedad; 2) 8 días posteriores a la primera aplicación. Se determinó la severidad de la enfermedad de acuerdo con la eficacia Abbot en 10 plantas de la parcela útil de cada unidad experimental (21 m²) a los 16 días después de la primera aplicación. Se realizó un análisis de varianza y una prueba Tukey a un nivel de significancia del 5% a los datos de eficacia. Los resultados mostraron una eficacia Abbot para Fagolytic (3 L/ha) del 84% estadísticamente igual a Hidrocop 77 (92%) según Tukey ($p \leq 0.05$). Este resultado indica que Fagolytic puede sustituir al agroquímico a base de cobre Hidrocop 77, lo cual podría contribuir a una producción de alimentos con mayor sustentabilidad ambiental, además apunta a que la fagoterapia vegetal puede considerarse como una alternativa de control biológico de problemas fitosanitarios bacterianos en la agricultura.

BPE11**Interacción de *Azospirillum brasilense* y un inductor de defensas en el control de la mancha bacteriana en tomate**

Molina Muñoz, M.Y.¹; Felipe, V.^{1,2}; Hodara, K.¹; Rivas, A.¹; Romero, A.M.¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. Buenos Aires, Argentina.

²Instituto Multidisciplinario de Investigación y Transferencia Agroalimentaria y Biotecnológica (IMITAB), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas, Instituto Académico Pedagógico de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Nacional Villa María (UNVM-CONICET). Villa María, Argentina.

miriam.yulisa.molina@gmail.com

La mancha bacteriana causada por *Xanthomonas vesicatoria* (Xv) es una enfermedad que afecta gravemente el cultivo del tomate (*Solanum lycopersicum*). El uso de acibenzolar-S-metil (ASM; Bion 50 WG) ha demostrado ser una estrategia efectiva para activar respuestas de defensa contra esta enfermedad, asociadas a la vía del ácido salicílico. Sin embargo, la interacción de ASM con microorganismos promotores del crecimiento vegetal, como *Azospirillum brasilense* (Ab), una bacteria productora de auxinas, podría influir en la eficiencia del control de la enfermedad. El objetivo de este estudio fue determinar si la inoculación previa con Ab interfiere con la respuesta de defensa contra Xv activada por ASM en tomate. Se utilizó un diseño factorial con tres factores fijos (inoculación con Ab, aplicación de ASM y desafío con Xv), considerando dos niveles para cada factor. Para ello, semillas de tomate (cultivar Ace 55) fueron desinfectadas e inoculadas con Ab (cepa BNM155; 1×10^6 UFC/ml) o tratadas con agua y posteriormente, sembradas en bandejas de germinación. Cuatro semanas después las plántulas fueron trasplantadas a macetas de 0,75 l y reinoculadas, en la base del tallo, con 10 ml de una suspensión bacteriana de Ab (1×10^6 UFC/ml) o con agua. A la semana se pulverizaron las hojas con ASM (50 mg/l) o agua y las plantas fueron desafiadas 3 días después con Xv mediante inmersión en una suspensión bacteriana (cepa Xv208; 10^6 UFC/ml) con Silwet (0,01 %). Diez días después del desafío con el patógeno, se evaluó la severidad de la enfermedad mediante el conteo del número de lesiones en la cuarta hoja. Los datos obtenidos fueron analizados mediante ANOVA. Previo a efectuar los análisis, se comprobó el cumplimiento de los supuestos de distribución normal de los errores y homogeneidad de varianzas entre los tratamientos. Los resultados mostraron que las plantas tratadas únicamente con ASM presentaron un número significativamente menor de lesiones en comparación con los demás tratamientos ($p < 0,05$). La inoculación con Ab no redujo el nivel de infección por Xv, ni en presencia ni en ausencia de ASM. Estos resultados confirman la eficacia de ASM para el control de la mancha bacteriana y sugieren que la inoculación previa con Ab interfiere en la respuesta defensiva mediada por ASM en tomate.

BPE12**Incorporación de una toxina potenciadora en cuerpos de oclusión del baculovirus AcMNPV para el control biológico de lepidópteros plaga**

López, C.A.¹; Alfonso, V.¹; Taboga¹, O.; López, M.G.¹.

¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

lopez.cinthia@inta.gob.ar

Los programas de manejo integrado de plagas (MIP) representan la estrategia más aceptada para reducir el uso de insecticidas químicos. En este contexto, los biopesticidas cumplen un rol clave, complementando e incluso reemplazando métodos convencionales. Entre ellos, los baculovirus (BV) se destacan por su capacidad de formar cuerpos de oclusión o poliedros, compuestos principalmente por la proteína poliedrina (POLH), lo que los convierte en herramientas valiosas desde una perspectiva biotecnológica. Se ha demostrado que la fusión de proteínas al fragmento POLH₁₉₋₁₁₀ favorece su expresión. Además, la fusión produce la formación de agregados en células infectadas o, en presencia de POLH salvaje, dirige la incorporación de la proteína heteróloga a poliedros. Asimismo, la neurotoxina Hv1a proveniente de la araña *Hadronyche versuta*, con alta especificidad por canales de calcio de insectos, ha sido caracterizada por su potencial insecticida. A su vez, se ha probado que el agregado de la lectina GNA a la secuencia de la toxina (Hv1aG) aumenta su biodisponibilidad por vía oral, lo que la hace excelente candidata para su uso combinado con BV en infecciones primarias. Con estos antecedentes, nos propusimos desarrollar una estrategia para incorporar la toxina heteróloga en los poliedros del virus AcMNPV, sin utilizar virus recombinantes, y que potencie su efecto letal sobre lepidópteros susceptibles. Para ello, se desarrollaron líneas celulares de insecto Sf9 transformadas establemente con la versión fusionada o con la forma soluble de Hv1aG, con un *tag* de 6xHis, bajo la regulación de un promotor muy fuerte, inducible por infección. Además, con el fin de evaluar la toxicidad de Hv1aG fusionada a POLH₁₉₋₁₁₀, se construyó un BV que expresa esta construcción en ausencia de POLH salvaje. Los resultados mostraron que las líneas estables Sf9Hv1aG y Sf9POLH₁₉₋₁₁₀Hv1aG fueron capaces de expresar eficientemente las toxinas tras la infección con un BV de genotipo *polh*-. En infecciones con AcMNPV salvaje, se detectó la presencia de Hv1aG fusionada en poliedros aislados de la línea Sf9POLH₁₉₋₁₁₀Hv1aG, pero no se detectó incorporación de la toxina en los poliedros aislados de la línea Sf9Hv1aG. Por último, POLH₁₉₋₁₁₀Hv1aG se expresó en altos niveles mediante el BV recombinante y fue fácilmente purificable. En conclusión, los resultados sugieren que para la incorporación de Hv1a a poliedros es necesaria la fusión de ésta al fragmento POLH₁₉₋₁₁₀. Como siguientes pasos, se prevé realizar bioensayos con insectos blanco para evaluar la toxicidad de la fusión purificada y la letalidad de los poliedros con la toxina incorporada.

BPE13**Actividad protectora de extractos de *Bacillus velezensis* NKG50 contra *Ascochyta rabiei***Sardo, M.F.¹; Bustos, P.S.²; Ortega, M.G.²; Ruiz, O.A.³; Monteoliva, M.I.⁴; Páez, P.L.²; Valetti, L.¹¹IPAVE-UFYMA, CIAP, INTA-CONICET. Córdoba, Argentina.²UNITEFA-CONICET. Facultad de Ciencias Química. UNC. Córdoba, Argentina.³INTECH. Chascomús, Buenos Aires, Argentina.⁴IFRGV-UDEA, CIAP, INTA-CONICET. Córdoba, Argentina.valetti.lucio@inta.gob.ar

La rabia del garbanzo, causada por *Ascochyta rabiei*, ocasiona pérdidas de rendimiento significativas. Los bioinsumos bacterianos, como alternativa a los fungicidas sintéticos, son de interés por su sostenibilidad. Se cuenta con una cepa de *Bacillus velezensis* NKG50, aislada de plantas sanas y con capacidad antifúngica. Aunque estudios *in silico* sugieren la presencia de genes para metabolitos antifúngicos, se desconocen los metabolitos específicos involucrados en la inhibición de *A. rabiei*. El objetivo de este trabajo fue preparar extractos, con solventes orgánicos de distinta polaridad, a partir del sobrenadante de *B. velezensis*, y determinar su actividad antifúngica. El sobrenadante de *B. velezensis* se particionó con hexano, cloroformo/metanol (2:1), y acetato de etilo en ampollas de decantación, repitiéndose la extracción tres veces. Los solventes fueron eliminados mediante evaporación a presión reducida y los extractos secos se resuspendieron en 1,5 ml de agua. Se realizó un control negativo con medio CTS particionado de igual manera. La actividad antifúngica de cada fracción fue chequeada mediante difusión en agar contra *A. rabiei*. Se incluyeron controles negativos (CTS particionado) y positivo (*B. velezensis* NKG50 liofilizado resuspendido). Un disco de micelio fúngico en agar de 6 mm de diámetro (de 7 días de crecimiento) fue colocado en el centro de la placa de Petri. Cuatro pocillos fueron distribuidos en forma de cruz a 2 cm del disco del patógeno. Un total de 150 µl del control negativo (CTS particionado) fue sembrado en dos pocillos opuestos. Luego se sembraron 75 µl del control positivo y por último 75 µl de la fracción a evaluar. Las placas fueron incubadas a 21 °C con fotoperiodo de 12/12h. Al día 15, se calculó el porcentaje de inhibición del crecimiento radical (PIC). Para cada tratamiento se hicieron 4 repeticiones (n=4). Las medias se compararon por análisis de la varianza (ANOVA) y test de comparación de Duncan (p<0,05). La fracción de acetato de etilo mostró la mayor actividad antifúngica (PIC=35%), significativamente superior a las fracciones de hexano y cloroformo/metanol (PIC <20%). Estos resultados preliminares señalan a la fracción de acetato de etilo como rica en metabolitos antifúngicos promisorios para el biocontrol de la rabia del garbanzo, motivando a su posterior identificación.

BPE14**Efecto de la temperatura sobre metabolitos antagónicos de hongos patógenos de maní y garbanzo**Tamagnone, N.¹; Sardo M.F.¹; Valetti, L.¹¹ IPAVE – CIAP – INTA, UFYMA. Córdoba, Argentinavaletti.lucio@inta.gob.ar

Dentro de las limitantes sanitarias más importantes para los cultivos de maní y garbanzo en Córdoba se encuentran enfermedades provocadas por hongos: el carbón del maní, causado por *Thecaphora frezzii* (TF); y la rabia y el síndrome de amarillamiento del garbanzo causadas por *Ascochyta rabiei* (AR) y *Fusarium proliferatum* (FP), aislado de plantas con alta severidad de síntomas, respectivamente. En la actualidad, estas enfermedades no tienen estrategias de control eficientes, provocando pérdidas muy importantes de producción. Así, el uso de bacterias benéficas surge como una alternativa de manejo sustentable económica y ambiental. En este trabajo se usó *Bacillus velezensis* NKG50 (BV); una bacteria endófito de garbanzo que aporta beneficios para el crecimiento y respuesta al estrés de las plantas y produce metabolitos antifúngicos difusibles. El objetivo del trabajo fue evaluar el efecto *in vitro* de sobrenadantes de cultivos líquidos de BV sobre el crecimiento micelial de los patógenos y la termoestabilidad de los metabolitos presentes en ellos. Para determinar el efecto de los metabolitos se complementó medio agar dextrosa de papa con sobrenadantes de cultivos bacterianos realizados en medios caldo dextrosa de papa o tripticaseína de soja durante 24, 48 y 72 hs; se determinaron los diámetros de la colonia y se calculó el porcentaje de inhibición del crecimiento $PIC = [(Dc - Dt) / Dc] * 100$, donde Dc y Dt son el diámetro del patógeno en ausencia y en presencia de los sobrenadantes, respectivamente. Para evaluar la termoestabilidad de los metabolitos, se calentaron a 70 y 100°C, y se autoclavaron a 120°C los sobrenadantes de aquellos cultivos bacterianos que lograron la mayor inhibición para cada hongo, luego se colocaron alícuotas en pocillos equidistantes en una placa de PDA con un disco de patógeno en el centro y se determinaron los radios de las colonias. Los resultados de tres replicas (n=5) fueron analizados mediante ANAVA y el test LSD ($p < 0,05$). En la mayoría de las condiciones evaluadas, el sobrenadante tuvo un alto efecto antagónico sobre los patógenos de interés, tendiendo a ser mayor cuando se obtienen de incubaciones más prolongadas. Así, se llegó a valores de PIC de hasta 90% para AR; de 86% para TF y de 47% para FP. Con respecto a la termoestabilidad de los metabolitos se determinó que el efecto antagónico sobre AR y FP no disminuyó al someter los sobrenadantes a las temperaturas probadas. Sin embargo, para TF se observó una baja de la actividad antifúngica a medida que se incrementó la temperatura, a pesar de esto, la termorresistencia es alta, manteniendo más de 2/3 de la actividad al calentarlo a 100°C. Este estudio demuestra el gran potencial de BV como biocontrolador de amplio espectro, capaz de inhibir significativamente a los tres patógenos mediante la producción de metabolitos diversos. Sumado a esto, los metabolitos son termoestables, lo que amplía sus aplicaciones potenciales en distintos contextos productivos.

BPE15**Identificación de aislados del género *Bacillus* con potencial de biocontrol**

Kaen, R.¹; Carrasco, F.^{1,2}; Herrera Díaz, V.¹; Coronel, V.¹; Gama, M.A.S.³; Barbosa, E.³; Lima, N.B.¹

¹Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Catamarca. San Fernando del Valle de Catamarca (4700), Catamarca, Argentina.

²Laboratorio de Fitopatología, Estación Experimental Agropecuaria, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Sumalao, Valle Viejo (4705), Catamarca, Argentina.

³Laboratorio de Fitobacteriología, Universidad Federal Rural de Pernambuco. Recife, Pernambuco, Brasil.

carrasco.franca@inta.gob.ar

Las enfermedades causadas por hongos habitantes del suelo son de difícil control debido a la capacidad de supervivencia y a los diversos mecanismos adaptativos de los fitopatógenos. Los productos químicos, en general, presentan una eficacia moderada o baja, debido a la complejidad del suelo y a los múltiples componentes y procesos que en él interactúan. En este contexto, el control biológico representa una herramienta importante para el manejo integrado de enfermedades que afectan las raíces de cultivos de interés agrícola. El objetivo de este estudio fue identificar dos aislados (CCLF302 y CCLF303) del género *Bacillus*, depositados en la Colección de cultivos de microorganismos del Laboratorio de Fitopatología (FCA-UNCA), basado en marcadores moleculares y evaluar la actividad antagonista *in vitro* contra un aislado de los géneros *Fusarium*, *Pythium* y *Rhizoctonia*. El antagonismo fue evaluado a partir del enfrentamiento de discos de 5 mm del antagonista y cada uno de los patógenos, en placas de Petri con APG, con cuatro repeticiones por tratamiento. Para la identificación molecular fueron realizadas las extracciones de ADN con kit comercial, seguido de amplificación de la región 16S del ADN ribosómico. Luego los fragmentos fueron secuenciados y analizados a partir del método bayesiano para determinar las relaciones filogenéticas con integrantes del género. Ambos aislados fueron identificados como *Bacillus subtilis* y presentaron actividad antagonista contra los aislados de los géneros *Fusarium* y *Rhizoctonia*. El aislado CCLF302 indujo un halo de inhibición, con valores de 17 y 22 mm para los géneros *Fusarium* y *Rhizoctonia*, respectivamente. El aislado CCLF303 indujo un halo de 22 mm para *Fusarium* y 24 mm para *Rhizoctonia*. Sin embargo, no fue observada actividad antagonista de ninguno de los biocontroladores frente a *Pythium*. Los agentes de biocontrol identificados poseen el potencial de disminuir los efectos de enfermedades que afectan las raíces dependiendo del fitopatógeno involucrado.

BPE16**Bioprospección de *Trichoderma* sp. para el control biológico de Sigatoka amarilla en banana**

Aponte, C.A.¹; Jara, G.A.¹; Silva, M.¹; Olmedo, A.P.¹; Tenaglia, G.²; Rompato, K.¹

¹Universidad Nacional de Formosa. Formosa, Formosa. Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Área Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar. Formosa, Formosa. Argentina.

carlaagustinaaponte@gmail.com

La Sigatoka amarilla, causada por *Pseudocercospora musae*, representa una de las principales limitantes sanitarias en la producción de banana (*Musa spp.*) en Formosa, Argentina, donde esta actividad es desarrollada por pequeños agricultores familiares. El control químico es la estrategia más utilizada, pero implica riesgos ambientales, sanitarios y genera resistencia al patógeno. En este contexto, el uso de hongos del género *Trichoderma* como biocontroladores constituye una alternativa sustentable. El objetivo de este trabajo fue determinar parámetros fenotípicos que permitan inferir diferencias entre nueve aislamientos nativos de *Trichoderma* sp (B9R, T4, T1, TH, PA52, TB64B, PB32, TB72A y PB72), obtenidos de suelos bananeros y montes aledaños. Para ello, se caracterizó morfológicamente el desarrollo de las colonias y se determinó la velocidad de crecimiento radial bajo distintas condiciones de cultivo. Los aislamientos fueron incubados a 28 °C durante 72 horas en tres medios: agar malta, papa dextrosa agar (PDA) y agar Czapek. Además, se evaluó el comportamiento térmico a 28 °C, 35 °C y 40 °C. Los ensayos se realizaron por triplicado, se midieron los radios de las colonias diariamente, posteriormente se calcularon las velocidades de crecimiento. Se realizó el ANOVA y la prueba LSD de Fisher para diferencia de medias ($p < 0,05$). Los resultados indicaron que 28 °C fue la temperatura óptima para la mayoría de los aislamientos, aunque TB64B y PA52 mostraron un crecimiento destacado a 35 °C, con velocidades de 2,73 y 2,9 mm/día respectivamente. El aislamiento B9R presentó el crecimiento más bajo en todas las condiciones. En cuanto al medio de cultivo, agar malta promovió el mayor crecimiento para la mayoría de los aislamientos, con PA52 y TB64B superando los 2,9 cm/día. En agar Czapek, PB72 fue el más eficiente (1,93 cm/día), mientras que en PDA se destacó TB72A (2,10 cm/día). B9R, nuevamente, presentó el crecimiento más limitado (0,24 cm/día en PDA). Además, se observaron diferencias morfológicas entre los aislamientos, como variaciones en el tiempo de esporulación, coloración de las colonias según el medio y presencia de anillos concéntricos. Los resultados obtenidos evidencian una marcada variabilidad fisiológica y morfológica entre los aislamientos evaluados, lo que permite identificar cepas con características diferentes. En particular, PA52 y TB64B mostraron alto potencial para ser desarrolladas como bioinsumos adaptados a condiciones de altas temperaturas y sistemas de producción locales. Esta caracterización constituye un paso inicial en la selección de agentes de biocontrol que serán posteriormente testeados en condiciones a campo, donde los aislamientos más prometedores serán considerados para el desarrollo de un bioinsumo.

BPE17**Impacto del compostaje y la solarización en la viabilidad de *Sclerotinia sclerotiorum* en rastros hortícolas infectados**

Guerra, S.C.¹; Comelli, R.N.²; Benzzo, M.T.³

¹INTA Coordinación Operativa Experimental. Ángel Gallardo, Santa Fe, Argentina.

²Grupo de Procesos Biológicos en Ingeniería Ambiental. FICH-UNL. Santa Fe, Argentina. CONICET.

³Grupo de Procesos Biológicos en Ingeniería Ambiental. FICH-UNL. Santa Fe, Argentina.

guerra.salome@inta.gob.ar

Las condiciones climáticas del cinturón verde santafesino, especialmente durante el otoño-invierno y primaveras con alta humedad favorecen la incidencia de *Sclerotinia* cultivos hortícolas. Este hongo necrotrófico y polífago provoca podredumbre blanca en diversos cultivos afectando principalmente lechuga y coles. Se han reportado más de 400 especies vegetales atacadas por *S. sclerotiorum*. Los esclerocios, estructuras resistentes que persisten viables en el suelo durante años, se incorporan campaña tras campaña mediante las labores agrícolas. El riego por surco (predominante en la zona) contribuye aún más a la dispersión del fitopatógeno en el suelo. Esta enfermedad representa un desafío ya que la rotación de cultivos y el uso de fitosanitarios no la previene. El presente trabajo evaluó la reducción de la viabilidad de los esclerocios en la biomasa de rastros hortícolas, mediante compostaje y solarización. Durante la campaña 2022-2023, se compostó 1 m³ de rastros con signos severos de podredumbre blanca y alta presencia de esclerocios. Se incluyeron 5 bolsitas de red (10-20 esclerocios/bolsita) en el interior de la pila. La temperatura promedio inicial fue de 57°C y el proceso total duró 117 días. Posteriormente, tres cuartas partes se sometió a solarización (enero-febrero 2023), previo riego a saturación y cobertura con nylon transparente. Se realizaron recuentos de hongos filamentosos (Recuento HyL/PDA; ISO 7954-1987) en el compost sin solarizar y solarizado. Los esclerocios (se procesaron 5/bolsita) se incubaron en cámara de plantas (18-20°C, HR:90% y 16/8 luz/oscuridad, durante 20 días en PDA) para evaluar su viabilidad pos tratamiento frente a esclerocios de *S. sclerotiorum* no tratados (aislamiento nativo de la zona). En las muestras (3) sujetas a compostaje, se identificaron aislamientos pertenecientes a los géneros *Penicillium*, *Aspergillus* y *Fusarium*, con un valor promedio de 10⁵ UFC/g de compost (HyL/PDA). En las muestras (3) de compost solarizado, el recuento disminuyó a 10² UFC/g, con aislamientos de *Alternaria*, *Fusarium*, *Aspergillus* y *Trichothecium*. En ninguna de las muestras (6) se aisló *Sclerotinia*. Por otra parte, los esclerocios no fueron viables (no se observó germinación en cámara de plantas) en comparación con los controles. Estos resultados confirman que el manejo integrado de los rastros hortícolas, mediante compostaje y solarización, no sólo reduce el inóculo infectivo de *Sclerotinia*, sino que disminuye el recuento de hongos fitopatógenos del suelo en sistemas agroecológicos de producción intensiva.

BPE18**Efecto de cepas microbianas sobre el crecimiento *in vitro* de Carbón de Maní**

Figuerola, A.C.¹; Diaz, M.S.¹; Soria, N.²; Badariotti, E.³; Beltramo, D.⁴; Alasino, R.V.^{1,4}

¹Biociencias, CEPROCOR. Córdoba, Argentina.

²Facultad de Ciencias de la Salud, UCC, Córdoba, Argentina.

³Facultad de Agronomía, UCC, Córdoba, Argentina.

⁴CONICET, Córdoba, Argentina.

anafigueroa05@yahoo.com.ar

El carbón del maní, causado por el hongo *Thecaphora frezzii*, es una de las enfermedades de mayor impacto en la producción de maní en Argentina. Córdoba concentra cerca del 70 % de la producción nacional. En lotes con alta incidencia, las pérdidas pueden llegar al 30 %, generando un fuerte impacto económico. Aunque se aplican fungicidas químicos, su eficiencia es variable. Actualmente hay cinco cultivares registrados con resistencia, pero su adopción no supera el 5 % del área sembrada. En este contexto se investigan alternativas de manejo como el uso de microorganismos con potencial de biocontrol. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto *in vitro* de cepas bacterianas aisladas de ginóforos y zapatitos de maní sobre el desarrollo de *T. frezzii*. Muestras de Las Tosquitas y Vicuña Mackenna se desinfectaron superficialmente 60 s en etanol 70 %, 4 min con hipoclorito de sodio al 1 %, y cuatro lavados con agua destilada estéril. Se homogenizaron en solución fisiológica y se sembraron diluciones seriadas en agar tripteína soya para el aislamiento de bacterias. Tras incubación a 28°C, se aislaron las distintas colonias por siembra en estría por agotamiento para obtener cultivos puros. En los ensayos de enfrentamiento dual, se colocó un disco del hongo (aislado de vainas carbonosas de General Deheza) en el centro de placas con agar papa dextrosa y se sembraron 10 µl de cada suspensión bacteriana a 2 cm en cruz. También se evaluaron los mecanismos de acción de las cepas que inhibieron más del 40 % del crecimiento fúngico. Para metabolitos solubles, se filtraron los cultivos bacterianos y se incorporaron al PDA al 10 % y 30 % v/v, colocando un disco de *T. frezzii* en el centro. Para compuestos volátiles, se sembraron las bacterias en TSA y el hongo en PDA; las placas se enfrentaron y sellaron con parafilm. Los controles consistieron en placas con el hongo sin bacterias ni filtrados. Todos los ensayos se realizaron por triplicado. Se midió el diámetro de la colonia fúngica cada 48 h y se calculó el % inhibición con respecto al control a los 14 días. Se analizaron los datos por ANAVA y test de Fischer ($p < 0,05$). Se obtuvieron 35 aislamientos bacterianos, 12 se evaluaron en ensayos de antagonismo dual, de los cuales cuatro inhibieron el crecimiento de *T. frezzii* en más del 50% e inhibieron completamente el desarrollo fúngico por compuestos volátiles. Tres de ellas también mostraron efecto por metabolitos solubles, dependiente de la concentración. Se aislaron cuatro cepas con actividad antifúngica frente a carbón del maní que producen metabolitos solubles y volátiles. Se prevé evaluar su efectividad en macetas.

BPE19

Potencial de *Paenibacillus* sp. (STE 5-3C₃₀) para el control biológico de *Ralstonia solanacearum* en condiciones de invernadero

Alvarado Ramirez, A.^{1,2,3*}; Centeno Toledo, F.M.¹; Di Salvo, L.P.^{1,2}; Groppa, M.D.^{2,4}; García de Salamone, I.E.¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. Departamento de Biología Aplicada y Alimentos. Cátedra de Microbiología Agrícola. Buenos Aires, Argentina; ²CONICET. Buenos Aires, Argentina; ³Universidad Nacional de Agricultura. Facultad de Ciencias Agrarias. Catacamas, Olancho, Honduras; ⁴Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Departamento de Química Biológica. Buenos Aires, Argentina.

aalvaradoramirez@agro.uba.ar

El tomate es un cultivo de gran relevancia, tanto para consumo en fresco como para la industria agroalimentaria. No obstante, su productividad se ve afectada por múltiples enfermedades, destacándose *R. solanacearum* (Rs), uno de los patógenos más agresivos. Las estrategias químicas aplicadas hasta el momento no han mostrado la eficacia esperada, lo que recalca la necesidad de alternativas sostenibles. En este sentido, se evaluó el potencial de un aislamiento del género *Paenibacillus* sp. (Pb) como agente de biocontrol para inhibir la incidencia de Rs en invernadero. Para los ensayos, semillas de tomate de la variedad Platense se sembraron en bandejas conturba como sustrato (semillero) y se regaron con agua. A los 30 días las plántulas se trasplantaron a maceteros con 350g de suelo. Se aplicó un diseño completamente aleatorizado con cinco repeticiones por tratamiento. Se establecieron cuatro tratamientos: T₁: testigo sin inoculación de Pb, T₂: testigo suelo contaminado con Rs, T₃: dos inoculaciones de Pb+suelo contaminado con Rs y T₄: una inoculación de Pb por inmersión+suelo contaminado con Rs. En T₃ se aplicaron dos inoculaciones en el semillero con suspensiones de $2,15 \times 10^6 \text{ UFC ml}^{-1}$ plántula⁻¹. La primera, 48 horas después de la emergencia y la segunda, 48 horas antes del trasplante. Para el tratamiento de inmersión (T₄) el sistema radicular se sumergió por 30 segundos en una suspensión con $2,25 \times 10^6 \text{ UFC. ml}^{-1}$, al momento previo del trasplante. Cada siete días, durante 30 días, se evaluó incidencia de la enfermedad, observando la aparición de sintomatología clásica de marchitez. Con los datos obtenidos se realizaron análisis de varianza no paramétrica con un 95 % de confianza con el programa Infostat. En T₃ no se observó incidencia de la enfermedad y en T₄ se observó una incidencia del 20 %. Estos dos tratamientos difirieron estadísticamente del T₁ en el que se observó la muerte de un 20 % de las plantas y del T₂ con una incidencia de la enfermedad del 100% y una severidad del 20 %. Teniendo como referencia estos resultados se puede concluir que la doble inoculación de *Paenibacillus* sp. mostró resultados sobresalientes, sin registrar incidencia ni síntomas de marchitez durante 30 días, destacándose como la opción más eficaz para el control de *R. solanacearum* en estas condiciones.

BPE20

Contribución de SYP123 a la inmunidad vegetal inducida por *Gluconacetobacter diazotrophicus* frente a *Ralstonia solanacearum* en *Arabidopsis*

Srebot, M.S.¹; Ferretti, M.D.¹; Bettucci, G.R.¹; Salvatiera, R.¹; Tomasini, B.¹; Rivero Márquez L.A.¹; Orellano, E.²; Martínez, M.L.¹; Rodríguez, M.V.¹

¹Área Biología Vegetal, Facultad de Cs. Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR-CONICET. Rosario, Santa Fe, Argentina.

²Área Biología Molecular, Facultad de Cs. Bioquímicas y Farmacéuticas, IBR-UNR-CONICET. Rosario, Santa Fe, Argentina.

mavirodrigu@gmail.com

Las bacterias endófitas promotoras del crecimiento vegetal constituyen una alternativa al biocontrol de plagas, a través de la inducción de resistencia sistémica (ISR, *Induced Systemic Response*). Estudios previos indican que proteínas de *Arabidopsis*, miembros de la familia de la syntaxinas, como SYP 123, están involucradas en la inmunidad vegetal. En el presente trabajo estudiamos la interacción de dos líneas de *Arabidopsis*, Col 0 y mutantes *syp123*, frente a la infección de *Ralstonia pseudosolanacearum* (Rpso) en presencia y ausencia de *Gluconoacetobacter diazotrophicus* (Gd). Para ello, se inocularon plantas con la cepa Pal 5 de la bacteria benéfica Gd (tratamiento G) o con agua estéril (tratamiento C). 14 días después, plantas de ambos tratamientos se inocularon con Rpso GMI1000 (tratamientos R y GR) o agua estéril (tratamientos C y G). A 1, 3, 6 y 12 días post inoculación (dpi) se registró el índice de enfermedad y a los 12 dpi se extrajeron individuos para realizar recuentos bacterianos en raíz y tinción de las hojas con DAB para detectar la acumulación de especies reactivas del oxígeno (ROS). Los recuentos de Rpso en raíces de plantas R fueron del mismo orden de magnitud para *syp123* que para Col0 [(2,78 ± 5,24) x 10⁶ CFU/g y (4,91 ± 5,27) x 10⁶ CFU/g, respectivamente]. En plantas GR los valores de recuento de Rpso disminuyeron para ambas líneas [Col0: (2,42 ± 2,15) x 10⁴ CFU/g; *Syp123*: (1,62 ± 2,15) x 10⁵ CFU/g], siendo más drástica la diferencia para Col0. Los índices de enfermedad (ID) se obtuvieron según el porcentaje de hojas marchitas con respecto a las hojas totales de las plantas. Los valores fueron mayores en Col0 R (ID_{Gd-Rpso+}: 0,85); mientras que disminuyeron en las Col0 GR (ID_{Gd+Rpso+}: 0,11). En las plantas *syp123* no se observaron diferencias entre estos tratamientos (ID_{Gd-Rpso+}: 0,20; ID_{Gd+Rpso+}: 0,21) mostrando deficiencias en la activación de la ISR por parte de Gd. Las plantas Col0 y *syp123* 12 dpi inoculadas sólo con Rpso acumularon altos niveles de peróxido (H₂O₂). La tinción con DAB reveló la presencia de H₂O₂ en las venas de las hojas y en las zonas con lesiones por desecación o clorosis. Las plantas Col0 GR no mostraron acumulación de H₂O₂, en cambio las *syp123* GR si, aunque en menor proporción que las *syp123* R. Los resultados indican que Gd no logra un biocontrol efectivo de Rpso en las plantas mutantes *syp123*, lo que sugiere que la proteína SYP123 participa en la ISR en este sistema planta-endófito-patógeno.

BPE21**Antagonismo de aislados regionales de *Trichoderma* seleccionados frente a patógenos de importancia en frutales de NorPatagonia**Cade, S.^{2,3}; Basso, C.N.^{1,2}; Vertua, S.²; Sosa, M.C.^{1,2}¹ IBAC, CITAAC (UNCo – CONICET). Cinco Saltos, Río Negro, Argentina.² Facultad de Ciencias Agrarias, UNCo. Cinco Saltos, Río Negro, Argentina.³ Beca EVC CIN.

Los canchros y muerte regresiva por complejos fúngicos y las podredumbres radicales causadas por patógenos habitantes del suelo afectan manzanos, perales y cerezos en NorPatagonia. Estas enfermedades de fácil diseminación presentan un deficiente control químico, y en ellas el uso de biofungicidas a base de *Trichoderma* representa una estrategia de control durable con bajo impacto ambiental y alineada con principios de sostenibilidad. En estudios previos se obtuvieron desde la rizosfera de peral aislados de *Trichoderma* regionales que se seleccionaron por sus atributos funcionales y actividad biocontroladora frente a *Phytophthora* patogénica en peral. En este estudio, el objetivo fue explorar la capacidad antagónica de tres aislados seleccionados de *Trichoderma harzianum* T1330, T1367 y T1371 frente a patógenos que afectan raíces y madera de frutales. Se utilizaron aislados de patógenos *Rosellinia necatrix* (n=2) y *Phytophthora cactorum* (n=1) que causan podredumbres y muerte de raíces y de *Valsa* sp. (n=2) y *Diplodia seriata* (n=1) que causan canchros y muerte regresiva de plantas. Todos los aislados se obtuvieron del cepario de Fitopatología, IBAC, los que se repicaron en agar papa dextrosa (APD) a 20 °C. Mediante la técnica de cultivos duales se evaluaron todas las combinaciones de *Trichoderma* frente a los 6 patógenos. Discos de 3mm tanto del antagonista como del patógeno se sembraron equidistantes del borde de la placa en APD. Se utilizó como control a discos del patógeno solo. Se realizaron 3 repeticiones por tratamiento en un diseño completamente aleatorizado. Las placas se incubaron en oscuridad a 20°C durante 5d. El diámetro de la colonia de patógeno se midió con regla en cada tratamiento y repetición y se calculó el porcentaje de inhibición como $DC - DT / DC * 100$, donde DC: diámetro de colonia control y DT: diámetro de colonia del tratamiento. El análisis estadístico se realizó con R versión 4.4.3 (R Core Team, 2025) aplicando un modelo lineal para evaluar los efectos de cepas e interacción con patógenos, y agrupación y caracterización con un Análisis de Componentes Principales (ACP). Los patógenos que presentaron mayor inhibición ante la acción antagónica de *Trichoderma* fueron los 2 aislados de *R. necatrix* con alrededor de 72% de inhibición. Los porcentajes de inhibición para los demás patógenos *P. cactorum*, *D. seriata* y *Valsa* sp. fueron de alrededor del 50%. El aislado de *T. harzianum* 1367 presentó los mayores porcentajes de inhibición ($\approx 75\%$) y se diferenció significativamente de 1330 y 1371. Los altos porcentajes de control obtenidos con estos aislados de *T. harzianum* regionales -obtenidos de rizosfera de peral - frente a *R. necatrix* resultan promisorios, considerando que se trata de un patógeno del suelo altamente destructivo que afecta cultivos frutales en la región. Los estudios con estos aislados y su interacción con este patosistema continúan en curso.

BPE22**Antagonismo de dos especies de *Trichoderma* frente a *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* como una alternativa biotecnológica para el control de Tuberculosis en olivo (*Olea europaea* L.)**

Quintero, S.Y.¹; Tolocka, P.A.²; Haelterman, R.M.²; Barros, J.³; Miranda, V.³

¹AER INTA POMAN. Pomán, Catamarca, Argentina.

²IPAVE INTA; UFYMA INTA-CONICET. Córdoba Capital, Córdoba, Argentina

³CRILAR- CONICET. Anillaco, Capital, La Rioja, Argentina.

quinteros.sara@inta.gob.ar

La enfermedad denominada tuberculosis, roña o agalla es causada por la bacteria *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* que afecta severamente al cultivo de olivo, principalmente en las regiones olivícolas de Chilecito y Capital, en La Rioja. La sintomatología predominante son agallas en troncos, ramas, brotes y en menor medida en hojas, raíces y frutos de las plantas infectadas. El control biológico mediante microorganismos antagónicos como aislados del género *Trichoderma* tiene un gran potencial para el manejo de diversos patógenos. El objetivo de esta investigación fue evaluar el antagonismo *in vitro* de dos especies autóctonas *T. longibrachiatum* (T1) y *T. virens* (T5) contra cepas de *P. savastanoi* pv. *savastanoi*. Las cepas de *Trichodermas* fueron aisladas de suelos de fincas de olivos, e identificadas con pruebas bioquímicas y moleculares. La actividad antagónica y su capacidad de micoparasitismo fueron determinadas contra cepas de tuberculosis utilizando la técnica de cultivo dual. Se realizaron tratamientos con T1 y T5 contra diez aislamientos de la bacteria procedente de diferentes cultivares de olivo, previamente confirmadas por PCR. En términos generales, ambas cepas de *Trichodermas* inhibieron al patógeno, pero en diferentes grados de acuerdo al aislado del patógeno evaluado. El porcentaje de inhibición del crecimiento (PIC) estuvo en un rango entre 17-71% para la cepa T1, mientras que para T5 estuvo entre 28-69%, mostrando diferencias significativas entre las 10 cepas. Respecto al porcentaje de micoparasitismo (PM) también fue variable, para la T1 fue entre 6-59%, observando este efecto en 9 de las 10 cepas patógenas evaluadas. En cambio, para la T5 el PM fue menor, entre 7 y 21%, detectándose este efecto en 4 de las cepas estudiadas. El alto valor de PIC indica que ambas cepas tienen acción inhibitoria, pero la T5 ejerció una capacidad micoparasítica superior contra la mayoría de los aislados evaluados. Podemos concluir que ambas especies de *Trichodermas* tuvieron una acción inhibitoria *in vitro* frente a *P. savastanoi* pv. *savastanoi*. En Argentina, son limitados los estudios de antagonismo con este patógeno, por lo que esto representa un antecedente de importancia como control biológico.

BPE23**Efecto inhibitorio de metabolitos bacterianos de *Bacillus* sp. (SRS24C3) sobre *Ralstonia solanacearum***

Centeno Toledo, F.M.^{1;2}; Alvarado Ramírez, A.^{1;3;5}; Di Salvo, L.P.^{1;3}; Iannone, M.F.^{3;4}; García de Salamone, I.E.¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. Departamento de Biología Aplicada y Alimentos. Cátedra de Microbiología Agrícola. CABA. Argentina; ²FONCYT; ³CONICET; ⁴Universidad de Buenos Aires. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Cátedra de Química Biológica Vegetal. CABA. Argentina. ⁵Universidad Nacional de Agricultura (UNAG), Facultad de Ciencias Agrarias. Honduras.

fctoledo@agro.uba.ar

La marchitez bacteriana es una enfermedad de alto impacto en cultivos hortícolas, particularmente en solanáceas como el tomate, caracterizada por su rápida progresión y difícil manejo. Su agente causal, *Ralstonia solanacearum* (Rs), es un patógeno vascular que representa un importante desafío para la producción sustentable, dado que las estrategias convencionales, tanto químicas como culturales, suelen ser insuficientes. En este contexto, el uso de metabolitos microbianos con potencial biocontrolador emerge como una alternativa promisorio. En este trabajo se evaluó el efecto inhibitorio de metabolitos extracelulares producidos por el aislamiento SRS24C3 sobre el crecimiento de Rs. Dicho aislamiento fue obtenido a partir de la rizosfera de tomate en la franja hortícola de Buenos Aires y caracterizado como *Bacillus* sp. mediante secuenciación del gen 16S rRNA. Para su evaluación, cultivos celulares de Rs fueron expuestos a distintas concentraciones del sobrenadante de SRS24C3 (0% (control), 33%, 66% y 99%) y se monitoreó su crecimiento durante 96 h mediante espectrofotometría. Además, a las 72 h se realizaron recuentos en placa para el tratamiento al 99% y el control. Los datos espectrofotométricos fueron analizados mediante ANOVA de medidas repetidas, utilizando el paquete ez de R. El monitoreo permitió identificar diferencias en la dinámica de crecimiento de Rs según la concentración de metabolitos. El tratamiento con 99% de sobrenadante evidenció una inhibición significativa desde las 4 h, mientras que el de 66% mostró efecto a partir de las 8 h. El tratamiento con 33% presentó diferencias estadísticas en momentos puntuales, como a las 8 h y 96 h, en comparación con el control. Los recuentos en placa a las 72 h confirmaron una reducción del 23% en la viabilidad bacteriana en el tratamiento con sobrenadante al 99% respecto del control, lo que sugiere un posible efecto bacteriostático. Se observó una relación dosis-dependiente, con efectos más marcados a mayor concentración, y resultados consistentes entre réplicas. En conjunto, los metabolitos de SRS24C3 (*Bacillus* sp.) demostraron una acción temprana, sostenida y proporcional a la dosis, respaldando su promisorio potencial como agente biocontrolador frente a Rs y su aplicabilidad en estrategias de manejo sustentable para cultivos hortícolas como el tomate.

BPE24**Potencial de *Bacillus* sp. LRS14C1 como bioinsumo para el manejo de *Ralstonia solanacearum* en cultivos comerciales de tomate**

Centeno Toledo, F.M.^{1;2}; Alvarado Ramírez, A.^{1;3}; Di Salvo, L.P.^{1;3}; Iannone, M.F.^{3;4}; García de Salamone, I.E.¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. Cátedra de Microbiología Agrícola; ²FONCYT; ³CONICET; ⁴Instituto de Química y Fisicoquímica Biológicas (IQUIFIB), Universidad de Buenos Aires. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Cátedra de Química Biológica Vegetal. Argentina.

fctoledo@agro.uba.ar

Ralstonia solanacearum (Rs) es considerado uno de los fitopatógenos más destructivos en la producción de tomate, causando marchitez bacteriana y generando importantes pérdidas económicas. Las estrategias de control, predominantemente químicas, presentan serias limitaciones debido al desarrollo de resistencia bacteriana, su impacto negativo sobre el ambiente y las restricciones normativas en sistemas de producción orgánica. En este contexto, se evaluó en condiciones de laboratorio el potencial biocontrolador del aislamiento rizosférico LRS14C1, obtenido de plantas de tomate en la Cuenca Hortícola de Buenos Aires y caracterizado como *Bacillus* sp. mediante secuenciación del gen 16S rRNA. Para ello, se sembraron tubos de 30×300 mm con 45 mL de agar Hoagland al 0,8%, cada uno con una semilla de las variedades comerciales Alamina RZ, Sanramon RZ o Giacomo RZ. Los tratamientos, realizados por triplicado, consistieron en la aplicación de LRS14C1 (1 mL; $2,2 \times 10^6$ UFC/mL), Rs (1 mL; 3×10^5 UFC/mL) y la co-inoculación LRS14C1+Rs (1 mL de cada suspensión), además de controles sin bacterias: control absoluto (CA) y control con caldo de cultivo (CC). La inoculación con Rs se efectuó en estadio de post-apertura cotiledonar y se evaluaron, cada tres días las siguientes variables: número de raíces laterales (NRL), días hasta la emisión de la primera hoja verdadera (DEHV) e incidencia de Rs determinada por la manifestación de síntomas típicos. Los resultados, analizados mediante análisis de varianza y pruebas de Kruskal-Wallis ($p \leq 0,05$), mostraron que la co-inoculación con LRS14C1 inhibió completamente el desarrollo de Rs en Sanramon RZ y Giacomo RZ (incidencia = 0,00), mientras que en Alamina RZ se observó una reducción significativa respecto al tratamiento Rs (incidencia = 0,20). Por otro lado, no se observaron diferencias entre LRS14C1 y el CA en las variables NRL y DEHV para los tres cultivares, lo que sugiere la inocuidad del biocontrolador sobre el desarrollo vegetal. Sin embargo, en los tratamientos de co-inoculación LRS14C1+Rs se registraron respuestas varietales específicas: Giacomo RZ y Alamina RZ presentaron un incremento en el NRL respecto al CA, y esta última además exhibió una reducción significativa en los DEHV. Estos resultados sugieren que el aislamiento LRS14C1 identificado como *Bacillus* sp. exhibe un promisorio efecto biocontrolador contra Rs sin perjudicar el desarrollo vegetal.

BPE25**Antagonismo in vitro de tres aislados de *Trichoderma* sobre *Stenocarpella maydis***Monasterio Díaz, N.C.¹; Gutiérrez, S.A.¹; Balbi, C.N.²¹ Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes. Argentina² UNCAUS. Sáenz Peña. Chaco. Argentinacnbalbi@agr.unne.edu.ar

El maíz (*Zea mays* L.) es un cultivo de importancia económica en Argentina, es utilizado como forraje en su mayoría y como grano para el consumo humano. A lo largo del ciclo es afectado por diversas enfermedades fúngicas, causando pérdidas que inciden en el rendimiento de cosecha y la calidad del grano. Durante el año 23/24 se determinó la presencia del hongo *Stenocarpella maydis* en cultivos de Chaco y Corrientes, causando síntomas en hojas, tallos y espigas; también fue detectado en rastros del cultivo. El hongo causa enfermedad neurotóxica en animales (diplodiosis), generando preocupación en la región dado que la mayor parte de la producción de maíz se destina a la ganadería. A tal fin, luego de haberla aislado y caracterizado, se iniciaron evaluaciones de biocontrol de *S. maydis* utilizando tres cepas nativas de *Trichoderma* (2 spp. procedentes de silo y rastrojo de maíz-Ts y Tr, y *T. virens*-Tv, de suelo de arroz). Mediante cultivos duales in vitro se determinó el porcentaje de inhibición del crecimiento (PIC); luego se evaluó el micoparasitismo del antagonismo. Los microorganismos se sembraron en caja de Petri con una solución de APG al 1.5% y agar de avena al 3% a pH 6. Los tres aislados de *Trichoderma* mostraron actividad antagónica sobre *S. maydis*, con valores de inhibición micelial de 75,8% para Ts, 73,7% para Tr y 63,4% para Tv; asimismo se clasificaron en la clase 1 de la escala de Bell *et al.* (1982), superando la colonización del patógeno. Los tres aislados de *Trichodermas* resultaron ser potenciales antagonistas del patógeno. Sin embargo, Ts y Tr, lograron contacto hifal a las 48 hs, mientras en Tv fue de 72 hs. Respecto al mecanismo de acción, se observó vacuolización y lisis; Ts logró atravesar la pared hifal del patógeno, mientras Tr causó enrollamiento de la hifa. Estos resultados preliminares indican que el biocontrol con *Trichoderma* podría ser una alternativa de aplicación en el campo disminuyendo focos de propagación y también posibles infecciones al ganado bovino.

BPE26

Evaluación de la respuesta de tabaco a la inoculación de *Trichoderma afroharzianum* Th15 a campo

Saravia, E.J.M.¹; García, V.A.¹; Parra Bergagna, N.¹; Schej, C.M.¹; Delgado, A.S.^{1,2}; Harries, E.^{1,2,3,4}

¹ UNSA Facultad de Ciencias Naturales. Salta Capital, Argentina.

² CONICET. Salta Capital, Argentina.

³ INTA EEA Cerrillos, Salta, Argentina.

⁴ UNSA Sede Regional Sur Metán - Rosario de la Frontera, Salta, Argentina.

anadaiod@gmail.com

El tabaco es uno de los cultivos más importantes en la región del NOA, contribuyendo con el 60,8% del total de la producción nacional. El monocultivo y deterioro de los suelos tabacaleros favorece el desarrollo de enfermedades radicales que ocasionan pérdidas en los rendimientos. El amarillamiento es una patología causada por un complejo de microorganismos de suelo, principalmente *Rhizoctonia solani* y *Fusarium oxysporum*. En estudios previos, se seleccionó la cepa Th15 de *Trichoderma afroharzianum* por su capacidad de biocontrol frente a estos patógenos bajo condiciones de laboratorio e invernadero. En el presente trabajo se evaluó la respuesta del tabaco frente a la inoculación de *T. afroharzianum* en ensayos a campo realizados en Rosario de Lerma, Salta. Se planteó un DBCA con 2 tratamientos (testigo e inoculado) en 3 bloques en microparcels de 4 líneas de 10 m de largo cada una. La inoculación de *T. afroharzianum* Th15 (1×10^8 conidios/mL) se realizó en drench a los 18 días post trasplante. Al final (99 días post trasplante), se midió altura de planta, número de hojas/planta y la incidencia de marchitamiento sobre 20 plantas de las líneas centrales por repetición. Se realizó la cosecha de las hojas maduras de 10 plantas al azar por repetición y se registró su peso fresco y seco. Además, se registró el peso fresco de las raíces de 5 plantas por repetición y se analizó el porcentaje de colonización de las raíces por hongos de suelo en medio APG. Las hojas cosechadas se secaron en estufa bulk-curing. Se realizó ANOVA y test de Tukey para la comparación de medias. No se observaron diferencias significativas entre los tratamientos para las variables de crecimiento analizadas: peso fresco de hojas y raíces, peso seco de hojas, altura de plantas y número de hojas/planta. Los valores medios de peso fresco de raíces y hojas superaron levemente al testigo. No se encontraron diferencias significativas en la incidencia por marchitamiento a campo, registrándose los siguientes valores promedios: 22% para el testigo y 10% para el inoculado con *T. afroharzianum* Th15. Hubo una reducción en los porcentajes de raíces colonizadas con *Fusarium* spp. Se puede concluir que *T. afroharzianum* Th15 es una alternativa promisorio para el manejo integrado del amarillamiento de tabaco. Se requiere la realización de nuevos ensayos para optimizar su la cantidad y dosis de aplicación.

BPE27

***Trichoderma longibrachiatum* aislado de dos sistemas productivos de cultivo Tomate**Delgado, A.^{1,2}; Alarcón, S.^{2,3}; González, F.⁴; Plaza, S.⁴; Harries, E.^{1,2,3,4}¹CONICET.Salta Capital, Argentina.²UNSA Facultad de Ciencias Naturales. Salta Capital, Argentina.³UNSA Sede Regional Sur Metan - Rosario de la Frontera, Salta, Argentina.⁴INTA EEA Cerrillos, Salta, Argentina.anadaiod@gmail.com

Trichoderma es un género de hongo mundialmente utilizado por su rol como biocontrolador. Además, se le reconocen beneficios como promotor del crecimiento vegetal. Aunque existen en el mercado formulaciones comerciales con este hongo, es necesario profundizar en su presencia natural en sistemas productivos. Salta posee zonas hortícolas de relevancia comercial, destacándose el cultivo de tomate. En años recientes se han implementado nuevas modalidades de producción, como hidroponía. El objetivo de este estudio fue identificar *Trichoderma* spp. presentes en suelos cultivados con tomate (ST) y en un sistema hidropónico (SH) con sustrato de cáscara de arroz y arena, empleando macetas de 15 litros. Se recolectaron muestras en ambos invernaderos (0,16 ha), siguiendo un patrón en "W" para el ST, combinando diez submuestras para obtener una muestra compuesta. En el SH, se tomó una submuestra al azar por maceta, replicando la metodología. Además, se muestreó una cortina de bosque adyacente como referencia. Se hizo el recuento de hongos totales en medio agar papa glucosado (APG). Se aislaron cepas de *Trichoderma* spp. e identificaron preliminarmente por microscopía. Posteriormente, los aislados se cultivaron en caldo de papa y sacarosa bajo agitación, y se extrajo ADN fúngico con el protocolo SDS-CTAB. Se amplificó el factor de elongación (*tef*) con el par de cebadores específicos (EF728M/tef1R). Los productos amplificados y confirmados por electroforesis se secuenciaron en el Instituto de Biotecnología-IABIMO (CICVyA, INTA-CONICET). Las secuencias se editaron y alinearon con el programa DNAMAN. La búsqueda de homología de secuencias se realizó por el programa BLASTn y el análisis filogenético con MEGA11. No hubo diferencias significativas en los recuentos de hongos totales. Se obtuvieron los mayores valores para cortina y ST (1.3×10^4 UFC/g), mientras que para SH fue de 6×10^3 UFC/g. Se aislaron seis cepas con características compatibles con *Trichoderma* spp.: T8CR (de cortina de bosque), THA y THAV (de SH), y T3, T5 y T8CV (de ST). El análisis de las secuencias obtenidas del gen *tef* (aproximadamente de 596 - 622 pb) para las seis cepas confirmó su misma identidad como *T. longibrachiatum* con una homología del 99–100 %. Finalmente, se construyó un árbol filogenético que permitió corroborar su identificación molecular.

BPE28**Levaduras nativas como agentes de biocontrol de *Botrytis cinerea*, causante de podredumbre gris en lechuga (*Lactuca sativa* L.)**Riveros, R.¹; Yafar, Y.^{1,2}; Pesce, V.^{1,2}; Pedrozo, P.¹; Lladó, C.^{1,2}; Nally, M.C.^{1,2}¹Instituto de Biotecnología, Facultad de Ingeniería, UNSJ. San Juan, Argentina.²CONICET.yasminyafar@gmail.com

La podredumbre gris, causada por *Botrytis cinerea*, es una de las enfermedades que afectan el cultivo de la lechuga (*L. sativa* L.). El manejo fitosanitario se basa en aplicaciones de fungicidas químicos. Sin embargo, su uso prolongado afecta negativamente la salud humana, ambiental y ha favorecido la selección de cepas resistentes. El empleo de levaduras nativas como agentes de biocontrol se presenta como una alternativa sustentable para mitigar esta enfermedad y promover el crecimiento vegetal. El objetivo de esta investigación fue evaluar el efecto de levaduras nativas sobre la podredumbre gris en plántulas de lechuga. Se evaluaron tres levaduras nativas aisladas de hojas de lechuga (*Candida railensis* BL42 y *Cryptococcus friedmannii* BL51 y BL54) frente a *B. cinerea* BFR1. Los microorganismos pertenecen al cepario del IBT-FI-UNSJ. El ensayo *in vivo* se realizó en macetas plásticas de 180 mL con sustrato (turba : perlita, 3:1), sembrando una semilla de lechuga por maceta. Las semillas se inocularon puntualmente con 250 μ L de una suspensión de levaduras (5×10^6 células/mL). A las 24 h se aplicaron 250 μ L de una suspensión de *B. cinerea* ($2,5 \times 10^5$ conidios/mL). Como control se utilizaron semillas inoculadas sólo con el patógeno, y semillas inoculadas con agua destilada estéril. Las semillas se incubaron durante 30 días a 25 °C, con fotoperíodo de 12 h luz/12 h oscuridad. Se sembraron 6 semillas por tratamiento, por triplicado. Se determinó para cada plántula emergente: % de severidad de la pudrición (n° de hojas enfermas/ n° de hojas totales*100), largo, peso fresco y peso seco, tanto de la parte aérea como radicular. Los resultados se analizaron mediante ANOVA, y la comparación de medias se realizó con el test de Tukey ($p < 0.05$). *C. railensis* BL42 disminuyó significativamente, 15,78%, la severidad de pudrición gris en plántulas de lechuga ($p < 0,05$). Además, esta levadura, en presencia del patógeno, incrementó los siguientes parámetros vegetativos de las plántulas, en comparación con el control inoculado sólo con *B. cinerea*: peso fresco de la parte aérea (101,09%), peso fresco radicular (57,67%), peso seco de la parte aérea (153,65%) y peso seco radicular (54,88%) ($p < 0,05$). Las levaduras *C. friedmannii* BL51 y BL54 no redujeron significativamente la severidad y no incrementaron parámetros vegetativos de las plántulas. La levadura *C. railensis* BL42 presenta potencial como agente de biocontrol de la podredumbre gris en plántulas de lechuga, ya que disminuyó la severidad de la enfermedad causada por *B. cinerea* y, además, aumentó parámetros vegetativos de la parte aérea y radicular de plántulas inoculadas con esta levadura, en presencia del patógeno.

BPE29

Efecto del volumen de fermentación sobre la dinámica de interacción entre *Wickerhamomyces anomalus* y *Saccharomyces cerevisiae*: ajuste paramétrico multiescala de un modelo dinámico

Lladó, C.M.^{1,3}; Pedrozo, L.P.^{1,2}; Ocampo, E.Y.⁴; Vazquez, F.^{1,2}, Kuchen, B.^{1,3}

¹Universidad Nacional de San Juan, Facultad de Ingeniería, Instituto de Biotecnología, San Juan, Argentina.

²Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de San Juan, San Juan, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científica y Técnicas (CONICET), Argentina.

⁴Instituto Nacional de Tecnología Industrial (INTI), San Juan, Argentina.

cecillado239@gmail.com

El uso de levaduras no-*Saccharomyces* como agentes de biocontrol en fermentaciones vínicas representa una estrategia prometedora para reducir el uso de anhídrido sulfuroso y modular el perfil microbiológico del vino. *Wickerhamomyces anomalus*, en particular, ha demostrado capacidad inhibitoria frente a levaduras contaminantes de fermentaciones. No obstante, la eficacia del biocontrol depende de factores fisicoquímicos como pH, sin embargo no se ha evaluado la influencia del volumen del fermentador, especialmente en condiciones sin agitación. En este trabajo se evaluó el impacto del volumen del fermentador sobre la interacción entre *W. anomalus* y *S. cerevisiae* mediante la co-inoculación secuencial en tres escalas: 250 mL (n=7), 5 L (n=2) y 35 L (n=2), utilizando mosto de *Vitis vinifera* cv. Sauvignon Blanc. Las cinéticas de abundancia poblacional fueron ajustadas a un modelo dinámico basado en ecuaciones diferenciales ordinarias que incorpora el crecimiento logístico de ambas especies y un término de inhibición asimétrica expresado como α_{sc} (%). Los parámetros ajustados revelaron que la velocidad específica de *S. cerevisiae* (μ_{sc}) disminuyó con el aumento de escala, mientras que la de *W. anomalus* (μ_{wa}) se incrementó, alcanzando 0,200 h⁻¹ en 35 L. El efecto competitivo de *S. cerevisiae* sobre *W. anomalus* (α_{sc}) mostró un valor máximo del 186 % en 5 L, pero se redujo al 61 % en 35 L, indicando una menor presión inhibitoria en volúmenes mayores. Las capacidades de carga estimadas se mantuvieron estables, con leves fluctuaciones atribuibles a gradientes ambientales. Estos resultados sugieren que el escalado del sistema sin agitación favorece la persistencia de la levadura biocontroladora, y que el ajuste paramétrico en diferentes volúmenes permite anticipar su desempeño en condiciones enológicas mas realistas. Es necesaria la creación de submodelos que permitan predecir el cambio de escala.

BPE30

Consorcio de *Bacillus* como agente de biocontrol contra hongos fitopatógenos en el cultivo de soja

Costanzo, M.E.¹, Escalante, M.¹; Moyano, P.¹; Gonzalez Anta, G.^{1;2}

¹Indrasa Biotecnología SA. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

²UNNOBA. Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

gustavoanta@indrasa.com

El control deficiente de hongos fitopatógenos en soja es una de las principales causas de pérdida de rendimiento. Las enfermedades de fin de ciclo (EFC) se destacan por su prevalencia, incidencia y severidad, principalmente la mancha marrón (*Septoria glycines*), el tizón de la hoja y mancha púrpura de la semilla (*Cercospora kikuchii*, *Cercospora* spp.) Aunque los pesticidas sintéticos siguen siendo los más utilizados, su impacto negativo en la salud y el ambiente ha impulsado la búsqueda de alternativas más sostenibles. El género *Bacillus* se destaca como agente de biocontrol por su capacidad de colonizar la rizósfera, esporular y sintetizar metabolitos antimicrobianos, lo que permite desarrollar bioinsumos eficaces y estables. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad biocontroladora de un consorcio de *Bacillus* frente a hongos fitopatógenos asociados a EFC en el cultivo de soja, como alternativa biológica al uso de fungicidas químicos. Se realizaron ensayos de antagonismo *in vitro* utilizando las cepas individuales IN5003 (*Bacillus amyloliquefaciens*) e IN5004 (*Bacillus subtilis*) frente a *C. soja*, *C. kikuchii* y *S. glycines*. Como control positivo se utilizó la cepa identificada como ARP (*B. amyloliquefaciens*). Para ello, se colocó un taco de micelio en el centro de la placa con agar papa dextrosa, se incubaron 48 h a 25 °C. Luego, se sembraron las cepas de forma equidistante al hongo y se incubaron 4-7 días. El porcentaje de inhibición se calculó comparando el crecimiento radial de cada cepa frente a la cepa control. Asimismo, se extrajeron los lipopéptidos cíclicos (LPCs) producidos por cada cepa, mediante precipitación ácida y resuspensión en metanol (50X) y aplicados en ensayos de difusión en discos de papel. Los ensayos a campo se realizaron en Santa Fe (Argentina), en estado fenológico R3, evaluando tres tratamientos foliares: testigo, consorcio de *Bacillus* (IN5003 + IN5004) y fungicida químico. Se evaluó el área afectada por *S. glycines*, severidad por *C. kikuchii* y el impacto en el rendimiento. Los resultados mostraron que ambas cepas presentan actividad antifúngica contra los fitopatógenos ensayados. Se observó un efecto inhibitorio de los LPCs de ambas cepas sobre el crecimiento de *C. soja* y *S. glycines*. Para *C. kikuchii* no resultó tan evidente que la inhibición observada sea ocasionada por la fracción de LPCs. En los ensayos a campo, se evidenció que el consorcio de *Bacillus* mejoró el rendimiento un 25% (662 kg/ha) y redujo los síntomas de *S. glycines* en un 27%, así como los de *C. kikuchii* en un 23,5%. Se concluye que el consorcio de *Bacillus* tiene alto potencial como biofungicida y representa una alternativa sustentable al uso de fungicidas químicos.

BPE31

Evaluación de residuos urbanos para la generación de un producto biofertilizante y biopesticida utilizando fermentación en estado sólido

Giardini, C.¹ ; Mutti, P.¹; Tubio, G.^{1,2}; Boggione, M.J.^{1,2}

¹ Laboratorio de Investigación y Desarrollos Biotecnológicos (LIDEB), Facultad de Cs. Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR, Rosario, Santa Fe, Argentina.

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

paulamutti@yahoo.com.ar

Los biopesticidas son producidos por organismos de manera natural y el interés es utilizarlos como alternativa a los pesticidas químicos tradicionales. Se espera que el producto obtenido presente también potencial biofertilizante. El objetivo general del proyecto fue la utilización de residuos urbanos para la obtención de biopesticidas mediante la acción de hongos por fermentación en estado sólido (FES) y los objetivos particulares fueron evaluar la propiedad biofertilizante de 5 productos de FES y evaluar efecto biopesticida sobre *Drosophila melanogaster*. Se evaluaron 5 productos obtenidos a partir de FES: Biomasa 1, correspondiente a *Aspergillus niger* cultivado sobre afrechillo de trigo; Biomasa 2, *A. niger* sobre cáscara de soja; Biomasa 3, *Trichoderma harzianum* sobre afrechillo de trigo; Biomasa 4, *T. harzianum* sobre cáscara de soja; y Biomasa 5, *Beauveria bassiana* cultivada sobre bagazo de cerveza. Las biomásas se mezclaron con agua destilada (10:1) durante 30 min a temperatura ambiente. La suspensión se filtró en vacío usando un filtro de 0,45 µm. Se colocaron 10 semillas de rábano en una placa de Petri donde se añadieron 10 mL de la suspensión. Se realizó un control añadiendo 10 mL de agua destilada. Las placas de Petri se dejaron a temperatura ambiente (22° C) durante siete días. Después del período de germinación se midió la longitud de la raíz. De los resultados obtenidos se observó que las semillas de rabanito tuvieron un mayor índice de germinación cuando fueron suspendidas con medio de cultivo de *B. bassiana* utilizando como sustrato bagazo de cerveza. Se realizó un ensayo biopesticida, *D. melanogaster* fue propagada durante 18 días. El medio de cultivo utilizado para *D. melanogaster* se preparó con 0,25 L de agua destilada, 2 g de agar agar, 7,5 g de azúcar común, 8,75 g de glucosa, 7,5 g de levadura, 17,5 g de harina de maíz y 3,2 mL de mezcla ácida. Se repicaron las moscas y se dejaron crecer en el medio. *B. bassiana* fue propagada en medio Czapek durante 11 días a 25 °C. *D. melanogaster* luego de ser propagada fue transvasada al medio Czapek con *B. bassiana*. Se observó un efecto repelente sobre las mismas. En el instante se observaron pocas *D. melanogaster* muertas. Los resultados obtenidos establecen fundamentos sólidos para avanzar en el desarrollo de un biopesticida innovador basado en la combinación sinérgica de bagazo de cerveza como sustrato nutricional y *B. bassiana* como agente de control biológico.

BPE32**Caracterización molecular de un baculovirus aislado de *Dione vanillae* (Lepidoptera: Nymphalidae) en plantas de *Passiflora edulis* en Buenos Aires, Argentina**

Decker-Franco, C.¹; Corach, A.¹; Blanzaco, T.²; Arneodo, J.D.^{1,3}

¹Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA) - Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

²Estudiante de Ingeniería en Agrobiotecnología, Universidad Nacional de San Martín (UNSAM). San Martín, Buenos Aires, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

decker.cecilia@inta.gob.ar

Se reporta la detección y caracterización de un aislamiento de nucleopoliedrovirus (NPV) en orugas de la mariposa "espejito" (*Dione vanillae*) halladas sobre plantas de maracuyá (*Passiflora edulis*) en la Ciudad de Buenos Aires, las cuales presentaban síntomas compatibles con infección por baculovirus (larvas colgando de sus espuripedios y licuefacción de tejidos). Estos virus entomopatógenos, generalmente de alta especificidad, infectan principalmente insectos del orden Lepidoptera y representan herramientas valiosas para el control biológico de plagas agrícolas. Con el objetivo de confirmar la etiología viral, se realizaron análisis microscópicos y moleculares. Para multiplicar el virus, se maceraron los cadáveres de dos larvas sintomáticas y se contaminaron superficialmente hojas de *Passiflora* sp. sobre las que se colocaron individualmente 10 larvas fenotípicamente sanas de *D. vanillae* colectadas en el predio de INTA en Hurlingham, Buenos Aires. Todas las larvas inoculadas desarrollaron síntomas de infección baculoviral y murieron al cabo de 5-7 días. A partir de ellas, el virus fue purificado mediante filtrado con gasa y centrifugaciones diferenciales. A nivel microscópico, se observaron cuerpos de oclusión de forma poliédrica, característicos de baculovirus. Se extrajo el ADN de los cuerpos de oclusión y se amplificaron mediante PCR fragmentos parciales de los genes de la poliedrina y de los factores de expresión tardíos 8 y 9, utilizando cebadores degenerados universales para baculovirus. Se obtuvieron productos de los tamaños esperados: 541, 703 y 263 pb respectivamente, excluyendo cebadores, los cuales fueron secuenciados (números de acceso en GenBank: PV806324, PV806325 y PV806326). Las reacciones de amplificación y secuenciación se realizaron por triplicado. El aislamiento fue identificado como una variante de *Dione junio* nucleopolyhedrovirus (DijuNPV), presentando alta identidad nucleotídica respecto de otros aislamientos de este virus, previamente caracterizados en Argentina y Brasil. Desde un enfoque ecológico y aplicado, DijuNPV se perfila como un agente prometedor para el desarrollo de estrategias de control biológico específico, contribuyendo a la reducción del uso de insecticidas y la preservación de organismos no objetivo. Este hallazgo amplía el conocimiento sobre la diversidad genética de DijuNPV en América del Sur y constituye la base para futuras investigaciones sobre su eficacia entomopatógena y seguridad ambiental.

BPE33**Evaluación de *Pseudomonas* autóctonas para el biocontrol de *Phytophthora capsici* en lotes comerciales de zapallito de tronco**

Ojeda, P.¹; Barrios, H.¹; Litardo, M.C.¹, Valverde, C.²

¹. Universidad Nacional de Luján,

². LFGBBP-CBMS-Universidad Nacional de Quilmes-CONICET.

ojedapablo81@yahoo.com.ar

Phytophthora capsici es un Oomycete fitopatógeno que origina pérdidas significativas en cultivos hortícolas. En zapallito de tronco (*Cucurbita maxima* var. *zapallito*) produce podredumbre húmeda en frutos y en tallo. Como alternativa a los tratamientos con agroquímicos para controlar al patógeno, el uso de bacterias autóctonas del género *Pseudomonas* con capacidad biocontroladora mostró resultados promisorios en condiciones controladas. Sin embargo, resulta necesario validar su desempeño en ensayos en el campo. El objetivo de este trabajo fue evaluar, en cultivos comerciales de zapallito de tronco, la eficacia de nueve aislamientos del género *Pseudomonas* como biocontroladoras de *P. capsici*. Estas fueron seleccionadas por su capacidad de controlar la enfermedad mediante bioensayos de bandeja a partir de una colección de 110 cepas provenientes de suelo rizosférico. Los ensayos en el campo se realizaron entre diciembre de 2023 y abril de 2024 en dos lotes ubicados en la localidad de General Rodríguez (G.R.) y uno en Luján. Durante ese período se registraron temperaturas adecuadas y precipitaciones acumuladas (290 mm) favorables para la infección de *P. capsici*. Previamente se caracterizaron física y químicamente los suelos y se confirmó la presencia del patógeno en los lotes mediante el uso de cebos trampa. Se utilizó un diseño completamente aleatorizado con tratamientos correspondientes a las cepas de *Pseudomonas* seleccionadas y el testigo sin inocular. Las semillas de zapallito de tronco se inocularon por inmersión en cultivos bacterianos y se sembraron en el lote. Se realizaron monitoreos semanales para registrar la incidencia de la enfermedad (plantas enfermas sobre el total de plantas, en porcentaje). Los datos obtenidos fueron analizados mediante ANOVA y comparación de medias. En los ensayos realizados en G.R. no se observaron diferencias estadísticamente significativas en la capacidad de biocontrol entre las cepas. En el ensayo en Luján, se registraron diferencias altamente significativas ($p < 0,001$) en la incidencia de la enfermedad, destacándose dos cepas con los menores valores 11,9 % y 15,7 % (testigo 72,4 %). Estos resultados reflejan un efecto diferencial de las cepas de *Pseudomonas* como biocontroladoras de *P. capsici* en condiciones de campo y destacan la importancia de este tipo de evaluaciones como criterio de selección final de cepas que fueron efectivas en ensayos en condiciones controladas. Si bien es necesario realizar estudios complementarios, los resultados alcanzados permiten inferir que estas cepas de *Pseudomonas* seleccionadas constituyen una herramienta prometedora en el manejo de la enfermedad producida por *P. capsici* en zapallito de tronco.

BPE34**Producción de biopesticidas a base de *Trichoderma harzianum* empleando como sustrato residuos agroindustriales**

Mutti Stegmann, P.¹; Tubio, G.^{1,2}; Woitovich Valetti, N.^{1,2}

¹Laboratorio de Investigación y Desarrollos Biotecnológicos (LIDEB), Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR, Rosario, Santa Fe, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CONICET.

paulamutti@yahoo.com.ar

Uno de los mayores retos de la agricultura es la lucha contra las plagas. La alternativa más utilizada es el uso de pesticidas químicos. Su uso intensivo ha tenido efectos nocivos en el ambiente y la salud. La búsqueda de nuevos compuestos para el control de plagas se orienta a moléculas producidas por organismos vivos las cuáles son denominadas Biopesticidas. La principal desventaja de los biopesticidas es el costo asociado al sustrato. Por ello, se está explorando el uso de residuos como fuente carbono y nutrientes, empleando fermentación en estado sólido para el crecimiento de microorganismos productores de biopesticidas. El objetivo del presente estudio fue el desarrollo de un sistema sostenible para la producción de biopesticidas mediante el crecimiento de *Trichoderma harzianum* (TH) empleando como sustrato residuos de la agroindustria. El trabajo experimental se basó en el empleo de herramientas estadísticas y de diseño experimental para el análisis de la conidiación de TH y la producción de enzimas quitinasas sobre mezclas de afrechillo de trigo (AT) y cascarilla de arveja amarilla (CA) a 28°C. Resultados previos indican que las condiciones de cultivo afectan la productividad del sistema, por ello en primera instancia se realizó un *screening* de los factores que pudieran influir en la producción de conidios. Los factores analizados fueron: días de fermentación, contenido de CAA (%) y humedad inicial del sustrato (%). Posteriormente, para optimizar las condiciones de cultivo que maximicen la concentración de conidios por gramo de materia seca, se realizó un diseño central compuesto completamente aleatorizado con repeticiones, en el que se evaluó el efecto de los tres factores que resultaron significativos en la fase previa. Las condiciones óptimas para la producción de conidios fueron: 75% AT/25% CA, humedad inicial del sustrato del 54% y siete días de fermentación, obteniéndose $8,7 \times 10^9$ conidios/g materia seca y un valor de actividad quitinasa de 17,2 U/g materia seca. Estas condiciones fueron validadas por triplicado, demostrando la robustez y reproducibilidad del modelo. Los resultados obtenidos permiten concluir que la mezcla de AT y CA es un sustrato adecuado para maximizar la producción de conidios y de quitinasa de TH empleando fermentación en estado sólido. Los valores de conidios y actividad enzimática alcanzados para el sistema optimizado se encuentran dentro del rango requerido para una correcta actividad biopesticida, aplicable en la agricultura sostenible y el manejo integrado de plagas.

BPE35**Actividad antifúngica de aceites esenciales contra el hongo fitopatógeno *Cylindrocladium* sp.**

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

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

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

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

nicolas.ortiz8875@gmail.com

En nuestro país *Cylindrocladium* sp. (Cy) se ha reportado como patógeno de *Illex paraguariensis*, produciendo la mancha negra de la yerba mate (YM). Esta enfermedad ha cobrado gran relevancia ya que está asociada a la defoliación, provocando grandes pérdidas de rendimiento. En búsqueda de alternativas naturales y sostenibles para su control, el objetivo de este trabajo fue evaluar la actividad antifúngica de los aceites esenciales (AEs) de las plantas aromáticas *Mentha spicata* (MS), *Mentha x piperita* (MP), *Lippia citriodora* (LC), *Minthostachys mollis* (MM) y *Hedeoma multiflorum* (HM) contra el hongo fitopatógeno *Cylindrocladium* sp. Los AEs fueron obtenidos mediante hidrodestilación, y su composición química fue determinada por CG-EM. Para evaluar la actividad fungistática se utilizó como inóculo un cultivo de 14 días de Cy, del cual se obtuvieron discos de 4 mm de diámetro, y se colocó en una placa de Petri conteniendo medio formulado con YM. En cada tratamiento, dos discos de papel filtro embebidos en el AE fueron colocados opuestos entre sí, cerca del borde de la placa. En el control los discos fueron embebidos con agua destilada. El diámetro de colonia se midió a lo largo de 15 días y, al finalizar este periodo, los tratamientos con aquellos AEs que mostraron actividad fungistática y el control fueron utilizados para evaluar la producción de esporas. Para evaluar la actividad fungicida de aquellos AEs que mostraron actividad fungistática se realizaron 10 diluciones seriadas (1:2) de cada AE. Como inóculo, se utilizó un cultivo de esporas de Cy, con una concentración de 100.000 esporas/ml. Los tratamientos consistieron en enfrentar las diferentes diluciones de AE; en cada tubo se agregaron 15 µl de inóculo, 165 µl de medio líquido y 20 µl de cada dilución de AE, incubados 72 h, para luego ser sembrados en medio sólido. La composición química de los AEs fue la siguiente: MS (pulegona 58%, verbenona 5% e isopulegona 5%), MP (mentol 40% y mentona 24%). LC (limoneno 28%, β-citral 13%, α-citral 16%), MM (mentona 49% y pulegona 38%), y HM (pulegona 45%, isomentona 28% y mentona 17%). MP fue el AE con mayor efecto fungistático, con un diámetro de colonia de 18,50±3,21 mm, MS=48±5,5 mm, seguido de HM, LC y MM. El recuento de conidios fue 7,27 x 10⁶ en el control, mientras que en MS=9,95 x 10⁴ y en MP=0. La actividad fungicida fue de 31,25 µl/ml para MS y de 39,06 µl/ml para MP. Los resultados mostraron que MS y MP expresaron mayor bioactividad contra Cy.

BPE36**Caracterización funcional de actinomicetotas rizosféricas aisladas de yerbales, para su potencial aplicación como bioinoculantes**

Aznar, S.S.^{1,2}; Bazán, A.L.³; Fuentes, M.S.³; Alvarenga, A.E.^{1,2}

¹Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones. Posadas, Misiones, Argentina.

²CONICET, Buenos Aires, Argentina.

³Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI) – CONICET, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

lucasarielbz@gmail.com

La yerba mate (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.) es un cultivo de gran importancia económica en las provincias de Misiones y Corrientes, donde representa una actividad productiva estratégica. Por ello, resulta fundamental desarrollar alternativas sostenibles que garanticen una producción ambientalmente responsable de este cultivo de interés regional. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue evaluar el potencial funcional de actinomicetotas aisladas de la rizósfera de yerbales de Misiones, a fin de seleccionar cepas con potencial aplicación como bioinoculante en vivero. Para ello, se seleccionaron 11 aislamientos de la colección de actinomicetotas del Instituto de Biotecnología Misiones (INBIOMIS), en función de su actividad antagonista *in vitro* frente a cuatro hongos fitopatógenos que afectan al cultivo (*Fusarium*, *Alternaria*, *Colletotrichum* y *Ceratobasidium*). Dichas cepas fueron caracterizadas mediante ensayos cualitativos de fijación de nitrógeno, solubilización de fosfatos inorgánicos y producción de sideróforos, y de manera cuantitativa para la producción de ácido indol acético (AIA). El 100% de las cepas evaluadas mostraron algún grado de fijación de nitrógeno y producción de sideróforos, tres solubilizaron fosfato y solo una presentó una elevada producción de AIA. En cuanto a la capacidad de biocontrol, se observó que siete cepas exhibieron inhibición $\geq 40\%$ frente a, al menos, uno de los fitopatógenos evaluados, destacándose OTA 412 con actividad frente a todos ellos. A partir de los resultados obtenidos se aplicó una matriz de puntuación ponderada considerando la cantidad e intensidad de funciones de promoción de crecimiento vegetal (PCV, o PGP por sus siglas en inglés *plant growth-promoting*), y biocontrol, a fin de determinar las cepas más promisorias. A partir de ella se seleccionaron cinco aislamientos con mayor puntaje total: OTA 412, OTA 332, OOA 522, OTA 416, OTA 312. Las actinomicetotas seleccionadas representan una combinación funcional complementaria de cepas, con perfiles destacados en biocontrol y PGP, prometedora para su aplicación conjunta como bioinoculante para plantas de yerba mate.

BPE37**Antagonismo de tres aislados de *Trichoderma* sobre dos patógenos del cultivo de arroz**Quiroga, J.¹; Solís, V.¹; Gutiérrez, S.¹¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes, Argentina.sualegutierrez@gmail.com

El arroz es el principal cultivo cereal de la provincia de Corrientes; es afectado por micosis como el tizón o quemado (*Pyricularia oryzae*) y el manchado de vainas (*Rhizoctonia oryzae*), consideradas de importancia económica para la producción. Una alternativa para su control, es la utilización de hongos antagonistas como el género *Trichoderma*. A tal fin, se iniciaron evaluaciones de biocontrol in vitro de ambos patógenos utilizando tres cepas nativas de *Trichoderma* (1 sp. procedente de rastrojo de maíz-Tm, una de rastrojo de arroz-Tr y *T. virens*-Tv obtenida de suelo de arroz). Mediante cultivos duales in vitro, se determinó el porcentaje de inhibición del crecimiento (PICR), competencia por espacio según escala cualitativa y observación microscópica del micoparasitismo utilizado por los antagonistas. Los tres aislados de *Trichoderma* mostraron actividad antagónica sobre ambos patógenos; en *R. oryzae*, los valores de PICR por Tv fueron 49%, y 47% y 41% de inhibición por Tr y Tm respectivamente, ubicándose en el grado 2-3 de dicha escala. Respecto a *P. oryzae*, los antagonistas evaluados colonizaron rápidamente, alrededor de las 48-72 hs, el crecimiento inicial de éste patógeno, correspondiendo al grado 1 de dicha escala. Asimismo, las cepas de *Trichoderma* mostraron 2 a 3 mecanismos de acción sobre ambos patógenos (adhesión, vacuolización y/o lisis); una de ellas, procedente de rastrojo de arroz produjo además enrollamiento en las hifas de *R. oryzae*. Respecto a *P. oryzae*, se observó adhesión, vacuolización y/o lisis. Estos resultados preliminares, ofrecen una alternativa viable para continuar evaluando en pruebas de invernáculo y a campo.

BPE38

Evaluación *in vivo* de la capacidad antifúngica de biopreparado a base de *Equisetum giganteum* en lechuga (*Lactuca sativa* L.).

Inchaurredo, C.^{1,3}; Mourellos, C.A.^{1,3}; Stocco, M.C.¹; Kripelz, N.^{1,3}; Balatti, P.A.^{1,3}; Rolleri, J.^{1,2}; Bartel, L.C.^{1,3}

¹Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI-CIC/UNLP), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Ministerio de Desarrollo Agrario de la Provincia de Buenos Aires, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

lcbartel@gmail.com

El uso de biopreparados es una práctica elegida en ámbitos periurbanos de producción hortícola agroecológica. La provincia de Buenos Aires comenzó en 2023 a regular la fabricación de varios biopreparados de base vegetal, entre ellos, la decocción de “cola de caballo” (*Equisetum giganteum*) (BP), con conocida acción bioestimulante y antifúngica. La biofábrica escuela de la UNLP fue habilitada recientemente para producir y comercializar este BP, entre otros. En el marco del estudio de la bioactividad y estabilidad de este BP a lo largo del tiempo, y en base a resultados preliminares *in vitro*, el objetivo de este trabajo fue evaluar *in vivo* el desempeño bioestimulante y preventivo del BP recién elaborado frente a los fitopatógenos *Sclerotinia sclerotiorum* (Ss) y *Fusarium oxysporum* f. sp *lactucae* (Fox), en plantas de lechuga. El bioensayo se desarrolló en invernáculo, en plantas de lechuga variedad Sagess, en macetas (30 días post emergencia). Se utilizaron dos concentraciones de BP: 10% y 30%, según prácticas de campo habituales, preparadas en agua no clorada. Al momento del trasplante se regó con 10ml de BP fresco, en el cuello de la planta. A los 7 días, se aplicó BP nuevamente, asperjando 2ml/planta sobre la superficie foliar. A los 10 días, las plantas fueron inoculadas con el patógeno correspondiente. Se incluyó un grupo testigo (sin patógeno, ni BP) y grupos controles para cada grupo (inoculado con Ss, inoculado con Fox, tratado con BP 10%, tratado con BP 30%). A los 23 días de inoculación se evaluaron los siguientes parámetros: número total de hojas, peso fresco y seco de planta completa, peso seco raíz y área foliar. Los datos fueron analizados estadísticamente (software Infostat). Los resultados obtenidos en relación con el BP indican su efecto bioestimulante en ambas concentraciones evaluadas (controles positivos). Por otro lado, la capacidad antifúngica de este BP frente a Fox y Ss, resultó dispar. La combinación de BP30% con cada microorganismo evaluado no resultó efectiva para contrarrestar el desarrollo del patógeno. En cambio, se evidenció una mejor respuesta en todos los parámetros evaluados cuando los patógenos se combinaron con BP10%. Estos resultados preliminares indicarían que el BP10%, utilizado como tratamiento preventivo, podría también ser efectivo en el manejo de estos fitopatógenos.

BPE39**Combinación de *Trichoderma harzianum* y decocción de *Equisetum giganteum*. Resultados preliminares sobre la bioestimulación del crecimiento en plantas de lechuga (*Lactuca sativa* L.).**

Moreno, L.¹; Roller, J.^{1,2}; Mourellos, C.A.^{1,3}; Kripelz, N.^{1,3}; Mónaco, C.¹; Bartel, L.C.^{1,3}; Stocco, M.¹.

¹Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI-CIC/UNLP), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Ministerio Desarrollo Agrario de la Provincia de Buenos Aires, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

lcbartel@gmail.com

Dentro de los insumos biológicos utilizados en las producciones agroecológicas, el biopreparado derivado de la decocción de “cola de caballo” (*Equisetum giganteum*) y el hongo *Trichoderma harzianum* son habitualmente utilizados por su potencial antifúngico y bioestimulante. El objetivo de este trabajo fue evaluar el desempeño de la aplicación conjunta del biopreparado (BP) con una cepa de *T. harzianum* (TH118) en el rendimiento de plantas de lechuga (*Lactuca sativa* L.), bajo condiciones de invernáculo. Se realizó un bioensayo, en macetas conteniendo plantines de lechuga variedad Sagess (30 días post emergencia). Se utilizaron dos diluciones de BP al 10% y 30%, realizadas con agua no clorada. Al trasplantar se regó con 10ml de BP en el cuello de la planta. A los 3 días se incorporaron 10 ml de una suspensión de TH118 (2×10^7 conidios/ml). A los 7 días se reiteró la aplicación de BP (10% y 30%), asperjando 2ml/planta. Se incluyó un grupo testigo (sin TH118, ni BP) Se realizó un diseño completamente aleatorizado con 10 repeticiones por tratamiento. Los tratamientos fueron plantas con BP 10%, BP 30%, TH118, TH118 + BP10% y TH118 + BP30%. A los 23 días se evaluó: número total de hojas; peso fresco y seco de planta entera, peso fresco de la raíz, área foliar y unidades SPAD. Para cada parámetro, se realizó un ANOVA seguido de una prueba de LSD; en caso de no cumplirse los supuestos, se realizó un análisis no paramétrico (Kruskal-Wallis), con el programa Infostat. Los resultados obtenidos muestran que los tratamientos que combinan TH118 con el BP, en ambas concentraciones, presentaron los valores más bajos en los parámetros: hojas totales, peso fresco y seco de planta entera y de raíz, comparados con los tratamientos BP10%, BP30% y TH118. Además, las plantas con BP10% presentaron los mayores valores de los parámetros analizados. Para el área foliar y las unidades SPAD, ningún tratamiento presentó diferencias significativas. Estos resultados preliminares indican que la decocción de “cola de caballo” al 10% promovió el crecimiento vegetal, mientras que la combinación con TH118 no resultó en un efecto sinérgico sobre los parámetros de rendimiento en plantas de lechuga. Se continuará evaluando la combinación de diferentes cepas de *Trichoderma* spp. y este BP, para mejorar aspectos de manejo hortícola y evitar interferencias en la actividad de ambos bioestimulantes.

BPE40

Efficacy of organic extracts from Antarctic bacterial strains in the control of soybean target spot under greenhouse conditions

Gomes, G.T.¹; Webers, E.R.²; de Abreu, L.M.⁻²; Delgado, O.D.¹; Sánchez, L.A.¹.

¹ Pilot Plant for Industrial Microbiological Processes (PROIMI-CONICET), Universidad Nacional de Tucumán, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

² Plant Pathology Department, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

giseletgomes@gmail.com

Corynespora cassiicola, the causal agent of soybean target spot, has become a major concern due to the emergence of fungicide-resistant strains and its potential to cause substantial yield losses. In this context, extremophile bacteria may serve as a source of novel bioactive metabolites for sustainable disease control. This study evaluated the *in vivo* efficacy of organic extracts from two Antarctic bacterial strains - *Burkholderia gladioli* MB39 and *Serratia proteamaculans* 137- against *C. cassiicola* under greenhouse conditions. The bacterial extracts were obtained from cultures grown on solid media: Luria-Bertani for strain 137 and Potato Dextrose Agar for MB39, incubated for five days at 15 °C and 30 °C, respectively. This was followed by two extraction cycles with ethyl acetate (1:1 v/v, 1 h, 100 rpm), and subsequent concentration and drying using a rotary evaporator and a sample concentrator. Soybean plants were grown to the V3 stage and sprayed preventively with the bacterial extracts (1000 ppm), the commercial fungicide Elatus (positive control), or water (negative control). Pathogen inoculation was performed 24 hours after treatment application by spraying a suspension adjusted to 1×10^5 conidia·mL⁻¹. Greenhouse temperature was maintained at 25 °C. Ten plants per treatment were used, and disease severity was evaluated seven days post-inoculation on the first trifoliate leaf using the Pliman package in R. Two independent trials were conducted and the data showed a similar level of significance. In both repetitions, the commercial fungicide Elatus (T3) significantly reduced disease severity, with median values close to 0% and clear statistical separation from all other treatments ($p < 0.05$). The extract from *B. gladioli* MB39 (T1) consistently decreased symptom severity, with median values below 10%, and significantly lower severity than the negative control (T4) and the *S. proteamaculans* 137 extract (T2). In contrast, T2 was not significantly different from the control (T4), indicating limited efficacy. Statistical differences among treatments were determined using the Kruskal–Wallis test followed by Dunn's post hoc test. These results demonstrate the reproducibility of the *B. gladioli* MB39 extract's biocontrol activity and highlight its potential as a sustainable alternative to chemical fungicides for managing soybean target spot.

BPE41

Evaluación de la actividad promotora del crecimiento vegetal (PGP) en bacterias con capacidad de biocontrol sobre hongos fitopatógenos para un manejo sostenible del cultivo de frutilla

Yañez Santos, A.M.¹; Martínez, M.C.²; Yañez Yazlle, M.F.¹; Melchiorre, M.¹; Meneguzzi, N.³

¹UDEA (INTA-CONICET). Córdoba Capital, Córdoba, Argentina

²UNC- Facultad de Ciencias Químicas. Córdoba Capital, Córdoba, Argentina

³UFYMA (INTA-CONICET). Córdoba Capital, Córdoba, Argentina

meneguzzi.natalia@inta.gob.ar

La frutilla (*Fragaria* × *ananassa* Duch) es un cultivo de alto valor económico, muy apreciado por las propiedades organolépticas de sus frutos. Diversos patógenos, entre ellos hongos de suelo, comprometen la productividad en el campo. Para controlar estos fitopatógenos, es común el uso de fungicidas en cultivos bajo manejo convencional. El uso inadecuado de estos productos químicos provoca efectos no deseados para las plantas, los seres humanos y el medio ambiente. Frente a este escenario, la aplicación de microorganismos benéficos representa una herramienta biotecnológica que permite disminuir el uso de insumos químicos. Estos microorganismos, mediante mecanismos directos e indirectos pueden promover la protección de las plantas frente a patógenos y estimular su crecimiento. Con el objetivo de identificar microorganismos con actividad antifúngica y propiedades promotoras del crecimiento vegetal (PGP), se aislaron bacilos Gram + endofíticos desde raíces de frutilla, los que se analizaron junto con el aislamiento rizosférico B604, con reconocida capacidad de biocontrol. Se preseleccionaron 21 aislados bacterianos que mostraron actividad antagonista *in vitro* frente a *Macrophomina phaseolina* (cepa M5, colección IPAVE). Con estos aislamientos seleccionados, se analizaron las siguientes propiedades PGP: producción de sideróforos en el medio PDA+CAS; solubilización de fosfatos en medio NBRIP; producción de compuestos indólicos mediante el método colorimétrico de Salkowsky; fijación de N en medio Nfb semisólido y formación de biofilms mediante la tinción con cristal violeta. Los resultados mostraron que todos los aislados produjeron sideróforos. El 47,6% (10 aislamientos) presentó una elevada producción de biofilms; 10 aislamientos produjeron compuestos indólicos, mientras que 16 aislamientos (76,2%) fueron capaces de fijar nitrógeno. Ninguno de estos aislamientos presentó capacidad de solubilizar fosfatos. Con base en los resultados obtenidos, nueve aislamientos mostraron en conjunto los mejores atributos y fueron seleccionados para estudios posteriores en interacción con plantas. Las propiedades PGP observadas y el biocontrol *in vitro*, constituyen una base sólida para avanzar en la caracterización funcional y molecular de estas bacterias, con vistas al desarrollo de bioinsumos destinados a mejorar la sanidad y el rendimiento del cultivo de frutilla en sistemas agrícolas sustentables.

BPE42**Efecto de biocontrol de *Bacillus* sp. B604 sobre *Streptomyces* spp. que producen sarna común en papa**

Guzmán, F.A.¹; Meneguzzi, N.A.²; López Colomba, E.³; Melchiorre, M.N.⁴; Walter, S.¹; Tolocka, P.A.²; Haelterman, R.M.²; Del Caso, C.A.⁵

¹AER INTA Villa Dolores. EEA INTA Manfredi. Villa Dolores, Córdoba, Argentina.

²IPAVE INTA; UFYMA INTA-CONICET. Córdoba Capital, Córdoba, Argentina.

³IFRGV INTA; UDEA INTA-CONICET. Córdoba Capital, Córdoba, Argentina.

⁴UDEA INTA-CONICET. Córdoba Capital, Córdoba, Argentina.

⁵Productor. Villa Dolores, Córdoba, Argentina.

guzman.fabiana@inta.gob.ar

La sarna común de la papa es una enfermedad causada por bacterias del género *Streptomyces*, que produce pérdidas económicas importantes debido a lesiones que afectan la superficie del tubérculo disminuyendo su calidad y aceptación en el mercado. Dado que se trata de un patógeno con alta capacidad de supervivencia en el suelo y notable competencia microbiana, actualmente no existen tratamientos efectivos disponibles para su control. En este contexto, el presente trabajo tuvo como objetivo evaluar el efecto preventivo de la inoculación con una cepa rizosférica de *Bacillus* sp. (cepa B604), para el control de *Streptomyces* spp. que producen sarna común en papa en la zona de Villa Dolores (Córdoba). El ensayo se llevó a cabo en macetas con suelo naturalmente infestado con *Streptomyces* spp. utilizando tubérculos asintomáticos cv Spunta, como material de siembra. Se establecieron dos tratamientos: T1 (control, solo inoculado con agua) y T2 (inoculado con *Bacillus* sp. cepa B604 al momento de la siembra, 1×10^5 UFC/ml). En ambos tratamientos, los tubérculos fueron sumergidos en un biopolímero natural y biodegradable para facilitar la adherencia de la bacteria al tubérculo. El experimento se replicó en dos ciclos consecutivos (siembra: 29/03/2023 y 19/03/2024, cosecha a los 90 días). Al término de cada ciclo, se evaluaron incidencia y severidad de la enfermedad y rendimiento mediante análisis de varianza (Test: LSD Fisher $\alpha=0,05$). En el ensayo 2023, si bien no hubo diferencias significativas ($p>0,05$) entre T1 (control) y T2 (*Bacillus* sp. cepa B604), para este último se observaron valores menores de severidad (T2: 2,46 vs T1: 2,96) evaluada mediante una escala diagramática y de incidencia (T2: 86,77% vs T1: 94,58%) con un rendimiento de T2: 0,302 kg vs T1: 0,278 kg. En el ensayo 2024, la inoculación con *Bacillus* permitió valores significativamente inferiores respecto al control ($p<0,05$) evidenciando menor índice de severidad (T2: 0,92 vs T1: 1,45) y menor incidencia (T2: 76,06% vs T1: 77,79%) con un rendimiento de T2: 0,281 kg vs T1: 0,350 kg. Estos datos resultan promisorios en las condiciones probadas, dado que muestran una reducción en la severidad de los síntomas en los tubérculos del tratamiento inoculado, no generando impacto en el rendimiento. Los resultados sugieren que el *Bacillus* sp. cepa B604 posee potencial como agente preventivo frente a *Streptomyces* spp. que producen sarna común en papa.

BPE43**Evaluación de la estabilidad y efectividad de un bioformulado de *Bacillus thuringiensis* subespecie *israelensis* para el control de larvas de mosquitos**Amor, C.¹; Lopez, R.P.¹; Torres-Nicolini, A.²; Alvarez, V.A.²; Battaglia, M.E.¹; Berón, C.M.¹¹ Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC-CONICET), Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.² Instituto de Investigaciones en Ciencia y Tecnología de Materiales (INTEMA-CONICET-UNMDP), Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.corina.beron@inbiotec-conicet.gob.ar

Los mosquitos vectores, como *Aedes aegypti* y *Culex quinquefasciatus*, representan una amenaza para la salud pública debido a su rol en la transmisión de enfermedades potencialmente mortales como dengue, Zika, chikungunya y diversas encefalitis. El uso de bacterias entomopatógenas como *Bacillus thuringiensis* subespecie *israelensis* (Bti) como agente de control biológico específico contra mosquitos, representa una opción sostenible frente a los insecticidas químicos tradicionales. Esta bacteria produce cuerpos paraesporales, compuestos por proteínas larvicidas, durante el proceso de esporulación. Estas proteínas al ser ingeridas por un insecto susceptible alteran la integridad del intestino, provocando su muerte. Sin embargo, su efectividad puede ser limitada dada su baja persistencia frente a condiciones ambientales variables o adversas. Es por ello que en este trabajo se diseñó un bioformulado basado en la encapsulación del complejo espora-cristal de Bti en microesferas de alginato de calcio, con el objetivo de evaluar su estabilidad, así como su eficacia, a lo largo del tiempo y bajo diferentes condiciones de almacenamiento "en estante". Las microesferas obtenidas mediante gelificación iónica fueron homogéneas en tamaño y forma, demostrando efectividad larvicida contra *A. aegypti* y *C. quinquefasciatus*. Los ensayos fueron analizados estadísticamente por medio del método ANOVA usando el programa Infostat. La encapsulación permitió la disponibilidad del complejo espora-cristal durante al menos 8 semanas. Se midió el porcentaje de mortalidad de larvas del segundo estadio de ambas especies de mosquitos en 4 repeticiones independientes, con un máximo del 100% para *Cx. quinquefasciatus*. Se observó una degradación progresiva de las microesferas de alginato posiblemente por absorción de agua. Por otro lado, se realizaron ensayos similares, por triplicado, utilizando perlas deshidratadas mediante liofilización. Las mismas conservaron su eficacia relativamente constante durante los meses de almacenamiento, independientemente de si fueron mantenidas a 4°C como a temperatura ambiente. En comparación con el complejo espora-cristal de Bti sin encapsular, que actúa rápidamente, el bioformulado permitiría una liberación sostenida en el tiempo, ideal para criaderos naturales donde suelen coexistir larvas de *A. aegypti* en distintos estadios, o inclusive en criaderos mixtos con más de una especie de mosquitos. Estos hallazgos apoyan el uso de formulaciones encapsuladas como herramientas viables para el control biológico de mosquitos de importancia sanitaria y en ambientes diversos.

Biodiversidad y sostenibilidad global

ByS1

Evaluación de la diversidad funcional microbiana del suelo, bajo tratamientos con enmiendas orgánicas y fertilización química

Spagnolo, C.^{1,2}; Alfaro, E.^{1,2}; Baumgratz, M.¹; Mazzuchini, V.¹; Aguirre Estrada, J.M.³; Bernardi, J.³; Collavino, M.^{2,4}; Murguía, M.^{2,5}; Machuca, L.^{1,2}

¹IDIC, Facultad de Ciencias de la Salud y Bienestar, Universidad de la Cuenca del Plata, Goya, Corrientes, Argentina. ²CONICET, CABA, Argentina.

³INTA, Goya, Corrientes, Argentina.

⁴IBONE, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina.

⁵LAQUIMAP, Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Santa Fe, Argentina.

cecispagnolo1@gmail.com

La actividad microbiana del suelo es indicador clave de salud y sustentabilidad en sistemas agrícolas. Un manejo inadecuado daña sus propiedades biológicas y productividad. Añadir enmiendas orgánicas estabilizadas (EOE), líquidas (EOL-infusión de lombricompuesto), sólidas (EOS-bocashi) y fertilización química (FQ) favorece el desarrollo de comunidades microbianas (CM). Se evaluó la diversidad funcional de las CM del suelo bajo 2 tratamientos (tto), empleando 19 fuentes carbonadas. El estudio se hizo en Lavalle-Ctes, en 2 invernaderos con cultivos de pimiento, carpa 1 (C1) y 2 (C2). Se tomaron muestras de suelo (M) a 0-20 cm de profundidad y a 10 cm del tallo, en 4 momentos: pre (M1-dic/23) y post-solarización (M2-feb/24), mitad (M3-ago/24) y fin (M4-dic/24) del ciclo de cultivo. Tto aplicados: C1: EOL+EOS; C2: EOL+EOS+FQ. La EOL+FQ se aplicaron por riego y la EOS manualmente. Se evaluó el estado fisiológico de las CM mediante CLPP. Se usó la dilución 10^{-4} de cada M, incluyendo blancos: solución fisiológica y DMSO. Las microplacas se incubaron 4 días/28°C, se midió absorbancia a 630 nm cada 24 h. El procesamiento y análisis estadístico (análisis de componentes principales-ACP) se hizo con Microsoft Excel e InfoStat. El ACP explicó el 84% de la variabilidad. M1C1 mostró un perfil funcional distinto por el uso de ácido oxálico, asociado positivamente al CP2. En M1C2, M2C1 y M2C2 las CM son homogéneas, agrupándose en el cuadrante inferior izquierdo, asociándose negativamente al CP1. A mitad del ciclo, M3C1 y M3C2 revelan diferenciación funcional por el metabolismo de azúcares (manitol-dextrosa) y aminoácidos (AA) (fenilalanina-glicina). Al final, M4C2 (tto combinado) se ubicó cerca del origen del eje, con comportamiento intermedio, y M4C1 (EOE) mantuvo patrones específicos de uso de maltosa-glicina-ramnosa. El muestreo y el tto influyen en la dinámica funcional del suelo. La solarización redujo temporalmente la diversidad. Las EOE estimulan y restauran la recuperación funcional, promoviendo el metabolismo de azúcares y AA por aporte de CM y nutrientes. La FQ modularía la respuesta microbiana, favoreciendo grupos generalistas y diversificación al final del ciclo; reconfigurando CM hacia sistemas equilibrados y menos especializados. Fomentar el crecimiento de CM ecológicamente relevantes sustenta la productividad agrícola.

ByS2**Caracterización e identificación de macromicetos de zonas con diferentes grados de alteración ambiental en el Departamento Dr. Manuel Belgrano (Provincia Jujuy)**

Martínez, I.G.¹; Ramírez, E.H.¹; González, M.A.¹; Tejerina M.R.^{1,2}; Ruiz G.B.^{1,2}

¹ Cátedra de Microbiología Ambiental, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu; San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

² Instituto de Ecorregiones Andinas, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (INECOA-CONICET)- San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

irism919@gmail.com

El estudio de la biodiversidad de macromicetos en diferentes ambientes es fundamental, ya que actúan como bioindicadores de la calidad ambiental y de los cambios ecológicos, facilitando la evaluación del estado de los ecosistemas. El objetivo de este trabajo fue evaluar la riqueza, abundancia y estructura de las comunidades fúngicas de sitios con diferentes grados de alteración ambiental. Para ello, se exploró la diversidad de macromicetos en sitios antrópicos y no antrópicos, al noroeste de la Ciudad de San Salvador de Jujuy (24°09'03.7"S 65°17'40.8"O), Jujuy, Argentina. Se realizaron muestreos mensuales durante cinco meses del 2024 en un radio de 2 km por sitio, registrando temperatura, precipitación y humedad, y recolectando cuerpos fructíferos para su identificación mediante claves taxonómicas. Se calcularon Riqueza (S), Número de individuos (N), Índice de Shannon (H'), Dominancia (D) e Índice de Gini-Simpson (1-λ), y se aplicó el análisis estadístico de comparación de Tukey mediante ANOVA. Los datos climáticos se registraron en septiembre y noviembre de 2024, que coincidieron con la estación seca y variaciones menores de temperatura y humedad. En la zona antrópica se contabilizaron 123 individuos y 26 especies (H' = 2,776; D = 0,092; 1-λ = 0,908), mientras que en la no antrópica se registraron 180 individuos y 44 especies (H' = 3,481; D = 0,039; 1-λ = 0,961). En el análisis estadístico de la prueba de Tukey, la comparativa entre zonas antropizada y no antropizada obtuvo p = 0,5624 para diversidad y p = 0,8232 para abundancia, lo que confirma la ausencia de diferencias significativas entre sitios. Los géneros saprófitos más frecuentes en ambos sitios fueron *Xylaria*, *Trametes* y *Auricularia*, que indican una amplia tolerancia a variaciones microclimáticas. Además, estos resultados respaldan la hipótesis de que el grado de alteración ambiental no afectaría significativamente las métricas de diversidad de macromicetos en este contexto. Este trabajo aporta una línea base para la conservación y destaca el papel de los macromicetos como bioindicadores del estado ambiental.

ByS3

Diversidad de macromicetos en sitios pertenecientes a la región de Valles de la provincia de Jujuy, Argentina

Ramirez, E.H.¹; Martínez, I.G.¹; González, M.A.¹; Ruiz, G.B.^{1,2}; Tejerina, M.R.^{1,2}.

¹ Cátedra de Microbiología Ambiental, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

² Instituto de Ecorregiones Andinas, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (INECOA-CONICET)- San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

edu.ramirez0944@gmail.com

Los hongos son clave en la conservación de la biodiversidad, desempeñan un papel fundamental en el equilibrio y la salud de los ecosistemas. Los hongos se han utilizado como bioindicadores del estado ecológico. La región de Valles de la provincia de Jujuy presenta un aumento en la actividad agrícola y ganadera, por lo cual es importante evaluar la biodiversidad fúngica de especies presentes en la región. En este estudio se determinó la diversidad de macromicetos en áreas antrópicas y no antrópicas, en la región de Valle de la provincia de Jujuy con el fin de evaluar el estado ecológico de las zonas. Se aplicó un diseño exploratorio y descriptivo de carácter cuantitativo, con muestreos mensuales entre agosto y diciembre de 2024 en un radio de 2 km en cada sitio del departamento El Carmen, Jujuy. Se registraron variables ambientales como temperatura y humedad, los macromicetos fueron observados, cuantificados, fotografiados y se recolectaron ejemplares para su identificación en el laboratorio, para su conservación se secaron en estufa a 37 °C durante 72hs. La identificación se realizó siguiendo claves taxonómicas analizando su morfología macroscópica y microscópica. Los índices de diversidad de Shannon fueron calculados con el software PAST, se compararon los sitios mediante ANOVA y prueba de Tukey. Los resultados demostraron que índice de Shannon (H') fue ligeramente superior en el sitio no antrópico ($H' = 1,885$) en comparación con el antrópico ($H' = 1,862$), demostrando una mayor diversidad en el sitio no intervenido. Mientras que la mayor riqueza de especies fue observada en el sitio no antrópico contabilizando 12 géneros con un total de 62 individuos comparado con el antrópico con 11 géneros con un total de 38 individuos. Los índices de diversidad y dominancia no presentaron diferencias significativas ($p > 0,05$). Los géneros con mayor número de individuos fueron *Ganoderma* spp., *Auricularia* spp., y *Trametes* spp. La presencia de una diversidad similar en ambos sitios sugiere que las comunidades de macromicetos presentan resiliencia frente a diferentes niveles de intervención antrópica. Por lo cual, este estudio demostró que las comunidades de macromicetos permanecen estable en sitios con intervención agrícola y ganadera, presentando una resiliencia ecológica, frente a perturbaciones humanas. Este estudio refuerza el potencial de los hongos como bioindicadores del estado ecológico local para realizar estrategias de conservación y manejo ambiental en diferentes zonas de la provincia.

ByS4**Análisis metagenómico de comunidades bacterianas en suelos contaminados con hidrocarburos de las cuencas Neuquina y del Golfo San Jorge**

Díaz, R.A.^{1,3}; Acuña, A.²; Pucci, G.^{1,3}

¹ Instituto Multidisciplinario para la Investigación y el Desarrollo Productivo y Social de la Cuenca Golfo San Jorge (IIDEPyS-GSJ-CONICET). Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

² Grupo de Estudios Ambientales, UTN- Regional Santa Cruz. Río Gallegos, Santa Cruz, Argentina.

³ CEIMA, Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

rominaanabeldiaz91@gmail.com

Las actividades industriales vinculadas a la extracción de petróleo son la principal causa de derrames de hidrocarburos en suelos, impactando negativamente en las propiedades del suelo y en la diversidad microbiana que lo habita. Se exploró la diversidad bacteriana de dos suelos contaminados con hidrocarburos (HC) de diferentes cuencas petroleras, Cuenca del Golfo San Jorge (CGSJ) y Cuenca Neuquina (CN), sometidos a un tratamiento de electrobiorremediación (EBR), mediante la identificación de los phyla predominantes y la estimación del índice de diversidad de Shannon Weaver (H'). La celda de EBR fue de vidrio (27 cm x 15 cm) y se le aplicó un campo eléctrico de $0,5 \text{ V cm}^{-1}$. Ambos suelos se estudiaron con (E2) y sin (E1) la presencia de nutrientes durante 60 días, usando rotación de polaridad cada 4 días para mantener el pH en rangos óptimos para la actividad microbiana. Los muestreos se realizaron en tres puntos de la celda (S1, S2, S3) y en controles no sometidos al campo eléctrico: uno con adición de humedad (SH), otro con nutrientes (SN) y un tercero sin aditivos (SS). La extracción de ADN genómico se realizó utilizando kit ADN-PuriPrep-SUELO (INBIO HIGHWAY). La secuenciación del gen 16S rRNA se llevó a cabo en un equipo MiSeq PE2x250 (Illumina®) en IABIMO (Buenos Aires, Argentina). El análisis metagenómico se realizó en QIIME2 (2023.5). En el suelo de CGSJ, con extracción convencional de HC, se identificaron 23 phyla, mientras que en CN se detectaron 10. Los phyla presentes en CN también se encontraron en CGSJ; sin embargo, este último presentó 13 phyla adicionales, lo que indica mayor diversidad. *Proteobacteria* y *Actinobacteriota* fueron dominantes en ambas cuencas. El índice H' en CGSJ mostró valores entre 6,8 y 8,2, lo que indica una comunidad bacteriana altamente diversa y adaptada a la degradación de HC; en cambio CN, obtuvo un rango entre 4,7 y 6,2, tratándose de una cuenca con explotación de tipo no convencional. En CGSJ, SN presentó una diversidad moderada y recuentos altos, lo que indica que posee phyla más específicos para degradar HC. Se observó una disminución de la diversidad en las muestras de EBR respecto de las muestras iniciales, lo que evidencia que, si bien la aplicación del campo eléctrico afecta la comunidad microbiana, la diversidad se mantiene dentro de rangos aceptables.

ByS5**Resistencia a tetraciclina mediada por genes *tetL*, *tetM*, *tetS*, *tet45* y *otrA* en cepas del grupo *Bacillus cereus* aisladas de miel y su correlación con la presencia de plásmidos**López, A.C.^{1,2}; Alippi, A.M.^{1,3}¹ CIDEFI, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP, 1900 La Plata, Buenos Aires, Argentina² CCT-CONICET La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina³ CIC Provincia de Buenos Aires, Argentinaalippi@biol.unlp.edu.ar

El grupo *Bacillus cereus* sensu lato comprende especies ubicuas con relevancia ambiental, alimentaria y clínica. Entre ellas, *Bacillus cereus* es reconocido por su capacidad toxigénica y su implicancia en intoxicaciones alimentarias, mientras que *Bacillus thuringiensis* se emplea como bioinsecticida y otras aplicaciones biotecnológicas. Un aspecto crítico en la vigilancia microbiológica actual es la resistencia antimicrobiana, especialmente cuando está mediada por plásmidos, elementos genéticos móviles que facilitan la transferencia horizontal de genes entre especies bacterianas. Este fenómeno representa una vía eficiente de diseminación de la resistencia en diversos nichos ecológicos como suelo y alimentos contaminados. El objetivo de este estudio fue caracterizar 30 cepas del grupo *B. cereus* aisladas de miel resistentes a tetraciclina y oxitetraciclina y 3 provenientes de colecciones internacionales (ATCC y CCT) determinando sus concentraciones inhibitorias mínimas (CIM) para tetraciclina (TC), oxitetraciclina (OTC) y minociclina (MN) y su posible correlación con la presencia de plásmidos. Los valores de CIM para TC y OTC en las cepas aisladas de miel variaron entre 16 µg/ml y ≥128 µg/ml y, para MN, entre <2 y 32 µg/ml en comparación con las de colección que resultaron sensibles. Se identificaron los determinantes genéticos de resistencia *tetL*, *tetM*, *tetS*, *tet45* y *otrA*, por PCR tanto en ADN plasmídico como genómico total. El 78% de los aislamientos analizados evidenció presencia de plásmidos (entre 1 y 4); seis cepas portaron genes *tetS* o *tet45* en el ADN plasmídico, mientras que la mayoría presentó combinaciones múltiples en el ADN genómico total, con presencia de los determinantes *tetL*, *tetM*, *tetS*, *tet45* y *otrA*. Se realizó la electroporación de ADN plasmídico conteniendo los determinantes *tetS* o *tet45* entre las cepas *B. cereus* MexE, *B. cereus* m436 y *B. cereus* m500 que contenían un único plásmido hacia *Bacillus cereus* (ATCC 11778) y *Bacillus mycoides* (ATCC10206). Las cepas MexE y m436 portaban el gen de resistencia *tetS* en su único plásmido, mientras que la cepa m500 contenía un plásmido con el determinante *tet45*. Como resultado de la electroporación, se obtuvieron transformantes con fenotipo resistente a TC y OTC en las cepas receptoras, confirmando la capacidad de movilización de dichos plásmidos y su potencial implicancia en la diseminación horizontal de genes de resistencia dentro del grupo *B. cereus* sensu lato. En conclusión, estos hallazgos destacan la diversidad genotípica de la resistencia a tetraciclina en cepas de *B. cereus* y *B. thuringiensis* aisladas de miel y subrayan la necesidad de monitoreo en nichos ecológicos asociados a la producción apícola.

ByS6

Variabilidad de especies de *Xanthomonas* patógenas de tomate y pimiento presentes en el Cinturón Hortícola Platense

Alippi, A.M.^{1,2}; Roller, J.¹; López, A.C.^{1,3}

¹ CIDEFI, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP, 1900 La Plata, Buenos Aires, Argentina

² CIC Provincia de Buenos Aires, Argentina

³ CCT-CONICET La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina

alippi@biol.unlp.edu.ar

El Cinturón Hortícola Platense (CHP), ubicado en el partido de La Plata, provincia de Buenos Aires, es el área productiva más importante del Cinturón Verde Bonaerense, con una superficie de 7.538 hectáreas, donde el 62% de las mismas corresponde a cultivos bajo cubierta y el 38% a campo. Entre los principales cultivos se encuentran el tomate (*Solanum lycopersicum*) y el pimiento (*Capsicum annuum*), ambos empleados tanto para consumo en fresco como para agroindustria. En el CHP han sido citadas diferentes enfermedades de origen bacteriano sobre ambos hospedantes, como el marchitamiento causado por *Ralstonia solanacearum*, el cancro ocasionado por *Clavibacter michiganensis*, la peca causada por *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*, la necrosis de la médula debida a *Pseudomonas corrugata* y *Pseudomonas mediterranea* y, la mancha bacteriana ocasionada por un complejo de especies de *Xanthomonas*. Las *Xanthomonas* involucradas en la mancha bacteriana, ocasionan síntomas muy similares entre sí e imposibles de diferenciar a campo. Hasta el año 2004, se consideraba que esta enfermedad era causada por *Xanthomonas vesicatoria*, especie que fue reclasificada en numerosas ocasiones. Actualmente, se considera que la nomenclatura válida para las especies involucradas sería *Xanthomonas vesicatoria*, *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *euvesicatoria*, *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *perforans* y *Xanthomonas hortorum* pv. *gardneri*. En la Argentina, todas las citas de *Xanthomonas* sobre tomate y pimiento son anteriores a esa reclasificación, por lo cual, el objetivo del trabajo fue determinar que especies están presentes en el CHP analizando 14 cepas aisladas entre los años 2003 y 2025 mediante pruebas bioquímicas, bioensayos, pruebas de patogenicidad, PCR específica y *fingerprints* de ADN obtenidos mediante rep-PCR. Todos los aislamientos (11 de tomate y 3 de pimiento) resultaron Gram (-), oxidasa (-), produjeron levan, hidrolizaron almidón y gelatina y resultaron positivos en las pruebas de hipersensibilidad en tabaco. Las colonias desarrolladas en YDC y SPA mostraron pigmentación amarilla y apariencia mucosa. En los ensayos de inoculación en tomate, todas las cepas indujeron lesiones acuosas en las hojas que evolucionaron a zonas necróticas más extendidas rodeadas de halos cloróticos, mientras que las inoculaciones en pimiento arrojaron resultados variables. En todos los casos, se cumplieron los postulados de Koch. La identificación molecular mediante PCR específica permitió discriminar entre *X. vesicatoria*, *X. e.* pv. *euvesicatoria*, *X. e.* pv. *perforans* y *X. h.* pv. *gardneri*. Todas las cepas estudiadas mostraron una alta homología genética en los *fingerprints* obtenidos por rep-PCR. En conclusión, en el CHP se encuentran presentes únicamente *Xanthomonas vesicatoria* y *Xanthomonas euvesicatoria* pv.

perforans, siendo este el primer registro de la presencia de *X. e. pv. perforans*, afectando tomate y pimiento en la Argentina.

ByS7

Efecto de la temperatura y la humedad sobre la tasa de emisión/secuestro de metano en el suelo: diferencias entre usos de suelo (pastizal versus forestación de *Pinus radiata*)

Suarez-Beltrán, A.¹; Juliarena, M.P.^{1,2}; Gyenge, J.D.³; Priano, M.E.^{1,2}

¹Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA), Tandil, 7000, Argentina.

²Centro de Investigaciones en Física e Ingeniería del Centro de la Provincia de Buenos Aires (CIFICEN-UNCPBA-CONICET-CICPBA), Tandil, 7000, Argentina.

³CONICET, UEDD IPADS Balcarce INTA-CONICET, Tandil, 7000, Argentina.

ailensuarezb@gmail.com

El aumento sostenido de los gases de efecto invernadero (GEI), como metano (CH₄), dióxido de carbono (CO₂) y óxido nitroso (N₂O), tiene graves consecuencias climáticas. Los suelos aireados son relevantes en este contexto, ya que pueden actuar como sumideros o fuentes de GEI. En ellos coexisten bacterias metanotrofas, que oxidan CH₄ a CO₂ y agua, y metanogénicas, que lo generan en ausencia de oxígeno; su equilibrio está influido por condiciones ambientales. Los factores que más inciden en estos procesos son la temperatura, el contenido de humedad del suelo y el uso de la tierra, que afecta la estructura y la microbiota edáfica. El objetivo de este trabajo fue determinar las tasas de oxidación/emisión de CH₄ en suelos de un pastizal naturalizado (PA) y una forestación de *Pinus radiata* (PI), bajo condiciones controladas de temperatura (20 y 25 °C) y humedad (10, 50 y 100 % de la capacidad de campo, CC). Las muestras fueron tomadas en el predio El Centinela (Tandil, Buenos Aires), donde ambos usos de suelo están contiguos. Se seleccionaron tres parcelas (~15 m²) por tipo de cobertura, extrayendo muestras compuestas de suelo (0–10 cm de profundidad), que se refrigeraron hasta su análisis. Se colocaron 100 g de suelo húmedo en cámaras estáticas (triplicado por parcela), más un blanco autoclavado (30 min, 122 °C), y se realizó una incubación por 24 h, del cual posteriormente, se cerraron las cámaras y se extrajeron seis muestras de aire a intervalos de una hora con jeringas de 10 ml. Las concentraciones de CH₄ se determinaron por cromatografía gaseosa, y las tasas se calcularon mediante regresión lineal, considerando el volumen de la cámara y el peso de suelo seco. Los mayores valores de emisión se registraron en PI, y aumentaron con la temperatura. La emisión disminuyó al aumentar la humedad, observándose oxidación neta de CH₄ a 50 % CC y 20 °C, especialmente en PA. Esto sugiere que las bacterias metanotrofas dominan bajo condiciones intermedias, mientras que en otras prevalece la metanogénesis. Los resultados destacan como el uso del suelo, la humedad y la temperatura, influyen en el rol de los suelos como sumideros o fuentes de CH₄, un gas con fuerte impacto climático.

ByS8

Diversidad de macromicetos de sitios con diferente grado de alteración ambiental del Parque Provincial Potrero de Yala (Jujuy, Argentina)

González, M.A.¹, Ramírez E.H.¹, Martínez, I.G.¹, Ruiz, G.B.^{1,2}, Tejerina M.R.^{1,2}

¹Cátedra de Microbiología Ambiental, Facultad de Ciencias Agrarias-UNJu. San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

²Instituto de Ecorregiones Andinas, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (INECOA-CONICET). San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina.

gonzalezmarcia.ale@gmail.com

La diversidad de macromicetos constituye un indicador sensible del estado ecológico de los ecosistemas. Este trabajo evalúa la diversidad fúngica del Parque Provincial Potrero de Yala (Jujuy, Argentina) comparando dos sitios con distinta alteración: una zona de selva no antrópica (ZNA) y una zona antrópica (ZA) ocupada esporádicamente por visitantes. Se realizó observación, muestreo e identificación de macromicetos durante la primavera de 2024, registrando las especies presentes en cada sitio. En cada zona se recorrió un área de ≈ 2 km por sitio, registrando temperatura, humedad relativa y precipitación. Los macromicetos visibles se recolectaron en sobres de papel, se fotografiaron in situ y se consignó el sustrato. En laboratorio los ejemplares se secaron a 37 °C y se realizó la identificación taxonómica. Además, se analizaron mediante el software PAST, los índices de Shannon (H), Dominancia de Simpson (D) y Diversidad de Gini-Simpson ($1 - D$). La ZNA registró 27 especies y 101 individuos, con predominio de *Mycena* spp. (20), *Hygrocybe* spp. (15) y *Xylaria hypoxylon* (13). La ZA presentó 19 especies y 35 individuos distribuidos de forma más uniforme. A pesar de su menor riqueza y abundancia, la ZA mostró mayor diversidad efectiva ($H = 2,783$; $1 - D = 0,929$) y menor dominancia ($D = 0,071$) que la ZNA ($H = 2,695$; $1 - D = 0,899$; $D = 0,101$). Estos valores revelan que, en la ZNA, unas pocas especies concentran la mayoría de los individuos, reduciendo la equidad, mientras que la heterogeneidad de microhábitats generada por la intervención humana en la ZA favorece una distribución más equilibrada. No obstante, la mayor equidad observada en la ZA no implica mejores condiciones ambientales, pues el sitio presenta contaminación y perturbaciones visibles; la presencia de especies tolerantes podría explicar la alta diversidad registrada. Los resultados destacan que la diversidad fúngica debe interpretarse según el contexto de alteración, ya que no siempre indica buena calidad ambiental y ciertos parámetros pueden verse alterados.

ByS9

Caracterización de la diversidad bacteriana cultivable de la rizósfera del glaciar cubierto de Kinzl, cordillera blanca, Perú

Gamarra-Gamboa, G.^{1,2}; Rodríguez-Venturo, S.^{1,3}; Castillo-Vergara, F.^{1,2}

¹Centro de Investigación en Ciencias de la Tierra, Ambiente y Tecnología (ESAT). Universidad Nacional Santiago Antúnez de Mayolo. Huaraz, Áncash, Perú.

²Facultad de Ciencias del Ambiente. Universidad Nacional Santiago Antúnez de Mayolo. Huaraz, Áncash, Perú.

³Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.

gi.ecobiotem@unasam.edu.pe

Los glaciares cubiertos representan ecosistemas poco estudiados a nivel mundial, caracterizados por presentar condiciones ambientales particulares, donde se ha reportado la presencia de vegetación en su superficie. En estos ambientes, los microorganismos desempeñan un papel clave en la supervivencia y desarrollo de las plantas, especialmente en la rizósfera. En este contexto, la presente investigación tuvo como objetivo explorar la diversidad bacteriana cultivable en la rizósfera de tres plantas del glaciar cubierto de Kinzl, en la cordillera Blanca, Perú. Se recolectó la rizósfera de tres plantas presentes en la lengua del glaciar cubierto de Kinzl (*Lupinus* sp., *Calamagrostis* sp. y *Baccharis* sp.). Las muestras de suelo rizosférico se transportaron en cadena de frío al laboratorio, donde se realizaron diluciones y se sembraron en agar nutritivo. Luego, se realizó el recuento de colonias bacterianas y, el aislamiento y purificación de colonias morfológicamente diferentes. Posteriormente, se realizó la caracterización morfológica y fisiológica de los aislados bacterianos puros. Las características topográficas de altitud y pendiente de cada punto de muestreo fueron medidas en campo, y las propiedades fisicoquímicas del suelo como el pH y la conductividad eléctrica fueron analizados en el laboratorio. Se obtuvo un recuento de la comunidad bacteriana cultivable entre 2.17×10^6 y 3.6×10^9 UFC/g, donde *Baccharis* sp. presentó el mayor recuento, y *Lupinus* sp., el menor. Además, se logró aislar y purificar un total de 18 cepas bacterianas de las tres plantas estudiadas. La mayoría de cepas fueron circulares, con bordes lisos, convexas, de consistencia suave y de colores blanco y amarillo. La tinción Gram reveló que el 77.78% fueron Gram-positivas, con una predominancia de cocos (50%). En cuanto a la fisiología, todas las cepas crecieron a pH 7, un 97% a pH 9 y solo un 6% a pH 3. La temperatura de 20 °C favoreció el crecimiento de todas las cepas, pero a 5 °C y 40 °C el crecimiento se vio ligeramente reducido en algunas cepas. En relación al suelo, presentaron un pH entre 6.5 y 7.8, una conductividad eléctrica entre 434 y 967 uS/cm, pendientes entre 40 y 51°, y altitudes entre 4388 y 4418 m s.n.m. En particular, se evidenció que la altitud influyó en la diversidad bacteriana cultivable. Los hallazgos muestran que existe una diversidad de bacterias asociadas a la rizósfera de plantas en los glaciares cubiertos, que pueden variar en relación al tipo de vegetación y condiciones locales del suelo o de su hábitat.

ByS10**Micobiota cultivable de la hojarasca de bosques de *Nothofagus pumilio*, bajo diferentes prácticas de manejo en Tierra del Fuego, Argentina: un estudio comparativo**

Elíades, L.A.^{1*}; Ferreri, A.N.¹; Cabello, M.N.¹; Pancotto, V.²; Moretto, A.²; Tranchida, M.C.¹; Barrera, M.D.³; Saparrat, M.C.N.^{1,4,5}

¹ Instituto de Botánica Carlos Spegazzini, CONICET, (FCNyM-UNLP) 53 # 477, (B1900AVJ), La Plata, Argentina. [*lorenaeliades@yahoo.com](mailto:lorenaeliades@yahoo.com) (corresponding autor)

² Centro Austral de Investigaciones Científicas (CADIC-CONICET), Tierra del Fuego, Argentina.

³ LISEA, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, CC 31, 1900 La Plata, Argentina.

⁴ Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE), Universidad Nacional de La Plata (UNLP), CCT, La Plata. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Diag. 113 y 61, CC 327, (1900) La Plata, Argentina.

⁵ Cátedra de Microbiología Agrícola, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP, 60 y 119, (1900), La Plata, Argentina.

lorenaeliades@yahoo.com

Las prácticas de manejo forestal pueden modificar la productividad de los bosques y la diversidad microbiana asociada a su hojarasca, que constituye el vínculo entre el bosque y el suelo donde se desarrolla. Los bosques de *Nothofagus pumilio* (lenga) son la principal fuente de madera y uno de los recursos económicos más importantes de la provincia de Tierra del Fuego (Argentina). Sin embargo, no existe información sobre el impacto de las intervenciones de manejo forestal en la micobiota cultivable que coloniza la hojarasca de *N. pumilio*. Objetivo: Evaluar y comparar la estructura de las comunidades de hongos que colonizan la hojarasca de los bosques de *N. pumilio* en Tierra del Fuego (Argentina), sujetas al impacto de diferentes estados de manejo y períodos de tiempo desde la intervención. Métodos: Se recolectaron muestras en verano, otoño y primavera de hojarasca de varios sitios sujetos a tres estados de manejo, 1-bosques aprovechados bajo corta de protección; 2-áreas de acopio; 3- bosques control (sin aprovechamiento) con 1, 5–10 y 50 años de intervención. En el laboratorio, la hojarasca se colocó en una cámara húmeda para el desarrollo de hongos y su aislamiento. La identificación morfológica/sistemática se realizó mediante uso de microscopía y bibliografía actualizada. Se calculó la riqueza de taxones, la equitatividad y el índice de diversidad de Shannon. Resultados: La micobiota cultivable de hojarasca estuvo representada por 19 taxones. Las áreas de corta de protección y de acopio, tuvieron más especies y fueron más diversas que el control (riqueza = 10, 11 y 6 especies; índice de Shannon = 2.10, 2.16 y 1.64, respectivamente). El porcentaje de especies raras fue mayor en estas áreas en comparación con los sitios control (40 %, 55 % y 17 %, respectivamente). Conclusiones: La intervención forestal per se afecta la estructura de la micobiota cultivable de la hojarasca de *N. pumilio*. El tiempo desde la intervención muestra diferencias en las comunidades fúngicas. Las alteraciones en la micobiota de hojarasca que responden a la intervención forestal, resulta como indicador de afectación y recuperación del impacto de la tala de *Nothofagus*.

ByS11**Diversidad Microbiana en suelos abonados con cama de pollo de aves alimentadas con probióticos y promotores de crecimiento**

Lencinas, A.¹; Sosa, N.^{1,2}; Bersachia, D.²; Leiva, G.²; Barrios, H.A.¹; Prosdocimo, F.²; Curieses, S.P.¹

¹ Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina.

²Departamento de Tecnología, Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina.

silvanacurieses@gmail.com

El uso de la cama de pollos parrilleros (CP) como abono orgánico es una práctica habitual en la zona de estudio ya que permite reutilizar los subproductos de las granjas avícolas, mejorando la estructura del suelo, aumentando la retención de humedad y el contenido de nutrientes. Sin embargo, la CP puede contener microorganismos patógenos que alteren la comunidad microbiana afectando la productividad debido a su relevancia en el ciclado de nutrientes necesarios para el desarrollo de los cultivos. El uso de probióticos como alternativa de uso de antibióticos promotores de crecimiento (APC) ha ganado mucha aceptación, pero poco se conoce de su efecto ambiental. El objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad microbiana del suelo en parcelas experimentales, en las cuales se sembraron con un cultivo de trigo para silaje y se fertilizó con CP suplementados con APC y con bacterias lácticas como probióticos (BL). La CP que se aplicó es producto de dos ensayos consecutivos realizado en el galpón experimental de la UNLu donde se criaron pollos de la línea genética Cobb 500 durante 42 días. Las aves fueron alimentadas con un alimento comercial y se adicionó bacitracina de zinc 600 g/tn (APC) a un grupo y BL a otro en agua de bebida (1×10^7 UFC/l de agua) durante los primeros 7 días de vida. En el suelo se tomaron muestras compuestas al inicio, al mes y al finalizar el cultivo para el recuento de microorganismos cultivables heterótrofos totales, hongos, actinomicetes, solubilizadores de fosfato y celulolíticos, utilizando medios selectivos para cada grupo. Los resultados evidencian diferencias estadísticamente significativas para el recuento de microorganismos cultivables a lo largo del cultivo ($p < 0,05$) entre ambos tratamientos. En el caso de los hongos, se reducen los recuentos en ambos tratamientos, al igual que en los microorganismos solubilizadores de P. El tratamiento BL aumenta de manera significativa la cantidad de microorganismos heterótrofos totales hacia el final del cultivo. Los recuentos de actinomicetes no muestran cambios significativos, mientras que los microorganismos celulolíticos se incrementan en ambos tratamientos al finalizar el cultivo. Por último, el tratamiento BL posee un mayor número de microorganismos al comparar con el tratamiento de APC. Al mes de aplicación de la cama de pollo todos los microorganismos incrementan sus recuentos de manera estadísticamente significativas. En nuestras condiciones de ensayo la cama de pollo con BL evidencia una mejora en la diversidad microbiana con respecto a los pollos tratados con APC.

ByS12**Estudios microbiológicos y físico-químicos en suelos hortícolas de una región periurbana de la Provincia de Buenos Aires**

Curieses, S.P.^{1,2}; Argüello, C.R.^{2,3}; Barcos, S.C.J.²; Morales Santacruz, M.²; Garay, E.G.²; Ojeda, P.A.¹; Barrios, H.A.¹

¹ Departamento de Ciencias Básicas-Universidad Nacional de Luján, Luján. Buenos Aires, Argentina

² Programa de Estudios del Ambiente- Universidad Nacional de Moreno, Moreno, Buenos Aires, Argentina

³ Comisión de Investigaciones Científicas, Buenos Aires, Argentina.

silvanacurieses@gmail.com

La producción hortícola es una actividad intensiva que se da en el ámbito urbano y periurbano que genera alimentos frescos que abastecen a la población en los mercados de cercanía. Los establecimientos hortícolas se caracterizan por cultivar una gran diversidad de especies y por la adopción de diferentes prácticas de manejo agrícola. La diversidad microbiana en suelos hortícolas debe ser entendida como un condicionante fundamental para producir alimentos saludables y evitar disminución de microorganismos de suelo fundamentales en el ciclado de nutrientes, la supresión de patógenos y la promoción del crecimiento vegetal. El objetivo es estudiar la diversidad de microorganismos cultivables y parámetros físico-químicos en muestras de suelo pertenecientes a establecimientos hortícolas con diferente uso y tipo de manejo de la zona periurbana de la Provincia de Buenos Aires. Se tomaron muestras compuestas de suelos de 10 establecimientos hortícolas correspondientes a parcelas sembradas a campo e invernaderos con diferentes cultivos. Se realizó el recuento en placa de bacterias cultivables heterótrofas, hongos, actinomicetes, solubilizadores de fosfato y microorganismos celulolíticos. Se utilizaron medios selectivos para cada grupo y se cultivaron a la temperatura y tiempo adecuado para el crecimiento de los mismos. También se determinaron parámetros físico-químicos de los suelos tales como pH, conductividad, materia orgánica, humedad y capacidad de retención de agua. El análisis de los resultados indica que hay diferencias estadísticamente significativas ($p < 0.05$) en los grupos de microorganismos estudiados para los diferentes suelos estudiados. Por otra parte existen diferencias en la cantidad de microorganismos cultivables en los suelos utilizados con cultivo bajo invernadero y a cielo abierto. Los parámetros físico-químicos también evidencian diferencias estadísticamente significativas entre las producciones con diferente manejo agropecuario y según las formas de cultivo. Se puede observar que los cultivos hortícolas inducen cambios en el recuento de microorganismos cultivables y en los parámetros físico-químicos de los suelos. Esto puede conducir a largo plazo a una baja sustentabilidad del sistema por la degradación de los suelos. Incorporar los datos microbiológicos en el asesoramiento a los productores resulta fundamental para la adopción de prácticas agrícolas sustentables que eviten la pérdida de la diversidad microbiana.

ByS13

Diversidad microbiana de suelo en pastizales y palmar-pastizales del Parque Nacional El Palmar

Ghilini, D.¹; El Mujtar, V.²; Lassaga, S.¹; Melgares, E.¹; Cappellacci, M.¹; Figoni, G.¹; Wingeyer, A.¹

¹INTA EEA. Paraná. Entre Ríos. Argentina

²IFAB-CONICET. Bariloche. Río Negro. Argentina

ghilini.daniel@inta.gob.ar

Los ecosistemas de pastizal (PA) y palmar-pastizal (PP) del Parque Nacional El Palmar (PNEP) son el foco de sus estrategias conservativas. La caracterización de propiedades fisicoquímicas y microbianas (PFM) del suelo posibilitará supervisar las estrategias conservativas. Este estudio describe e identifica relaciones entre las PFM para PP y PA. Se tomaron 5 muestras compuestas de suelo en 10 sitios representativos (5 en PP y 5 en PA) a intervalo regular sobre una transecta en cada ecosistema. Se determinó densidad aparente del suelo (DA), humedad gravimétrica (HU), materia orgánica (MO), contenido de nitratos (NI), fósforo extraíble (P), pH, restos orgánicos (RO), textura, y conductividad eléctrica (CE). Se realizó un pool de 5 muestras de cada sitio para la determinación de la estructura de la comunidad microbiana (hongos y bacterias), (T-RFLP). Se determinaron índices de diversidad (S-Simpson, H-Shannon, J-Pielou, N° Hill) y matrices de distancia entre muestras (Bray-Curtis). Se evaluaron diferencias significativas (t-test) entre ambientes para cada variable, y correlaciones (Kendall) entre las variables fisicoquímicas. Se ordenaron las muestras en NMDS (T-RFs) y se redujo la dimensionalidad de las variables fisicoquímicas por PCA. Se correlacionaron (Kendall) las componentes principales (PC) del PCA con los índices de diversidad. Se realizó un PERMANOVA sobre el NMDS y el análisis de porcentaje de similitud (SIMPER) para determinar las diferencias de la estructura de la comunidad microbiana entre ambientes y evaluar que T-RFs aportaron a esta diferenciación. Se utilizó un umbral de significancia de 0,1 para todos los análisis estadísticos. Se hallaron diferencias significativas en el contenido de NI, MO, HU, DA, RO, %Arena y P entre ambientes. La media de S para hongos de PP (93) fue significativamente mayor que para PA (83,4), mientras que el H para PA (2,39) fue mayor que para PP (2,19). El NMDS mostró un buen ajuste (estrés 0,07), diferenciando las muestras por ecosistema. El PERMANOVA demostró un efecto significativo del tipo de ecosistema en la estructura de la comunidad para hongos. El SIMPER mostró que 13 T-RFs (11 fueron hongos) aportaron a más del 70% de la diferenciación. El PCA explicó el 67% de la varianza muestral en 2 PC. El PC1 (52,8%) se definió por MO (+), PH (+), RO (+), CE (+) y NI(-) y %Arena(-). El PC2 por P(+) y HU(+). El PC1 mostró correlación positiva con la S bacteriana y negativa con la S fúngica. La diferenciación microbiana entre ecosistemas está dada principalmente por la comunidad fúngica, lo que guarda relación con el aporte nutricional del medio. Estos resultados permitirán desarrollar una herramienta de gestión basada en PFM.

ByS14**Metodología para estudios de diversidad microbiana de suelo en pastizales y palmar-pastizales**

Ghilini, D.¹; El Mujtar, V.²; Lassaga, S.¹; Melgares, E.¹; Cappellacci, M.¹; Wingeyer, A.¹

¹INTA EEA. Paraná. Entre Ríos. Argentina

²IFAB-CONICET. Bariloche. Rio Negro. Argentina

ghilini.daniel@inta.gob.ar

El Parque Nacional El Palmar es un área protegida ubicada en Entre Ríos destinada a la conservación de la palmera endémica *Butia yatay*, distribuida en palmar-pastizales (PP) característicos de la región. Este ecosistema se alterna con ecosistemas de pastizales (PA) identitarios de la provincia fitogeográfica pampeana. Ambos ecosistemas constituyen objetivos estratégicos de las políticas conservativas del parque. Estudios fitosociológicos evidenciaron un grado de heterogeneidad en la estructura de la vegetación en estos ecosistemas, lo que podría reflejar condiciones del suelo homólogas. La caracterización fisicoquímica y microbiológica del suelo de estos ecosistemas requiere de un protocolo de muestreo específico que logre capturar la heterogeneidad ambiental. Con el objetivo de desarrollar dicho protocolo, se trabajó con información georreferenciada y no georreferenciada para la zonificación de sitios de muestreo. Se realizó el muestreo sobre una transecta de 250 metros para un parche de PP y para un parche de PA [Ambientes]. Se tomaron 5 muestras compuestas de suelo en forma de cruz en 5 posiciones de la transecta (25 muestras/ambiente) donde se determinó materia orgánica. Se realizó un pool de muestras de cada sitio para la determinación de la riqueza de hongos y bacterias por T-RFLP. Se generó un semivariograma de materia orgánica para PA y para PP, que determinó la distancia que recoge la heterogeneidad ambiental (semivarianza). Se modeló la acumulación de ribotipos microbianos en base al modelo de Colwell (2004). Se determinaron diferencias en la tasa de acumulación de ribotipos microbianos en base al intervalo de confianza de cada curva, y se determinó el n° óptimo de muestras como aquel que recoja el 90% de la riqueza esperada para bacterias y para hongos. El ajuste del semivariograma para PA fue un modelo sigmoide ($R^2=0,75$), alcanzó la meseta en 150 metros. Para PP ($R^2=0,55$) la semivarianza se amesetó a 200 metros. Las curvas de acumulación de T-RFs en función del esfuerzo muestral, generadas a partir del modelo de Colwell (2004), no mostraron diferencias significativas entre ambientes, lo que sugiere que la metodología logra capturar las diferencias entre ambientes. La asíntota de la curva de acumulación en función del esfuerzo muestral, tanto para bacterias, como para hongos se llegó en más de 30 muestras, sin embargo, con 10 muestras se recogería el 90% de la riqueza esperada, lo que representa un esfuerzo muestral eficiente. El protocolo propuesto logra capturar gran parte de la heterogeneidad ambiental evidenciada para los ecosistemas en estudio y resulta aplicable a estudios microbianos de bajo coste.

ByS15**Compuestos volátiles del purín de ortiga: efectos sobre nematodos y semillas**Stoeff Belkenoff, I.¹; Salas, A.²; Maydup, M.L.³; Rimoldi, F.¹; Peluso, M.L.¹¹Centro de Investigaciones del Medioambiente (CIM, UNLP-CONICET). La Plata, Bs. As., Arg.²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), IMyZA. Hurlingham, Bs. As., Arg.³Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE, UNLP-CONICET). La Plata, Bs.As. Arg.ivanabelkenoff@gmail.com

El purín de ortiga (PO) es un biopreparado usado como bioestimulante vegetal y para control de plagas y enfermedades hortícolas en producciones agroecológicas. Se elabora a partir de la fermentación aeróbica de ortiga (*Urtica* sp.) en agua, proceso durante el cual se desarrollan microorganismos que pueden producir compuestos orgánicos volátiles (COVs). El PO ha demostrado presentar toxicidad para organismos no blanco en exposiciones directas en medio acuoso, desconociéndose los constituyentes bioactivos responsables de estos efectos. El objetivo del trabajo fue estudiar la toxicidad de los COVs de un PO sobre semillas de *Lactuca sativa* y nematodos de vida libre *Caenorhabditis elegans* y *Panagrellus redivivus*. Se preparó el PO con la parte aérea de plantas de *U. dioica* y agua (1:10) revolviendo a diario durante 8 días y se filtró al finalizar la emisión de gases. Se realizaron tres bioensayos de toxicidad: 1) *L. sativa*; cada unidad experimental (UE) consistió en una placa de Petri de 15 cm conteniendo dos recipientes: uno con 5 ml de PO o agua (control negativo) y una placa de Petri de 9 cm abierta, con 20 semillas sobre papel de filtro húmedo. Se incubó en oscuridad a 25°C por 120 h y se evaluó la germinación y el crecimiento de hipocótilo y radícula. 2) nematodos en medio sólido; las UE consistieron en una placa de Petri de 15 cm conteniendo tres recipientes: uno con 10 ml de PO o agua (control negativo) y dos placas abiertas con agar-agua donde se inoculó 0,1 ml de suspensiones de 1400 *C. elegans*/ml y 800 *P. redivivus*/ml. Se incubó en oscuridad a 25°C por 48 h y se evaluó la supervivencia de los nematodos. 3) *P. redivivus* en medio líquido; el diseño fue similar al (2), usando agua en lugar de agar-agua como medio para los nematodos. Las UE fueron selladas con Parafilm® para evitar la dispersión de COVs. En semillas se observó inhibición significativa del crecimiento del hipocótilo ($\leq 11\%$) y de la radícula (entre 36% y 64%) respecto al control, mientras que la germinación no se vio afectada. En cuanto a los nematodos, no se observó mortalidad significativa; sin embargo, en los ensayos en medio sólido se observó una fracción de los nematodos ubicados en la zona inferior del agar, lo que podría indicar un efecto de repelencia. De acuerdo con los resultados, los COVs del PO no parecen inducir efectos letales en los organismos estudiados, pero sí efectos subletales en *L. sativa*. Futuros estudios deben orientarse a corroborar potenciales efectos sobre el comportamiento de los nematodos. Estos estudios aportan a la caracterización ecotoxicológica del PO.

ByS16

Uso de bioinsumos comerciales como promotores de crecimiento vegetal en frutilla

Benítez, D.A.^{1,3}; Jimenez, P.^{2,3}; Arita Vásquez, J.D.³; Mazziotti, F.M.⁴; Furio, R.N.^{2,5}; Kirschbaum, D.S.^{2,3}; Salazar, S.M.^{2,3}

¹CERGEN SRL®. Hurlingham, Buenos Aires. Argentina.

²Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, INTA. Famaillá, Tucumán. Argentina.

³Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria, UNT. SM de Tucumán, Tucumán. Argentina.

⁴Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, UNT. SM de Tucumán, Tucumán. Argentina.

⁵CONICET, CCT NOA SUR, SM DE Tucumán, Tucumán. Argentina.

ingenierodiegab@gmail.com

La necesidad de incorporar nuevos productos para el manejo del cultivo, respetuosos del medio ambiente y con menor impacto en la salud animal y humana, ha acelerado la búsqueda y la investigación de compuestos naturales que puedan promover el crecimiento vegetal. En este trabajo, se evaluó el efecto de distintos bioinsumos comerciales sobre la promoción del crecimiento en plantas de frutilla (*Fragaria ananassa* cv. San Andreas). Plantas de 14 semanas de edad fueron sometidas a distintos tratamientos: (T1) AZOSNITRO®, (T2) TRICHO-GEN®, (T3) CERDANA-D®, (T4) BIOGLUCONOGEN®, (T5) BIOINTELLIGENT® y plantas control. A los 60 días post-tratamientos se tomaron seis plantas/tratamiento y se analizaron las siguientes variables: índice de verdor (spad; SPAD Minolta 502), longitud aérea y radicular (cm), área foliar (cm²; Image J), superficie radicular (mg Ca(NO₃)₂, diámetro de corona (mm), contenido relativo de agua (%; mediante la determinación de pesos turgentes, frescos y secos de las hojas), peso seco de raíz y partes aéreas (g; en estufa a 60°C hasta peso constante). El análisis de biomasa mostró que todos los tratamientos promovieron un aumento del peso fresco aéreo, mientras que únicamente el tratamiento T2 indujo un incremento significativo en el peso fresco radicular. En cuanto al peso seco, T4 fue el único tratamiento que incrementó el peso seco de la parte aérea, mientras que T1, T2 y T3 favorecieron un aumento en el peso seco de las raíces. La longitud de la parte aérea aumentó significativamente en respuesta a todos los tratamientos, excepto T5, que no mostró diferencias con respecto al control. Por otro lado, la longitud radicular solo se incrementó significativamente en respuesta al tratamiento T1. Respecto a la evaluación de la corona, T3 promovió un mayor número de coronas por planta, mientras que T3, T4 y T5 indujeron un aumento tanto en el diámetro de la corona como en la superficie radicular, en comparación con las plantas control. Además, los tratamientos con T3 y T4 incrementaron el número de hojas por planta, mientras que T3 promovió, también, un aumento del área foliar. El contenido relativo de agua solo mostró un incremento significativo bajo el tratamiento con T1. Finalmente, la evaluación del contenido relativo de clorofila mediante lecturas SPAD indicó valores superiores al control en las plantas tratadas con T1, T2 y T3 al final del ensayo. Los resultados obtenidos evidenciaron un efecto significativo de los tratamientos en diversos parámetros morfológicos, tanto en la parte aérea como en la zona radicular de las plantas permitiendo mejorar el crecimiento vegetal de un modo sostenible y ambientalmente seguro.

ByS17

Diversidad de endófitos actinomicetes en distintas variedades de *Chenopodium quinoa*

Silva Nieto, R.^{1,2}; Tossi, V.E.^{1,2}; Agüero, J.J.³; Turco, F.^{1,2}; Tosar, L.^{1,2}; Causin, F.¹; Della Mónica, I.F.^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Laboratorio de Micología y Fitopatología. CABA, Buenos Aires, Argentina.

²CONICET - Universidad de Buenos Aires. Instituto de Micología y Botánica (INMIBO). Grupo de Endofitos. CABA, Buenos Aires, Argentina.

³Agencia de Extensión Rural INTA Hornillos. Maimará, Jujuy.

ifdellamonica@gmail.com

Chenopodium quinoa es una planta proveniente de la región comprendida por el noroeste de Argentina, Bolivia y Perú. La quinoa es considerada un pseudocereal con alto valor nutricional, capaz de crecer en ambientes con estrés abiótico y establecer asociaciones mutualistas con diversos endófitos. Dentro de estos microorganismos, los actinomicetes endófitos (A) poseen un elevado potencial para aliviar diversos tipos de estrés. Pese a esto, hasta el momento no se conoce si la asociación de A depende de las variedades de quinoa adaptadas a diversos ambientes. Por ello, se propuso como objetivo evaluar la diversidad de A de raíces y hojas de 4 variedades de quinoa sembradas en Posta de Hornillos, Jujuy (2400 m): Titicaca y Puno (costeras), RQ252 y RQ420 (andinas). Se esterilizaron superficialmente las hojas y raíces e incubaron en medio TWYE a 28°C por 4 semanas. Se aislaron los A, purificaron y agruparon en morfotipos (M). El total de A de raíz (155 cepas distribuidas en 21 M) fue significativamente mayor al obtenido de hoja (3 cepas de 3 diferentes M). Ambas variedades de altura presentaron 53 cepas en total, agrupados en 15 y 17 M para RQ252 y RQ420, respectivamente; mientras que las de Valle presentaron 18 y 31 A agrupados en 9 y 11 M para Titicaca y Puno, respectivamente. Se calculó el índice de diversidad de Shannon-Wiener para todas las variedades con los siguientes resultados: 1,105 (RQ252); 0,707 (Puno); 0,674 (RQ420) y 0,452 (Titicaca). El análisis estadístico mostró que la variedad Titicaca se encuentra asociada significativamente a una menor abundancia total de A en comparación con las variedades RQ252 y RQ420. Al estudiar la abundancia de A por M presentes en cada variedad, se observó que depende la variedad que se esté estudiando, cuál va a ser el M predominante. En particular, en la variedad RQ420 predominó el M17, mientras que para la variedad RQ252 fue el M12, para Puno el M2 y para Titicaca el M13. En conjunto estos resultados muestran que la abundancia de A de hoja es menor que la de raíz en todos los casos, y que a su vez las variedades de altura parecen presentar mayor diversidad y abundancia de estos microorganismos. Es posible que las variedades de altura, naturalmente sujetas a estrés abiótico, presenten mayor susceptibilidad a la colonización por A, aunque más estudios son necesarios para confirmar esta hipótesis.

Bioprospección microbiana

BM1**Bioprospección de endófitos de *Allenrolfea patagónica* especie halófila**

Ferreyro, F.S.¹; Manno, C.¹; Merlos, C.S.¹; Silvestro L.B.¹; Pacheco, G.¹; Fernandez, D.¹; Moreno, M.V.¹

¹Instituto de Biología Funcional y Biotecnología. Facultad de Agronomía, UNCPBA. Azul, Buenos Aires, Argentina.

caromanno1997@gmail.com

La condición de endófito está bajo la influencia de un sistema huésped-hospedante donde las interacciones entre organismos son intensas y los fenómenos de antagonismo y sinergismo están exaltados. En el sudoeste bonaerense se emplaza el Salitral de Vidriera, cuyas condiciones son adversas en factores abióticos como temperatura, salinidad, presión y radiación. Se exploró la diversidad de endófitos de raíz y hoja de *Allenrolfea patagónica*, como un primer paso hacia el estudio de su producción de metabolitos secundarios. El salitral se encuentra en el estuario de Bahía Blanca 38° 42' y 38° 49' S y los 62° 26' y 62° 8' W de clima mesotermal- subhúmedo seco. Se establecieron transectas continente-mar, y se seleccionaron 2 sitios de muestreo (S) en el arbustal bajo, se tomaron al azar 3 individuos de *A. patagónica* por S. Las variables edáficas se evaluaron a partir de una muestra compuesta de cada sitio. Los aislamientos de especies endófitas se realizaron a partir de 100 trocitos de raíz (R) y 100 de hojas sanas (H) de cada individuo, se desinfectaron superficialmente mediante sucesivos lavados con alcohol 80%, hipoclorito de sodio 4 %, alcohol 70% y agua destilada estéril cuyos tiempos variaron en función del sustrato (H y R) y se colocaron en placas de Petri con APG (2%) en cámara de cultivo para hongos a 22 ± 2 °C, con períodos de 12 horas de luz/oscuridad por 5 días. Los aislamientos obtenidos (145 para H y 46 para R) se repicaron en los medios necesarios para su identificación mediante técnicas micológicas de rutina. Se agruparon en 10 géneros y 6 sterilia para S1H y en 22 géneros y 8 sterilia para S2H, 12 géneros y 2 sterilia S1R y 4 géneros S2R. Se realizó un pre-screening de diferentes actividades biológicas a los fines de detectar aquellos aislamientos con potencial aplicación biotecnológica. La potencialidad antagónica, se evaluó en base a la técnica propuesta por Kamalraj y Muthumary (2012), frente a *Escherichia coli* ATCC 2592, *Staphylococcus aureus* ATCC 25292 y *Enterococcus faecalis* ATCC 29212. La potencial producción de enzimas extracelulares, se detectó mediante bioensayos para actividad celulasas, proteasas y lipasas. Las pruebas de antagonismo revelaron 15 aislamientos como potenciales controladores con halos de inhibición ≥ 15 mm. Se detectaron 24 aislamientos productores de celulasas, 17 productores de proteasas y 20 de lipasas. Estos resultados preliminares sugieren que los hongos endófitos obtenidos desde *A. patagónica* son productores de metabolitos secundarios de potencial uso en las diferentes industrias. Para lo cual resulta necesario continuar con los ensayos de curvas de producción, extracción y caracterización de los mismos.

BM2**Evaluación de bacterias lácticas en condiciones osmóticas y carbono limitante para inoculante de aceitunas saludables**

Juarez, L.R.M.¹; De la Fuente, C.¹; Garro, O.A.²; Garro, M.S.¹

¹Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA)-CONICET-FECIC-FML, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

²Instituto de Investigaciones en Procesos Tecnológicos Avanzados (INIPTA)-CONICET-UNCAUS, P.R. Sáenz Peña, Chaco, Argentina.

mgarro@cerela.org.ar

Argentina posee una destacada industria olivícola, especialmente en la región del NOA. La fermentación láctica de aceitunas aún suele realizarse de forma espontánea, ocasionando productos con calidad variable y limitada estandarización. Además, el empleo tradicional de salmueras con alta concentración de sodio (NaCl) se contrapone a las recomendaciones de salud pública, ya que la ingesta excesiva de sodio se asocia con hipertensión y enfermedades cardiovasculares. La sustitución parcial de NaCl por potasio (KCl) mejora el perfil nutricional, pero puede alterar la actividad microbiana y la estabilidad fermentativa. Con el fin de formular un inoculante láctico regional para la elaboración de aceitunas funcionales, se evaluó el crecimiento de siete bacterias lácticas (BL) aisladas de salmueras de fermentaciones naturales de aceitunas del NOA. Se analizaron los cultivos de *Lactiplantibacillus pentosus* CRL 1771, 1772, 1773, 1774 y 1776, *Lactiplantibacillus plantarum* CRL 1775 y *Lacticaseibacillus paracasei* subsp *paracasei* CRL 1777, en caldo MRS con 4 % total de sales (100 % NaCl, 100 % KCl, 70:30, 50:50 y 30:70 NaCl:KCl) a 30 °C durante 24 h, registrando DO₅₆₀ cada hora. Es importante tener en cuenta en este estudio que las salmueras presentan un bajo porcentaje de azúcares residuales (aproximadamente 1,40 g/L), disponibles para el metabolismo de las BL. Es por eso que el crecimiento también fue evaluado en MRS modificado, con disminución de la fuente de carbono (1 % y 0,5 % glucosa) para simular condiciones nutritivas limitantes. En los resultados podemos observar que el NaCl y el KCl afectaron el crecimiento de las cepas de manera similar, la cepa 1774 destacó como la más robusta en todas las concentraciones y combinaciones (μ 0,58-0,65), ideal para condiciones de alto estrés osmótico y reducida fuente de carbono, mientras que la cepa 1777 resultó la más sensible con crecimiento limitado en todos los medios (μ 0,26-0,31). Las cepas 1771, 1772, 1773, 1775 y 1776 mostraron un comportamiento intermedio, con mejor desempeño en medios con mayor proporción de KCl respecto de NaCl. En conclusión, la cepa CRL 1774 se perfila como excelente candidata para la formulación de un cultivo iniciador tolerante a estrés salino y a limitaciones de carbono, lo cual contribuiría a la producción de aceitunas fermentadas saludables, estandarizadas y acordes a las nuevas demandas del consumidor y de la industria agroalimentaria.

BM3**Banco de *Trichoderma* del NOA: potencial biotecnológico para el uso agrícola**Herrera, V.¹; Coronel, V.¹; Kaen, R.¹; Lima, N.B.¹; Carrasco, F.^{1,2}

¹Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Catamarca. San Fernando del Valle de Catamarca (4700), Catamarca, Argentina.

²Laboratorio de Fitopatología, Estación Experimental Agropecuaria, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Sumalao, Valle Viejo (4705), Catamarca, Argentina.

carrasco.franca@inta.gob.ar

La demanda de productos biológicos, destinados a los sistemas de producción agrícola, es cada vez mayor. En este sentido, los bancos de recursos genéticos microbianos, juegan un rol importante como proveedores de microorganismos benéficos con múltiples características biotecnológicas, tales como el control de patógenos de plantas y la promoción del crecimiento vegetal. Este trabajo tuvo como objetivo, poner en valor el Banco Germoplasma de *Trichoderma*, perteneciente a la FCA-UNCa y la EEA Catamarca-INTA, mediante la caracterización de cepas nativas, colectadas de diversos ambientes de la Provincia. En este estudio se evaluó la capacidad de 32 aislados del género *Trichoderma*, para producir metabolitos de interés: (i) agentes solubilizantes de fosfatos, (ii) sideróforos capaces de convertir el hierro férrico en formas solubles, y (iii) ácido indol-3-acético (AIA) y análogos de auxinas. A su vez, se determinó la capacidad antagonista frente a diversos patógenos de cultivos: *Verticilliumdahliae*, *Phytophthora* sp., *Phytium* sp., *Fusarium* sp y *Alternaria* sp. Diferentes métodos cualitativos fueron empleados, *in vitro*: medio Pikovskaya's Broth (MPB), medio Cromo azurolsulfonato (CAS) y medio L-Trip, para los casos (i), (ii) y (iii), respectivamente. Para el caso del antagonismo, se realizaron enfrentamientos en cultivo dual. Once cepas alcanzaron un índice elevado de solubilización de fosfatos mayor a 4 ($IS \geq 4$); 6 cepas demostraron capacidad quelante de hierro mediante la producción de sideróforos del tipo hidroximato; 13 cepas resultaron productoras de auxinas entre AIA (7) y otros análogos (6). Dieciséis cepas mostraron valores de inhibición de crecimiento de patógenos mayor a 60% pero solamente en 5 de ellas se observó micoparasitismo. De las 32 cepas evaluadas, solo 5 poseen múltiples características. Los resultados demuestran el potencial de las cepas del Banco de *Trichoderma* para el desarrollo de soluciones adecuadas como respuesta a los desafíos de la agricultura actual.

BM4**Biofilms y EPS en bacterias extremófilas tolerantes al Li**Ferretti, D.F.¹; Diedrich, E.²; Rajal V.B.; Irazusta, V.^{1,2}¹Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta (UNSa), Salta, Argentina.²INIQUI - CONICET - UNSa, Salta, Argentinairazustaveronica@gmail.com

Los salares de la Puna albergan microorganismos capaces de sobrevivir en condiciones extremas. Una de sus principales estrategias adaptativas es la producción de biofilms y sustancias poliméricas extracelulares (EPS), compuestas por carbohidratos, proteínas, lípidos, entre otras moléculas, que podrían desempeñar un papel clave en la interacción con metales como el litio (Li). El objetivo de este trabajo fue evaluar la producción y cuantificación de biofilms, y la extracción de EPS en cinco cepas bacterianas tolerantes al Li: HX11, HA120A, SX139, HX116 y V8. Para la cuantificación de biofilms, se incubaron inóculos de cada cepa en caldo nutritivo (CN) durante 24 h a 180 rpm y 30 °C. Luego, se sembraron seis réplicas por cepa en microplacas estériles de 96 pocillos con una absorbancia inicial (600 nm) de 0,1 y se incubaron durante seis días en las mismas condiciones. Las placas se tiñeron con cristal violeta al 0,1 % y los biofilms producidos se cuantificaron, utilizando un lector de placas (600 nm). Se evaluaron combinaciones metodológicas de la tinción: con o sin fijación previa, y distintos solventes. Para la extracción de EPS, las cepas se cultivaron en CN durante 48 h a 150 rpm y 30 °C. Se centrifugó cada cultivo (10 min, 4 °C, 15.300 xg), se lavó el pellet y se centrifugó nuevamente. Se agregaron 80 ml de agua destilada al pellet obtenido y se dividió la suspensión de células en 8 tubos (10 ml cada uno). Se evaluaron cuatro tratamientos por duplicado: 1) control (centrifugación) 2) calor (baño a 80 °C, 1 h), 3) EDTA (0,5 g/L, 4 °C, 3 h), y 4) etanol absoluto (-20 °C, 24 h). Los primeros tres tratamientos se centrifugaron (10 min, 4 °C, 20.000 xg) para obtener el sobrenadante, mientras que del 4 se recuperó el precipitado. Los EPS libres de células se recuperaron por filtración (0,22 µm) y se cuantificaron carbohidratos, proteínas y lípidos, utilizando los métodos Antrona, Bradford y sulfo-fosfo-vainillina. Respecto a la cuantificación de biofilms, el tratamiento sin fijación y con etanol mostró diferencias estadísticamente significativas para la cepa HX11. No se observaron diferencias entre los tratamientos para el resto de las cepas. La cepa HA120a presentó la mayor producción de biofilms, seguida por la cepa V8. El método 4 fue el más eficiente para la extracción de EPS, y la cepa HA120A fue la que mayor cantidad de EPS produjo. En la mayoría de los casos los carbohidratos fueron los componentes predominantes. En la cepa V8 las proteínas fueron las predominantes. Estos resultados permiten establecer procedimientos estandarizados para futuras investigaciones sobre el papel de las EPS en la interacción con el Li.

BM5

Caracterización fisiológica de aislamientos de *Metschnikowia pulcherrima* con actividad biocontroladora en poscosecha de uva de mesa

Lladó, C.M.^{1,3}; Neila, A.²; Pedrozo, L.P.^{1,2}; Yafar, Y.^{1,3}; Pesce, V.M.^{1,3}; Nally, M.C.^{1,3}.

¹Instituto de Biotecnología, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de San Juan, Argentina.

²Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de San Juan, San Juan, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina.

cecillado239@gmail.com

Los aislamientos *Metschnikowia pulcherrima* Mp22, Mp36 y Mp43 han demostrado gran eficacia para inhibir el desarrollo de hongos fitopatógenos tales como *Botrytis cinerea* y *Penicillium expansum* en uva para consumo en fresco (*Vitis vinifera* cv. Superior Seedless), en poscosecha a 2 ± 1 °C. En el marco de la prospección de levaduras de biocontrol aplicadas en alimentos de consumo directo, es fundamental descartar rasgos como actividad hemolítica o producción de ureasa, que podrían comprometer su inocuidad. De igual modo, conocer su capacidad de sobrevivir a temperaturas corporales y a distintos niveles de acidez aporta información clave sobre su posible comportamiento y su potencial multifuncionalidad en el organismo humano. Para ello, se evaluó la actividad hemolítica en placas de agar sangre (5% de sangre de oveja defibrinada), incubando las levaduras a 37°C durante 48 horas para observar la presencia de hemólisis alfa o beta alrededor de las colonias. La actividad ureasa se determinó en medio Christensen suplementado con urea al 40 %, incubado a 37 °C durante 24 h; un cambio de color de amarillo-naranja a rosado-rojo indicó hidrólisis de urea. Para simular las condiciones del tracto gastrointestinal (TGI), se realizaron dos ensayos independientes para evaluar supervivencia: uno a temperaturas fisiológicas y febriles, y otro a pH ácidos. Levaduras activadas se inocularon en NaCl 0,9 g/L a 25°C y 100 rpm durante 48 h para agotar reservas. Luego, se sembraron 100 UFC/mL en YPD agar e incubaron 48 h a 25°C (control), 37 °C y 42°C. Se calculó el porcentaje de supervivencia comparando unidades formadoras de colonias (UFC) con el control. La tolerancia a pH se evaluó cultivando levaduras (1×10^6 UFC/mL) en caldo YPD a pH 2, 3 y 4,6 (control), 4 h a 37°C y 100 rpm. Se determinó el porcentaje de supervivencia comparando UFC iniciales y finales. Ninguno de los aislados presentó actividad ureasa ni hemolítica como tampoco se observó crecimiento a 42 °C. A 37 °C, respecto al control (100 %), Mp22 alcanzó un 23 %, Mp36 un 82 % y Mp43 un 53 % de crecimiento. Respecto a la tolerancia a pH 2 y 3, Mp22 mostró una supervivencia del 52,85% y 88,28%; Mp43, del 17,29% y 100%; y Mp36, del 0% y 73,58%, respectivamente. En conclusión, la ausencia de hemólisis y de actividad ureasa resultan indicadores de inocuidad. La ausencia de crecimiento a 42 °C indica que su uso no implicaría riesgo de proliferación bajo condiciones febriles, mientras que la viabilidad moderada a 37 °C da indicios de su capacidad de supervivencia en el TGI. La supervivencia a pH en cada caso revela que pueden tolerar las condiciones gástricas simuladas. Dada la naturaleza preliminar de estos ensayos *in vitro*, es necesario complementar con estudios *in vivo* o simulaciones

más complejas para validar el potencial multifuncional de las levaduras antifúngicas en el cuerpo humano.

BM6

Evaluación de producción de auxinas y solubilización de fosfatos en consorcios bacterianos formulados a partir de aislamientos rizosféricos y filosféricos

Flores, S.B.¹; Ojeda, A.A.¹; Yarte, M.E.¹; Salotti, A.H.^{1,2}; Larraburu, E.E.^{1,3}

¹Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales "Berta. E. Llorente" (CULTEV). Departamento de Ciencias Básicas. Universidad Nacional de Luján. Buenos Aires. Argentina.

²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CIC). La Plata. Buenos Aires. Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina.

soledadf.bio@gmail.com

El uso de bacterias promotoras del crecimiento vegetal en los cultivos promueve una agricultura sustentable, permitiendo un mejor desarrollo y productividad de las plantas mediante la fijación de nitrógeno, incremento en la absorción de fósforo, síntesis de auxinas, entre otros. El objetivo de este trabajo es evaluar el potencial de bacterias nativas aisladas de rizósfera (RZ) y la filosfera (FH) de *Brassica oleracea* var. *gemmifera* con el fin de formular consorcios multifuncionales con capacidades sinérgicas. La investigación se centró en identificar interacciones microbianas beneficiosas evaluando la solubilización de fosfato y la producción de auxinas como variables de referencia mediante dos estrategias de selección (al azar para RZ y mayores productoras de auxinas para FH). La solubilización de fosfato se cuantificó mediante medio PVK, mientras que la producción de auxinas utilizando el método de Salkowsky. Se utilizaron 5 cepas RZ y 5 cepas FH. Se formularon consorcios binarios, ternarios, cuaternarios y quinaros dentro de cada grupo, manteniendo un volumen total de inóculo constante. Se calculó la "Diferencia" entre el rendimiento del consorcio y el promedio de sus componentes individuales. Para la solubilización de fosfato, las FH mostraron una mayor proporción de sinergias significativas (alrededor del 65% de las combinaciones) en comparación con las RZ (50%). Ambos grupos, sin embargo, presentaron algunas interacciones antagónicas y neutras. En cuanto a la producción de auxinas, las FH tuvieron mayor frecuencia de sinergias (más del 60%) mientras que las RZ exhibieron una mayor propensión al antagonismo. Además, se identificaron consorcios multifuncionales prometedores en ambos grupos, capaces de potenciar tanto la solubilización de fosfato como la producción de auxinas. Se observaron casos de complementariedad funcional, donde bacterias individualmente poco efectivas se volvieron sinérgicas al unirse. Los resultados demuestran el amplio potencial de las bacterias de rizosfera y filosfera para formar consorcios sinérgicos con aplicación en biofertilizantes. La identificación de consorcios multifuncionales y el entendimiento de la complementariedad funcional son pasos críticos para diseñar formulaciones microbianas complejas y efectivas que optimicen el desarrollo vegetal y aumenten su productividad.

BM7**Actividad antifúngica de pigmentos extraídos a partir de *Pycnoporus sanguineus* cultivado en sustrato sólido de bajo costo**

Bader, A.N.¹; Castelli, M.V.²; López, S.²; Álvarez, V.³, Consolo, V.F.¹;

¹Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC-CONICET) y Fundación para la Investigaciones Biológicas Aplicadas (FIBA), Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas-Universidad Nacional de Rosario (FCByF-UNR), Rosario, Santa Fe, Argentina.

³Instituto de Investigaciones en Ciencia y Tecnología de Materiales (INTEMA-UNMdP-CONICET), Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.

aracelibdr@gmail.com

Los hongos producen metabolitos secundarios, entre ellos, pigmentos con potencial antimicrobiano. *Pycnoporus sanguineus*, un basidiomiceto inocuo, destaca por sus pigmentos bioactivos y su potencial para aplicaciones biotecnológicas. Evaluar su actividad frente a hongos contaminantes y productores de micotoxinas es relevante para la conservación de alimentos y productos naturales. El objetivo de este trabajo fue optimizar la extracción de pigmentos de una cepa de *P. sanguineus* y analizar su potencial inhibitorio sobre *Aspergillus niger* y *Penicillium citrinum*, dos especies fúngicas de importancia sanitaria e industrial. Para ello, el hongo se cultivó durante 21 días en un sustrato sólido a base de salvado de trigo y arroz, observándose una colonización completa por micelio aéreo y una intensa pigmentación naranja característica. El pigmento se extrajo con etanol, combinaciones con NaHCO₃ y Triton X-100, o acetato de etilo. La combinación de etanol con Triton X-100 y NaHCO₃ mostró la mayor eficiencia de extracción por g de sustrato $0,106 \pm 0,004$ g/g. Se cuantificaron carbohidratos, proteínas y lípidos totales en cada extracto, obteniéndose valores que oscilaron entre $3,0 \pm 1$ y $13,6 \pm 1,3$ % para los carbohidratos, entre 0 y $5,9 \pm 7$ % para las proteínas, y entre $8,2 \pm 2,3$ y $72,4 \pm 8,3$ % para los lípidos, según la condición de extracción utilizada. La espectroscopía FTIR del extracto etanólico mostró señales compatibles con cinabarina, incluyendo una banda intensa a 1600 cm^{-1} y picos atribuibles a compuestos aromáticos nitro entre 1500 y 1300 cm^{-1} . Por otro lado, el extracto etanólico se fraccionó con hexano y se analizaron los perfiles mediante TLC automatizada que reveló tres pigmentos principales en ambas fracciones. Finalmente, se evaluó la actividad antifúngica de los extractos etanólicos frente a *P. citrinum* y *A. niger*, determinándose una inhibición dependiente de la dosis (5, 10 y 25 mg de pigmento/mL de medio) en ensayos de dilución en agar, con valores de inhibición de hasta 19 ± 0 % y 55 ± 12 %, respectivamente en los ensayos de 25 mg/mL. En conjunto, estos resultados destacan el potencial de los pigmentos de *P. sanguineus* para aplicaciones biotecnológicas y subrayan la importancia de simplificar los procesos y optimizar los sistemas de extracción para favorecer su escalado industrial.

BM8

Selection of microbial consortia to improve growth and fruit quality in tomato plants under water limitation

Orellana, D.^{1,2}; Peñailillo, N.^{1,2}; Moldhane, C.^{1,2}; García, C.²; Stowhas, T.²; Olmedo, P.¹; Santander, C.³; Perez-Moncada, U.³; González, F.³; Pérez, R.⁴; Celis-Diez, J.L.^{1,2,5}; Cornejo, P.^{4,6}

¹Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agronómicas y de los Alimentos, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Quillota, Chile.

²Centro Regional de Investigación e Innovación para la Sostenibilidad de la Agricultura y los Territorios Rurales (Ceres), Quillota, Chile.

³Departamento de Cs. Químicas y Rec. Nat. Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.

⁴Centro de Estudios Avanzados en Fruticultura (CEAF), Rengo, Chile.

⁵Institute of Ecology and Biodiversity (IEB), Santiago, Chile.

⁶Centro Tecnológico de Suelos y Cultivos (CTSyc), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Talca, Chile.

daniela.orellana.m@mail.pucv.cl

In Chile, agricultural production has been strongly affected by a strong mega-drought for over 10 years, which is projected to be intensified by 2050. Water availability is crucial for plant growth, development and fruit quality. To meet food demand, it will be necessary to implement sustainable agricultural management that maintains high yields and minimizes environmental impact. In this scenario, the use of plant growth-promoting microorganisms, that can solubilize phosphorus, improve yield under abiotic stress such as cold, salinity and drought, emerge as a pivotal alternative. Currently, most studies focus on how these microorganisms improve plant growth, but there is scarce information on whether the fruits of stressed plants exhibit changes in nutritional and organoleptic quality. Therefore, our goal is to analyze different rhizosphere microorganisms to design consortia and inoculate plants of *Solanum lycopersicum*. Tomato plants were inoculated with several microbial strains of bacteria, yeasts and arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) and physiological traits were measured. Changes in hydric potential (decrease of 10-30%), stomatal conductance (increase of 10-20%), foliar growth (increase of 30-100%) under drought conditions were registered as used to select the most promising ones and formulate tripartite consortia. Further, the consortia, four different formulates, were applied in the nursery stage and then established in the field under drought conditions. Hydric potential shows a decrease of 30%, photosynthesis rate decreases of 25%, root biomass increase of 80%, foliar biomass increase of 32% and production (increase of 20%) under drought conditions, demonstrated that the best consortia include the AMF *F. mosseae*, bacteria *B. tequilensis* and yeast *R. Mucilaginosa*. This preliminary results in improvement of fruit quality using consortia in tomato plants will contribute to the generation of biotechnological sustainable options based on natural microbial resources to improve both the local ecotypes and commercial tomato varieties.

BM9

Rol antagónico de *Pseudomonas* epífitas en un patosistema de almendro condicionado por heladas

Basso, C.N.^{1,2}; Gutiérrez M.S.²; Ousset J.^{1,2}, Alippi, A.M.³, Sosa, M.C.^{1,2}

¹IBAC, CITAAC (UNCo – CONICET). Cinco Saltos, Rio Negro, Argentina.

²FaCA UNCo. Cinco Saltos, Rio Negro, Argentina.

³CIDEFI, FCAyF UNLP. La Plata, Buenos Aires, Argentina.

carlanahirbasso@gmail.com

En almendros (*Prunus dulcis*) cultivados en zonas templadas-frías con heladas que predisponen a infecciones fúngicas, la microbiota epífita resulta clave en estas interacciones. Se evaluó la actividad antagónica de *Pseudomonas* epífitas sin actividad nucleadora de hielo (INA-) frente a hongos patógenos, aislados de un cultivo comercial de las variedades Guara (temprana) y Mardía (tardía) en Cipolletti (RN), en cuatro estadios fenológicos (EF) sensibles a heladas: yema hinchada (YH), plena flor (PF), fruto cuajado (FC) y fruto joven (FJ). Se analizaron n=262 aislados bacterianos (AB) del género *Pseudomonas* con prueba de nucleación de hielo a -5 °C (método de gotas en baño térmico). Se seleccionaron 106 AB para agruparlos genéticamente mediante (*PCR-fingerprinting* con primers BOXA1R), y 39 AB representativos (por variedad y EF) para probar patogenicidad en flores y frutos de almendro. Las inoculaciones se realizaron con una gota de 15 µl de suspensión bacteriana ajustada a 0,5 McFarland sobre el gineceo floral y por heridas en FC. Los síntomas se determinaron a los 10 días bajo lupa estereoscópica. Se clasificó la severidad con escalas específicas por variedad. Del total de AB, se seleccionaron n=10 INA-, caracterizados por pruebas bioquímicas (Levan, Oxidasa, Pectólisis en papa, Arginina dihidrolasa) y no patógenas, para ensayo de antagonismo *in vitro* en cultivos duales frente a seis aislados fúngicos patógenos identificados por ITS como *Alternaria arborescens* (2), *A. alternata* (1), *Epicoccum nigrum* (3) y *Cladosporium herbarum* (1). Se sembraron estrías de AB en medio APD (pH 6,5), a 30 mm del centro de la placa, para incubar a 48 h a 20 °C. Luego se colocó un disco micelial (3 mm) en el centro. Como testigos, se usaron discos de micelio sin siembra bacteriana. Se midió el diámetro de las colonias fúngicas a los 7d. El porcentaje de inhibición entre cepas bacterianas fue comparado mediante test de Tukey post hoc ANOVA. A los AB que se destacaron por antagonismo, se los caracterizó para la producción de biofilm por tinción con cristal violeta (570 nm), y la supervivencia a luz UV-B con evaluación del crecimiento en medio líquido (600 nm). Cuatro cepas tuvieron actividad antagonista significativa (69,77% a 45,53% inhibición) y perfiles genéticos diferentes. Todos los AB produjeron *biofilms* (abs 0,511 a 1 nm); y crecieron ante la exposición a luz UV indicando posibles mecanismos de reparación y hormesis. Los resultados sugieren un rol potencial de AB epífitos en el biocontrol del patosistema del almendro bajo las condiciones predisponentes a heladas de la Nor Patagonia.

BM10**Efectos de consorcios bacterianos en la promoción de la germinación de *Luehea divaricata***

Vaccaro, G.^{1,2}; Yarte, M.E.¹; Salotti, A.E.^{1,2}; Larraburu, E.E.^{1,3}.

¹ Laboratorio de cultivo de tejidos vegetales "Berta E. Llorente", Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Luján, Argentina.

² Comisión de Investigaciones Científicas (CIC), La Plata, Argentina.

³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Argentina.

Gianfrancovaccaro84@gmail.com

Las bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPB) estimulan procesos fisiológicos claves para el desarrollo de plantas, como la germinación de semillas, mediante la síntesis de fitohormonas y otros metabolitos secundarios. En este trabajo se seleccionaron cinco cepas bacterianas (*Methylobacterium* sp. L10, *Rhizobium* sp. L12, *Stenotrophomonas* sp. L20, *Advenella* sp. L21 y *Bacillus* sp. L25), previamente aisladas en el laboratorio e identificadas por su potencial PGPB. Las cepas se cultivaron hasta una concentración de 1×10^7 UFC·mL⁻¹ y se conformaron consorcios bacterianos en un diseño sustitutivo, manteniendo constante la biomasa total e incorporando un carrier de carboximetil celulosa y almidón (1:1 al 2%). El objetivo fue evaluar las interacciones funcionales entre estas cepas y su efecto en la germinación de semillas de *Luehea divaricata*, recolectadas en Luján, Buenos Aires. Las semillas se cultivaron en tubos con medio MS (Murashige & Skoog) suplementado con vitaminas de Gamborg e inoculadas con 100 µL del consorcio correspondiente. Los porcentajes de germinación fueron registrados durante seis semanas y se empleó un diseño factorial incompleto considerando como factores presencia/ausencia de cada cepa. Para evaluar la interacción funcional entre cepas se utilizó un índice basado en un modelo aditivo, que permitió clasificar las combinaciones como sinérgicas ($I > 0$), antagónicas ($I < 0$) o neutras ($I = 0$). Además, se realizó un ANOVA y comparación de medias con test de Tukey ($p < 0,05$), utilizando IBM SPSS v.21. Los resultados mostraron que la mayor parte de los consorcios presentaron interacciones sinérgicas, con aumentos significativos en la germinación respecto a cepas individuales. En particular, L12-L20, L12-L21 y L12-L25 registraron una germinación significativamente temprana en la semana cuatro. En contraste, el consorcio L10-L21 evidenció una interacción antagónica, con menor germinación que sus componentes individuales. En conclusión, las interacciones entre cepas PGPB influyen significativamente en la germinación de *Luehea divaricata*. Las combinaciones sinérgicas potenciaron el efecto promotor en la germinación temprana, atribuible a la co-producción de fitohormonas. La interacción antagónica observada destaca la necesidad de optimizar las formulaciones bacterianas. Estos hallazgos aportan bases para el desarrollo de bioinoculantes multicepas dirigidos a la mejora del establecimiento de especies nativas, con aplicaciones en conservación y biotecnología vegetal.

BM11

Potencial biocontrolador de bacterias rizosféricas aisladas de un agroecosistema hortícola sustentable

Achával, F.E.¹; Meneguzzi, N.²; Narmona, L.R.²

¹UADE. Facultad de Ingeniería y Cs. Exactas. Cdad Aut. de Buenos Aires, Bs.As., Argentina.

² INTA-IPAVE; UFYMA (INTA-CONICET). Córdoba Capital, Córdoba, Argentina.

meneguzzi,natalia@inta.gob.ar

La agricultura sostenible promueve el uso de procesos biológicos para el manejo sanitario de cultivos, y desde este enfoque se ha intensificado la búsqueda de microorganismos con potencial como agentes de biocontrol de patógenos. Con el objetivo de conformar una colección de cepas bacterianas con actividad antagonista, en este estudio se recolectó una muestra de suelo de una quinta en transición hacia la agroecología, ubicada en el cinturón hortícola de la ciudad de Córdoba. La zona muestreada se encontraba cubierta con un cultivo de servicios compuesto por *Vicia villosa* y *Avena* sp. Para aislar bacterias en condiciones de laboratorio, se realizaron diluciones seriadas de la muestra de suelo que se sembraron en medio de cultivo Küster. Se preseleccionaron aislamientos bacterianos a través del enfrentamiento *in vitro* frente al hongo fitopatógeno *Neopestalotiopsis clavispora*, agente causal de necrosis de raíz y corona en frutilla (*Fragaria* × *ananassa*). Se obtuvieron 120 aislados bacterianos de los cuales 20 inhibieron el crecimiento del patógeno. Para cuantificar la capacidad de biocontrol de estos aislados, se realizaron ensayos de cultivo dual, frente a cuatro hongos de suelo de relevancia para el cultivo: *Macrophomina phaseolina*, *Phytophthora cactorum*, *Rhizoctonia* sp. y *N. clavispora*. Los enfrentamientos se realizaron en el medio PDA sólido, incubados durante 7 días a 28°C, con 3 repeticiones cada uno. Los resultados evidenciaron una respuesta diferencial entre los aislados bacterianos, destacándose la cepa B604, que causó niveles de inhibición del crecimiento de los fitopatógenos evaluados superiores al 75%. Estos hallazgos destacan el potencial biotecnológico del aislamiento B604 como agente de biocontrol, constituyendo un avance promisorio hacia el desarrollo de bioinsumos que permitan reducir el uso de fitosanitarios sintéticos en sistemas agrícolas, y así contribuir a una producción más sustentable.

BM12**Ambientes extremos y metagenómica *Shotgun*. Bioprospección de las comunidades microbianas del Sistema Geotermal Caviahue-Copahue**

Gallicet, M.¹; Safar, C.¹; Barbieri Oliveri, L.²; Castro, C.^{3,4}; Urbietta, M.S.¹; Guerrero, L.²; Cuadros Orellana, S.⁵; Donati, E.¹; Erijman, L.².

¹Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (UNLP-CONICET). La Plata, Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

³YPF Tecnología S.A. (Y-TEC). Berisso, Buenos Aires, Argentina.

⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Argentina

⁵Laboratorio de Genómica y Microbiología Aplicada (UCM). Talca, Maule, Chile.

camila.a.castro@ypftecnologia.com

El estudio de la diversidad microbiana en ambientes geotermales ha sido históricamente abordado desde enfoques ecológicos, biotecnológicos y biogeoquímicos, revelando comunidades adaptadas a condiciones extremas de temperatura, pH y altas concentraciones de metales pesados. Estas comunidades albergan microorganismos con rasgos metabólicos únicos y de gran interés biotecnológico. No obstante, los métodos dependientes de cultivo han limitado durante décadas el conocimiento del microbioma completo, excluyendo organismos no cultivables que desempeñan funciones clave en los procesos geoquímicos locales. El Sistema Geotermal Caviahue-Copahue, situado en la provincia de Neuquén (Argentina), constituye un entorno ideal para este tipo de estudios. La actividad del volcán Copahue, una de las principales fuerzas modeladoras del ecosistema, genera condiciones altamente variables que influyen directamente sobre las características fisicoquímicas del ambiente y, consecuentemente, sobre su diversidad microbiana. En este trabajo se emplearon herramientas de secuenciación de nueva generación (NGS) para acceder a la fracción no cultivable del microbioma. Se extrajo el ADN total de lodos arcillosos provenientes de seis pozos geotermales con variabilidad en pH, temperatura y potencial redox para su secuenciación metagenómica *Shotgun*. Su posterior procesamiento bioinformático y análisis permitieron recuperar MAGs (genomas ensamblados a partir de metagenomas), obtener perfiles taxonómicos de las comunidades microbianas e identificar funciones metabólicas de relevancia ambiental. Estos resultados aportan nueva información sobre la biodiversidad microbiana del sistema y sientan las bases para futuras investigaciones dirigidas a comprender los roles ecológicos y funcionales de estos microorganismos en ambientes extremos.

Enseñanza y aprendizaje de la microbiología

EyAM1**Estilos de aprendizaje según el modelo de Kolb en la formación en Protección y Saneamiento Ambiental**Pucci, G.¹

¹Departamento de Bioquímica FCNyCS-UNPSJB y CEIMA Comodoro Rivadavia , Chubut Argentina.

puccigraciela@gmail.com

En estos tiempos en donde se está poniendo la atención en la docencia universitaria, es elemental conocer las estrategias de aprendizaje de uno de los actores principales de este escenario como lo son los estudiantes. Con el objeto de conocer a las estrategias que utilizan actualmente los estudiantes de esta carrera LIPSA (Licenciatura en saneamiento y protección ambiental) se realizó una encuesta anterior a la pandemia utilizando un cuestionario con 12 frases que se deben completar, se le asigna valor de 4 a lo que más ajusta a la manera de aprender algo nuevo y el valor de 1 a lo que menos se ajusta, ejemplo de algunas preguntas: Tomo apuntes en la clase. Asoció las informaciones y datos que estoy aprendiendo con mi vida diaria. Cuando me preparo para una final me imagino el momento en el que lo estoy rindiendo. Generalmente estudio en grupo para discutir y relacionar los conceptos. Generalmente estudio en grupo para discutir y relacionar los conceptos. Cuando estudio en grupo hacemos juego de roles en donde uno juega a ser profesor y él explica al otro o hace preguntas. Antes de realizar un trabajo escrito confeccionó un esquema u orden de los puntos a tratar. Cuando estudio realizó esquemas, tablas, figuras, etc. de cada unidad. Para resolver un problema, primero anotó los datos y luego trató de representarlos gráficamente. Soy autocrítico de mis exámenes etc., La encuesta fue contestada por el 40 % de todos los estudiantes que se encontraban cursando la carrera. El estilo divergente que fue el mayoritario en los estilos de los estudiantes encuestados va muy bien con los alumnos de la carrera ya que suelen ser estudiantes sociables, que sintetizan bien, generan ideas, soñador, valoran la comprensión, orientado a las personas principalmente al medio ambiente y el impacto, espontáneo, disfruta el descubrimiento, empático, abierto, muy imaginativo, emocional, flexible e intuitivo. Serán futuros profesionales que funcionan bien en escenarios que exigen producción de ideas. El segundo estilo fue el asimilador, 13%, el estilo de aprendizaje asimilador concierne a los resultados encontrados las, características y estrategias metodológicas de los estudiantes con este estilo quienes se caracterizan porque privilegian la conceptualización abstracta y la observación reflexiva, es portada más hacia las ideas y los conceptos; busca crear modelos y valorizar la coherencia. Entre los resultados del estudio se encontró que las estrategias más utilizadas por este grupo de estudiantes fueron el tomar apuntes en clase y releer los temas no comprendidos, así mismo solo un cuarto utiliza videos educativos para entender temas, la mitad usan su imaginación para prepararse psicológicamente para los exámenes, sin embargo no utilizan juegos de roles para el mismo fin.

EyAM2

Tendiendo puentes entre la Universidad y la Escuela Secundaria: Una experiencia de enseñanza de microbiología dentro de la extensión universitaria

Curieses, S.P.¹; Lifrieri, M.²; Ojeda, P.A.¹; Terrizano, E.M.¹; Salotti, A.H.¹; Vanney, C.G.¹; Villa, G.²; Barrios, H.A.¹

¹ Departamento de Ciencias Básicas-Universidad Nacional de Luján. Luján, Buenos Aires, Argentina.

² Escuela de Educación Técnica Superior N°2, Gowland, Mercedes, Buenos Aires, Argentina
barrioshebe@gmail.com

El proyecto de extensión "Introducción a las principales metodologías utilizadas en el laboratorio de Microbiología" se llevó a cabo entre la Universidad Nacional de Luján (UNLu) y Escuela de Educación Técnica Superior N°2 (EETyS N°2) en el año 2024. Este proyecto se desarrolló dentro del marco de la Convocatoria específica de curricularización de la extensión universitaria del año 2024. Las actividades se llevaron a cabo en las instalaciones del Laboratorio de Microbiología de la UNLu con la participación de los docentes y alumnos de la asignatura Microbiología general y los docentes y alumnos de sexto año de la EETyS N°2 Dr. Luis Federico Leloir. Durante cuatro encuentros los alumnos de educación secundaria realizaron la preparación de material y esterilización, siembra en técnica aséptica, recuento de microorganismos en placa y observación y reconocimiento de microorganismos en el microscopio. Además se llevaron a cabo clases de contenido teórico para presentar las temáticas estudiadas. El aprendizaje de las ciencias naturales es uno de los aspectos fundamentales en la educación básica y es fundamental la observación y experimentación para comprender sus alcances. La microbiología es una ciencia experimental que necesita de un microscopio y técnicas especiales para que los microorganismos sean visibles. Por lo tanto, es fundamental la realización de trabajos de laboratorio para comprender el alcance de los conocimientos microbiológico. En síntesis, esta propuesta de extensión permitió articular saberes entre la universidad y la escuela secundaria, generando un espacio formativo enriquecedor tanto para los estudiantes como para los docentes involucrados. A través de la enseñanza de metodologías básicas en microbiología, los alumnos pudieron acercarse al trabajo científico real en el laboratorio, favoreciendo el aprendizaje activo, el desarrollo del pensamiento crítico y el interés por las ciencias. Al mismo tiempo, se fortaleció el compromiso social de la universidad pública, promoviendo el acceso temprano a experiencias científicas significativas y potenciando vocaciones en el campo de la ciencia.

EyAM3

Impulsando prácticas sostenibles con instituciones agrotécnicas: control biológico para la reducción de pérdidas y desperdicios en uva de mesa

Pedrozo, L.P.^{1,2}, Rodríguez Assaf, L.A.^{1,2}, Lladó, C.M.^{1,3}; Neila, A.²; Yafar, Y.^{1,3}; Pesce, V.^{1,3}; Nally, M.C.

¹Universidad Nacional de San Juan, Facultad de Ingeniería, Instituto de Biotecnología, San Juan, Argentina.

²Universidad Nacional de San Juan, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, San Juan, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científica y Técnicas, (CONICET)

paulapedrozo17@gmail.com

La pérdida y desperdicio de alimentos (PDA) es un problema de alto impacto económico, social y ambiental, especialmente en la producción de uva de mesa de San Juan, principal provincia productora del país. Este cultivo es altamente susceptible al ataque de hongos fitopatógenos durante la postcosecha, generando cuantiosas pérdidas, incluso bajo condiciones de refrigeración. El proyecto tuvo como objetivo complementar la formación de estudiantes de instituciones agrotécnicas en el área de microbiología. Además, promover la vocación científica abordando la problemática de PDA desde herramientas biotecnológicas alternativas para su reducción, mediante el control biológico de enfermedades en uva de mesa. Se realizaron encuentros articulados con docentes y estudiantes de la Escuela Agrotécnica de Zonda y el Instituto Superior Técnico de Ullum, quienes participaron en talleres teóricos y prácticos dictados en las instituciones y en el Instituto de Biotecnología (IBT-FI-UNSJ). Los talleres teóricos abordaron conceptos base de microbiología, con ejes centrales en su aplicación para la sustentabilidad, reducción de pérdidas y desperdicios, y en particular sobre mecanismos de control biológico. Las actividades prácticas contuvieron técnicas de microbiología orientadas a la identificación de hongos patógenos y su control mediante agentes biocontroladores previamente desarrollados en el laboratorio. Durante el desarrollo de la experiencia los estudiantes mostraron un alto grado de participación e interés; dando como resultado una valoración positiva, en particular, de los aspectos prácticos de la misma. Pese a no acreditar experiencia en el uso de laboratorios microbiológicos, la implementación de las prácticas planificadas evidenció la destreza en el manejo de técnicas microbiológica. Un grupo de estudiantes del técnico secundario, realizó prácticas profesionalizantes en el laboratorio del IBT. El proyecto favoreció la articulación entre docentes de la escuela, investigación y extensión, promoviendo el acercamiento de los estudiantes al ámbito universitario, el desarrollo de vocaciones científicas y la concientización sobre problemáticas agroalimentarias regionales con enfoque sostenible. Las actividades realizadas fortalecieron vínculos interinstitucionales y generaron un espacio de intercambio de saberes significativo que permite replicarse en futuras iniciativas extensionistas.

Interacciones microbianas

IM01**Modulación del Quorum Sensing en *Pseudomonas capeferrum* WCS358 bajo estrés salino y su impacto en la promoción del crecimiento vegetal**Lacosegliaz, M.J.; Díaz, M.S.; Nieto Peñalver, C.G.

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI, CONICET). San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

carlos.nietopenalver@fbqf.unt.edu.ar

La salinidad en suelos agrícolas es un importante factor limitante del crecimiento de los cultivos. A la vez, altera la fisiología de microorganismos promotores del crecimiento vegetal. Un aspecto poco estudiado es el efecto sobre la regulación por Quorum Sensing (QS), un mecanismo regulatorio relacionado a la densidad celular. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del estrés salino sobre la regulación por QS en *Pseudomonas capeferrum* WCS358, bacteria modelo en el estudio de las interacciones planta-microorganismo. El sistema de QS de WCS358 se atenuó con el vector pME6863, y el vector pME6000 como control. Los microorganismos se cultivaron como un biofilm insaturado sobre medio de cultivo ARES que simula exudados radiculares. El estrés salino se obtuvo con NaCl 200 mM. Las actividades de los promotores de los genes *ppuI*, *ppuR* y *ppoR2* de QS se midieron por fluorescencia con el vector reportero pPROBE-GT en el que se clonaron previamente las secuencias correspondientes. El efecto sobre la promoción del crecimiento vegetal se analizó con semillas de maíz bacterizadas con WCS358 (pME6000) y WCS358 (pME6863) y riego periódico con NaCl 200 mM. Se evaluó el porcentaje de germinación a los 7 días, y el largo y peso seco de raíces y partes aéreas a los 14 días. La respuesta vegetal se analizó por cuantificación del osmolito prolina por colorimetría. Los resultados obtenidos muestran que el estrés salino reprime la actividad de los promotores de *ppuI*, *ppuR* y *ppoR2* tanto en WCS358 (pME6000) como en WCS358 (pME6863). El mayor efecto promotor del crecimiento y de la germinación se obtuvo con WCS358 (pME6863), en el que la actividad QS está atenuada. La concentración de prolina en las plantas inoculadas con WCS358 (pME6000) y WCS358 (pME6863) no mostró diferencias significativas a la obtenida sin inoculación y regadas con agua (~260 µg g⁻¹). Bajo estrés salino los valores aumentaron a 586 y 622 µg g⁻¹ en las condiciones control sin inocular e inoculada con WCS358 (pME6000), respectivamente. Sin embargo, se determinaron valores de 943 µg g⁻¹ en plantas inoculadas con WCS358 (pME6863). Los resultados indican que el estrés salino modifica la actividad QS de *P. capeferrum* WCS358. Esto puede generar una mayor promoción del crecimiento vegetal, la que se relaciona con valores mayores de prolina. Estos resultados son relevantes para comprender la fisiología de microorganismos promotores del crecimiento vegetal y mejorar su aprovechamiento en suelos poco productivos.

IM02**Caracterización de sistemas de quorum sensing LuxI/LuxR en *Burkholderia ambifaria* Q53 y su rol en fenotipos promotores del crecimiento vegetal**Nievas, F.L.¹; Ualdegaray, N.¹; Giordano, W.1, Bogino, P.¹

¹Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS-CONICET), Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

pbogino@exa.unrc.edu.ar

Las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (Plant Growth Promoting Rhizobacteria, PGPR) que colonizan la rizosfera de cultivos de leguminosas tienen un potencial biotecnológico significativo para mejorar el crecimiento y la productividad de las plantas. El quorum sensing (QS) es un mecanismo de regulación dependiente de densidad celular que controla funciones fisiológicas clave en muchas bacterias. El funcionamiento regulatorio de QS se asocia a la síntesis de diferentes tipos de moléculas señal, siendo las más comunes en bacterias Gram negativas las N-acil homoserina lactonas (AHLs). La producción y detección de AHLs depende de sintetasas del tipo LuxI y de receptores con funciones de reguladores transcripcionales de tipo LuxR. En este estudio se analizaron los sistemas QS tipo LuxI/LuxR de *Burkholderia ambifaria* Q53 aislada de la rizósfera de maní, con el objetivo de caracterizar su organización genética, su capacidad de producir AHLs y su participación en fenotipos relacionados a la promoción del crecimiento vegetal. El análisis genómico reveló dos sistemas QS completos: uno presente en cromosoma 2, con organización divergente, denominado bafI/bafR; y el otro ubicado en el cromosoma 3, denominado ambI/ambR, con disposición compleja. Se construyeron mutantes insercionales en los genes bafI, bafR, ambI, ambR y un doble mutante (DM) bafI- ambI-. La producción de AHLs se evaluó mediante biosensores y LC-MS/MS. El sistema BafI/BafR estuvo asociado a la síntesis de AHLs de cadena corta (C6, C8), mientras que AmbI/AmbR controló la producción de AHLs de cadena larga hidroxiladas (3-HO-C8, 3-HO-C10). El regulador AmbR reveló una posible capacidad de regulación cruzada sobre la expresión o actividad de síntesis de BafI. La evaluación de fenotipos asociados a la promoción del crecimiento vegetal mostró que la solubilización de fosfato no dependió de QS mientras la síntesis de sideróforos fue reprimida por el sistema AmbI/AmbR en las cepas silvestre, bafI- y bafR-. En ausencia funcional del sistema AmbI/AmbR (cepas ambI-, ambR- y DM) se observó un incremento en la producción de sideróforos evidenciado por halos más amplios en medio Chrome Azurol S. Además, la actividad proteolítica tanto de la caseína de la leche como de la gelatina fue mayor en cepas productoras de AHLs hidroxiladas dependientes del sistema AmbI/AmbR. Este trabajo demuestra que los sistemas QS de *B. ambifaria* Q53 regulan selectivamente distintos fenotipos PGPR, con AmbI/AmbR desempeñando un papel regulador predominante. Los resultados aportan conocimiento sobre mecanismos moleculares que podrían aprovecharse a nivel biotecnológico para su uso como parte de estrategias agrícolas sustentables.

IM03**Actividad Quorum Quenching en ambientes extremos y su interferencia sobre fenotipos virulentos en *Pseudomonas aeruginosa***

Romano Heredia, R.E.; Correa Deza, M.A.; Lacosegliaz, M.J.; Torres, M.A.; Ruberto, L.; Nieto Peñalver, C.G.

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI, CONICET). San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina. Instituto Antártico Argentino, Buenos Aires, Argentina. Instituto de Nanobiotecnología (Facultad de Farmacia y Bioquímica (UBA CONICET), Buenos Aires, Argentina. Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán. San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

carlos.nietopenalver@fbqf.unt.edu.ar

Ambientes extremos están colonizados por microorganismos que interaccionan entre sí para adaptarse y sobrevivir. La señalización por Quorum Sensing (QS) regula muchos fenotipos en estos procesos. La actividad Quorum Quenching (QQ) de otros microorganismos tienen una función ecológica al interferir con la regulación por QS. Los ambientes extremos son así un reservorio de actividades QQ. El objetivo de este trabajo fue evaluar actividades QQ en microorganismos de la Puna y la Antártida y su aplicación para inhibir el QS de microorganismos patógenos. La actividad QQ se analizó con bioensayos con *Chromobacterium violaceum* ATCC12472. El tipo de ruptura de las moléculas de QS se analizó con estándares de C6-HSL y C10-HSL y biosensayos con *C. violaceum* CV026 y VIR07. Se evaluó la interferencia de la actividad QQ sobre la actividad proteolítica (agar leche) y la formación de biofilm (espectrofotometría con cristal violeta) en el patógeno *Pseudomonas aeruginosa* (cepas modelo PAO1 y PA14 y el aislamiento ambiental M80). Los resultados permitieron seleccionar tres aislamientos de la Puna (AP1, AP3 y AP17) y uno de la Antártida (DC2-52) con actividad QQ evidenciada por halos de inhibición en la síntesis de violaceína en ATCC12472. Todas las cepas QQ se identificaron como pertenecientes al género *Pseudomonas*. Las actividades QQ fueron del tipo lactonasa sobre C6-HSL y C10-HSL, con excepción de *Pseudomonas* sp. AP3 con actividad acilasa sobre C6-HSL. Mientras que *Pseudomonas* sp. AP17 y AP1 interfirieron completamente con la actividad proteolítica de PA14, AP1 solo fue efectiva sobre PA14, y ninguna lo fue sobre M80. La mayor disminución en la formación de biofilm (46%) se obtuvo sobre PA14 con AP3. DC2-52 aumentó 17% la formación de biofilm por *P. aeruginosa* M80. Los resultados obtenidos demuestran que los ambientes extremos tienen diversidad en microorganismos con actividad QQ. Las variaciones en el efecto sobre cepas de *P. aeruginosa* son de relevancia. A la vez sugieren que el desarrollo de estrategias QQ contra patógenos requiere de una evaluación detallada de la actividad QQ específica, y del microorganismo a inhibir.

Nanopartículas y microorganismos: una alianza estratégica para la agricultura sostenible

NP1

Respuesta fisiológica y antioxidante de plantas de *Triticum aestivum* inoculadas con *Rhizoctonia solani* y tratadas con una nueva estrategia ecoamigable y nanotecnológica

Ruiz, A.¹; Rivas, S.²; Burgos, N.¹; González, F.³; Bueno, P.⁴; Oliva, C.⁴; Santander, C.⁵

¹Dep.Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco, La Araucanía, Chile.

²Programa de Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad de La Frontera, Temuco, La Araucanía, Chile.

³Programa de Doctorado en Ciencias, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Universidad de La Frontera, Temuco, La Araucanía, Chile.

⁴Química y Farmacia, Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera, Temuco, La Araucanía, Chile.

⁵Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Universidad de Las Américas, Campus Providencia, Santiago, Región Metropolitana, Chile.

maria.ruiz@ufrontera.cl

El trigo (*Triticum aestivum*) es un cultivo de importancia global a nivel alimentario que enfrenta graves pérdidas debido a la infección por *Rhizoctonia solani*. El uso de fungicidas sintéticos presenta limitaciones debido a su toxicidad ambiental, por lo cual surge la necesidad de formular productos amigables con el medio ambiente que permitan combatir dicha infección de manera efectiva. Con este objetivo, se evaluó el potencial de las nanopartículas lipídicas sólidas (SLN) cargadas con extracto de papa de pulpa coloreada (FCP) a dos niveles de concentración, como estrategia ecológica para mitigar el daño inducido por *R. solani*. Se realizó un ensayo en invernadero con un diseño **NP** 220 mg/L de fenoles totales (dosis A) y 40 mg/L de fenoles totales (dosis B), además de un fungicida comercial (D), en macolla y anthesis, en el tejido foliar. Se evaluaron concentraciones de clorofila A (ChlA), B (ChlB) y total (ChlTT), y las concentraciones de compuestos fenólicos individuales mediante HPLC-DAD y totales por método de Folin Ciocalteu, y actividad antioxidante (TEAC, DPPH y CUPRAC). En la etapa de macolla ChlA fue superior a ChlB, donde los niveles totales de dichos pigmentos bajo inoculación de *R. solani* al aplicar ambas dosis de SNL-FCP fueron comparables a los obtenidos bajo la aplicación del fungicida D. A pesar de que fue posible identificar ocho compuestos fenólicos, no se detectaron cambios significativos entre los tratamientos en sus concentraciones totales. En tanto que su respuesta global, en tratamientos sin *R. solani*, la dosis FCP-A se relaciona con la respuesta antioxidante y la de FCP-B con la respuesta fotosintética. En presencia de *R. solani* la dosis B se explica por la respuesta fenólica, en tanto que la dosis A no muestra una respuesta clara. En contraste, en anthesis se detectaron 12 compuestos fenólicos con claras diferencias en sus perfiles entre los tratamientos con y sin inoculación. No se observaron diferencias en las actividades antioxidantes entre los tratamientos. A nivel global, sin inoculación de *R. solani* se observó una respuesta diferenciada a ambas dosis de FCP, en tanto, que en presencia de *R. solani*, la respuesta de ambas dosis se relaciona a los compuestos fenólicos individuales, principalmente. Estos

hallazgos resaltan el potencial del extracto de FCP nanoencapsulado como alternativa a los fungicidas sintéticos.

NP2

Evaluación antagónica de nanopartículas de cobre biogénicas frente a *Ascochyta rabiei* causante de la rabia del garbanzo

Vásquez-Espejo, C.¹; Sardo, M.F.²; Álvarez-Aliaga, M.T.³; Monteoliva, M.I.⁴; Páez, P.L.^{1,5}; Valetti, L.²

¹ UNITEFA-CONICET, Córdoba, Argentina.

² IPAVE-UFYMA, CIAP, INTA-CONICET. Córdoba, Argentina.

³ Área Bioquímica Molecular, IIFB, FCFB-UMSA. La Paz, Bolivia.

⁴ IFRGV-UDEA, CIAP, INTA-CONICET. Córdoba, Argentina.

⁵ Dpto. Ciencias Farmacéuticas, FCQ-UNC. Córdoba, Argentina.

valetti.lucio@inta.gob.ar

El garbanzo (*Cicer arietinum* L.) es la tercera legumbre en el ranking de producción mundial. En los últimos años las pérdidas anuales se han incrementado a causa de diversos factores ambientales, plagas y enfermedades, como la rabia del garbanzo. Esta enfermedad es causada por el hongo patógeno *Ascochyta rabiei*. Tradicionalmente en Argentina, esta enfermedad se combate con fungicidas sintéticos, con baja eficiencia. Dentro del enfoque de “Una sola salud”, el uso de biocontroladores es una alternativa viable y promisorio. A su vez, la biosíntesis de nanopartículas a partir de metabolitos antifúngicos es una alternativa ecoamigable e innovadora para la obtención de nanomateriales con actividad biológica atribuida principalmente a su tamaño (<100 nm) y potencial aplicación en agricultura. Este trabajo se enfoca en la evaluación del efecto antagónico de nanopartículas de cobre (CuNP) en sistemas *in vitro* e *in situ* contra *A. rabiei*. La biosíntesis de CuNP fue realizada con cepas bacterianas ya caracterizadas por su efecto antifúngico. El efecto antagónico *in vitro* se evaluó en 3 CuNP agregando 2ml de cada tratamiento en placas con medio PDA. Un taco de micelio de *A. rabiei* se colocó en el centro de la placa y se incubó a 21°C con fotoperiodo de 16/8 h luz/oscuridad. A los 15 días se midió el diámetro del micelio y se calculó el porcentaje de inhibición (n=3). Luego, el efecto de las dos mejores CuNP se evaluó *in situ* en hojas de garbanzo aisladas de 30 días de crecimiento. Se desinfectaron con etanol 70% 30 seg, hipoclorito de sodio 0,1% 1 min y se enjuagaron con agua estéril. Las hojas fueron incubadas 15 min con las CuNP biogénicas. Como control se utilizó la sal de cobre, sobrenadante y cultivos bacterianos, así como hojas enfermas y sanas sin pretratamiento (n=4). Las hojas se infectaron con 5µl de *A. rabiei* (~1x10⁵ conidios/ml) y se incubaron en placas con agar (1%) por 5 días (21°C 16/8 h luz/oscuridad). Se evaluó la incidencia en porcentaje de folíolos afectados del total. Se realizaron tres ensayos independientes. Los resultados fueron analizados con ANOVA y post hoc de Tukey (p<0,05). Se observó una inhibición de 12% y >60% para 2 CuNP *in vitro*. La incidencia de la enfermedad disminuyó 67 y 82% con las 2 CuNP *in situ* (p<0,01). Estos resultados confirman el potencial de la biosíntesis de nanopartículas brindando nuevas estrategias para el biocontrol de la enfermedad.

NP3**Síntesis de nanopartículas de plata y su aplicación como agente de control de *Pseudomonas aeruginosa***

Ramírez Faella, N.A.¹; Raiger Iutsman, L.J.^{1,2}; Sacco, N.J.^{1,2}

¹Laboratorio de Microbiología Ambiental y Nanotecnología. Departamento de Química Biológica. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.

² Instituto De Química Biológica De La Facultad De Ciencias Exactas Y Naturales. UBA. CONICET.

narf.nicolas@gmail.com

Las nanopartículas son estructuras pequeñas, de 1 a 100 nanómetros cuyas propiedades físicas, químicas y biológicas difieren significativamente de otras formas adoptadas por el mismo material. En el caso de las nanopartículas de plata (AgNPs), su estudio se ha intensificado en los últimos años debido a su utilización en diversos campos como su uso en recubrimientos de dispositivos médicos, textiles antimicrobianos, envases alimentarios y tratamientos para infecciones resistentes a antibióticos convencionales. La síntesis de las AgNPs puede realizarse mediante métodos físicos, químicos o biológicos, teniendo cada uno de ellos ventajas y desventajas. Una de las ventajas de la síntesis química es la homogeneidad en el tamaño de las partículas obtenidas, la rapidez en su producción y la escalabilidad. En este trabajo se realizaron dos síntesis químicas diferentes: S1) Agregando la solución 2,0 mM de borohidruro de sodio (NaBH_4) sobre una solución de nitrato de plata (AgNO_3) 1mM y S2) Agregando la solución de AgNO_3 1,0 mM sobre la solución de NaBH_4 2,0 mM. El resultado de ambas síntesis se analizará mediante espectro de absorción UV-Vis que permitió determinar la formación de nanopartículas en suspensión en ambas muestras y por microscopía electrónica de barrido, por la cual se determinó que S1 presentaba partículas alargadas de aprox. 21 ± 2 nm mientras que S2 constaba de partículas circulares homogéneas de 45 ± 3 nm de diámetro. Ambas suspensiones fueron luego purificadas mediante ultracentrifugación a $100000 \times g$ durante 1 hora y resuspendidas en agua bidestilada. La concentración de las suspensiones de AgNPs se realizó mediante espectrometría de absorción atómica. Una vez caracterizadas las suspensiones se analizó su concentración inhibitoria mínima (CIM) sobre el desarrollo de cultivos de *P. aeruginosa* PAO1 obteniéndose un valor de 2,5 mg/ml para S2 y 0.625 mg/ml para S1. El potencial de las AgNP para inhibir la formación de biopelículas se determinó mediante el ensayo de violeta de cristal, y se pudo observar una disminución de un 10% con S1 y un 45% con S2. De nuestros resultados se desprende que el método de S2 tuvo un mejor desempeño y sienta la base de investigaciones futuras.

NP4**Nanopartículas de cobre de síntesis biogénica para el control de *Aedes aegypti***Flores, G.A.M.; Gallo, M.B.; Berón, C.M.; Consolo, V.F.

Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC-CONICET). Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.

corina.beron@inbiotec-conicet.gob.ar

Las enfermedades transmitidas por insectos representan una grave amenaza a la salud pública. El mosquito *Aedes aegypti* es capaz de transmitir arbovirosis como dengue, Zika, chikungunya y otros. El control de las poblaciones del vector es la estrategia más utilizada para la prevención de las enfermedades que transmite. Los insecticidas químicos han sido ampliamente utilizados, aunque aplicados indiscriminadamente pueden generar resistencia, contaminación y afectar a organismos no blanco; por lo tanto, se buscan alternativas de manejo efectivas y sostenibles. Se han explorado hongos filamentosos por su capacidad de producir y liberar metabolitos y enzimas activas con potencial biotecnológico. Esto incluye la síntesis biogénica de nanomateriales con distintas propiedades, a través de enzimas reductoras y metabolitos sin producir residuos tóxicos. En este trabajo, se sintetizaron nanopartículas de óxido de cobre (CuO) a partir de dos cepas fúngicas aisladas a partir de mosquitos (*Aspergillus* sp. GF33 y *Penicillium citrinum* GF43) y se evaluó su capacidad larvicida en una línea *A. aegypti* de laboratorio. Las nanopartículas se caracterizaron por microscopia electrónica de barrido (SEM), acoplado a espectroscopía por dispersión de energía (EDS), que mostró señales predominantes de oxígeno y cobre. Adicionalmente, se realizó un análisis de dispersión dinámica de luz (DLS) revelando la presencia de un pico dominante en la distribución de tamaños, para ambos casos, indicando la formación de nanopartículas mayoritarias de tamaño conservado. En los bioensayos, se testearon siete concentraciones (0,3 a 2,5 ppm) de nanopartículas previamente sonicadas. Se realizaron tres réplicas independientes, utilizando 10 larvas por tratamiento en un volumen final de 30 mL. Se estimó la concentración letal media (CL₅₀) en 1,27 (1,11-1,46) ppm y 1,36 (1,11-1,78) ppm para GF33 y GF43 respectivamente, sin diferencias significativas entre ambas. Las nanopartículas de óxido de cobre obtenidas por micosíntesis demostraron una alta eficacia a dosis bajas en condiciones de laboratorio, sugiriendo un potencial prometedor como estrategia alternativa de control vectorial. Se requieren estudios adicionales para evaluar su especificidad y seguridad en aplicaciones de campo.

NP5

Estrategia combinada de *Bacillus sp.* y nanopartículas de calcio para reducir los efectos del estrés salino en trigoCiacci, M.B.¹; Meneguzzi, N.²; Gomez, D.¹¹INTA -IPAVE; UFYMA INTA-CONICET. Córdoba Capital, Córdoba, Argentina.²INTA- IFRGV; UDEA INTA-CONICET. Córdoba Capital, Córdoba, Argentina.ciacci.maria@inta.gob.ar

La agricultura contemporánea enfrenta desafíos significativos para lograr una producción sustentable en un contexto ambiental cada vez más adverso. La acción combinada de plagas, enfermedades y factores abióticos (como la salinidad en suelos agrícolas), resalta la necesidad de implementar estrategias sostenibles para el manejo eficiente de los cultivos. En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo evaluar la respuesta sinérgica de la aplicación de una cepa de *Bacillus sp.* en combinación con nanopartículas de calcio (NpsCa) como estrategia para mitigar el estrés salino en plantas de trigo (*Triticum sp.*). El ensayo se llevó a cabo en condiciones controladas de invernadero durante 25 días, utilizando plantas de trigo cultivadas en macetas de 200 cc en sustrato de arena y perlita (2:1), irrigadas con solución nutritiva de Hoagland. El diseño experimental fue completamente aleatorizado, con cinco repeticiones y tres tratamientos: T1: control sin salinidad, T2: con salinidad (conductividad eléctrica de 6 dS/m), T3: con salinidad + *Bacillus* + NpsCa. Las aplicaciones se realizaron al momento de la siembra (25 de marzo de 2025) y a los 10 días posteriores a la germinación. Se evaluaron las siguientes variables fisiológicas y bioquímicas: altura (ALT), peso fresco (PF), temperatura foliar (TF), contenido de proteínas solubles (PST, mediante el método de Bradford) y eficiencia fotoquímica (EFQ, Fv/Fm). En comparación con el control (T1), el tratamiento con salinidad (T2) provocó una reducción del 24,1% en el peso fresco y del 10% en la eficiencia fotoquímica, evidenciando el efecto perjudicial del estrés salino sobre el crecimiento y la fisiología vegetal. No obstante, el tratamiento combinado (T3) mostró mejoras significativas respecto a T2: el contenido de proteínas solubles aumentó un 16,5%, el peso fresco se incrementó un 18,2% y la eficiencia fotoquímica mejoró un 11,9%. Asimismo, la temperatura foliar disminuyó un 15,6%, lo que sugiere una mayor capacidad de disipación del calor y una reducción del estrés fisiológico. Se concluye que esta combinación de NpsCa y *Bacillus*, puede ser una herramienta para mitigar el estrés por salinidad en el crecimiento inicial de trigo.

Oportunidades de la microbiología para la generación de empresas de base tecnológica

OM1

Eficacia de cepas nativas de *Bacillus* spp. en el biocontrol del fitopatógeno *Fusarium oxysporum* sobre el cultivo de poroto (*Phaseolus vulgaris* L.)

Gramajo, F.¹; Pérez Brandan, C.^{1;2;3}; Petroselli, G.^{4;5}; Erra-Balsells, R.^{4;5}; Abán, C.L.^{1;2}; Audisio, M.C.^{1;3;6}; Sabaté, D.C.^{1;2;3}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Salta, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Cerrillos, Salta, Argentina.

³Universidad Nacional de Salta, Facultad de Ingeniería. Salta, Argentina.

⁴Universidad de Buenos Aires, FCEyN, Dep. de Química Orgánica. Buenos Aires, Argentina.

⁵Centro de Investigación en Hidratos de Carbono, CONICET, FCEyN, Buenos Aires, Argentina.

⁶Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI), Salta, Argentina.

dcsabate@gmail.com

La provincia de Salta es la principal productora del país del cultivo de poroto seco (*Phaseolus vulgaris* L.). Enfermedades causadas por patógenos como *Fusarium oxysporum* lo afectan y ocasionan importantes pérdidas económicas. El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial de cepas nativas pertenecientes al género *Bacillus* spp. aisladas de suelos rizosféricos de la provincia de Salta, como promotores del crecimiento del cultivo del poroto y como agentes de biocontrol frente al hongo fitopatógeno *F. oxysporum*. Dos cepas de *Bacillus* spp. B26 y B30 aisladas de suelos de la provincia de Salta, fueron seleccionadas por sus propiedades como bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB). Se determinó cuantitativamente por espectrofotometría utilizando reactivo de Salkowski, que ambas bacterias sintetizaron auxinas en concentraciones de 5,47 y 7,39 mg/ml, respectivamente. Se determinó por el método cualitativo con cromo azurol CAS que ambas cepas producen sideróforos. La inoculación de las semillas de poroto tanto blanco cv. alubia o negro cv. Nag 12 con las cepas B26 o B30 generó incrementos de 10 y 20 % sobre el poder germinativo. En ensayos *in vitro*, se determinó mediante la técnica de cultivo dual, que ambas bacterias inhibieron significativamente el crecimiento de las cepas patógenas de *F. oxysporum*, con porcentajes de inhibición fúngica que variaron entre 40 y 50%. Se evaluó la síntesis de metabolitos relacionados al efecto antagónico mediante espectrometría MALDI-MS y se detectaron señales compatibles con homólogos de los lipopéptidos de surfactina, iturina y fengicina. La producción de lipopéptidos dependió de la cepa estudiada y de la presencia de cepas de *Fusarium*. La cepa *Bacillus* sp. B26 produce polimixina D1, metabolitos que estarían involucrados en el efecto antagónico. Cuando se evaluó el estado fitosanitario de las semillas de poroto de ambas variedades, se determinó la presencia de hongos y bacterias contaminantes o patógenos como *Cladosporium* sp., *Fusarium* sp., *Alternaria* sp. y *Rhizopus* sp. Mientras que cuando las semillas fueron inoculadas con *Bacillus* B26 o B30, no se detectaron bacterias ni hongos patógenos o contaminantes. La caracterización molecular mediante secuenciación del gen 16S rRNA confirmó la identidad de estas bacterias como *Bacillus* spp. (98 % de similitud con secuencias en GenBank). En conclusión, *Bacillus* spp. B26 y B30 poseen potencial como agentes de biocontrol y podrían emplearse como

componentes de bioinsumos para mejorar la sanidad y productividad del cultivo de poroto en el noroeste argentino.

OM2

Crecimiento micelial de diferentes cepas de *Trichoderma* spp en presencia de distintos herbicidas con registro en el cultivo del arroz.

Arriola, D.^{1,2}; Pinto Ruiz, G.¹; Gutiérrez, S.¹; Tarragó, J.¹.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, ²Grupo APC, Entre Ríos, Argentina.

sualegutierrez@gmail.com

Este trabajo evalúa la sensibilidad de cinco cepas de *Trichoderma* spp, aisladas de suelo de arroz de Corrientes y Santa Fe, a diferentes herbicidas (Glifosato, Paraquat, Picloram y 2,4D). El efecto de los herbicidas sobre el crecimiento micelial se midió con la metodología de crecimiento del antagonista en medio agarizado, incorporándose dichos herbicidas en los gradientes de dosis 0; 0,1X; 1X y 10X, siendo X la dosis de uso para el cultivo de arroz. Los ensayos se realizaron *in vitro*, en cajas de Petri con agar papa glucosa como medio de cultivo en el cual se colocaron previamente las diferentes concentraciones de cada herbicida. La inoculación de las cajas se realizó con discos de 5 mm de diámetro del aislado de *Trichoderma*, utilizándose 5 cepas distintas, incubadas a 25±2°C y 12/12 hs luz/oscuridad. El crecimiento micelial se evaluó a los 2, 5 y 7 días posteriores a la inoculación determinando el porcentaje de inhibición radial del crecimiento. El comportamiento de las cepas de *Trichoderma* con los herbicidas utilizados fue similar en las concentraciones más baja de herbicidas. Sin embargo, a medida que la concentración se incrementó, el nivel de tolerancia varió entre cepas para los distintos herbicidas, observándose un aumento en la inhibición del crecimiento micelial. Los herbicidas 2,4D y Paraquat tuvieron mayor inhibición comparándolos con los demás herbicidas ensayados. Una de las cepas de Corrientes (C-DM607) presentó la menor inhibición en presencia de los herbicidas Glifosato, Paraquat y Picloram, lo que la convierte como potencial para su uso en el control biológico en arroz.

OM3

Evaluación molecular y bioquímica de *Rhizobium* spp. nativos aislados de *Phaseolus vulgaris* L

Toffoli, L.^{1*}; Ferreyra, M.¹; Colque, L.¹; Ibarra, L.¹; Plaza, G.¹; González, F.¹; Ibarra, E.¹; Peticari, A.²

¹ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) EEA Salta. Cerrillos, Salta, Argentina.

² INTA EEA San Luis, Villa Mercedes, San Luis. Argentina.

toffoli.lucia@inta.gob.ar

Los rizobios tienen un rol importante en la agricultura, principalmente por su capacidad de fijar nitrógeno atmosférico, en estructuras especializadas denominadas nódulos, ubicados en las raíces de las leguminosas. Además, son capaces de ejercer efectos benéficos sobre el crecimiento vegetal mediante la producción de fitohormonas y enzimas, disoluciones y mineralización de fosfatos, la producción de sideróforos, entre otros. El objetivo de este trabajo fue caracterizar 15 aislamientos de *Rhizobium* spp. nativos, obtenidos de variedades locales y de plantas silvestres de *Phaseolus vulgaris* L., en función a sus características bioquímicas como promotoras de crecimiento y visualizar la presencia de genes simbióticos específicos. Se realizó la extracción de ADN de cada aislamiento y se amplificaron fragmentos específicos de genes asociados con la fijación de nitrógeno (*nifH*) y con la nodulación (*nodC*), utilizando cebadores específicos. Además, se prepararon distintos medios de cultivo para analizar cualitativamente la producción de amilasa, celulasa, quitinasa, proteasa, lipasas, producción de sideróforos y solubilización de fosfatos. Por otra parte, se evaluó crecimiento y tolerancia a distintas concentraciones de NaCl (0,5; 1; 3 y 4% p/v). Cada ensayo se realizó por triplicado. Todos los aislamientos mostraron bandas de amplificación para *nifH* y *nodC*, en un rango de 790 y 560 pb respectivamente. Mostraron capacidad de producir amilasa, proteasas, y sideróforos. De los 15 aislamientos, 14 mostraron capacidad de solubilizar fuente insoluble de fósforo. En cuanto a la tolerancia salina, de los 15 aislamientos, 11 crecieron en medio de cultivo suplementado con 3% (p/v) de NaCl y 8 en medio suplementado con 4 % (p/v). Se puede concluir que los aislamientos poseen atributos para su uso en cultivo de poroto ya que mostraron cualidades promisorias como capacidad fijar biológicamente nitrógeno atmosférico, de producir sideróforos, solubilizar fuente insoluble de fósforos, crecer en condiciones de salinidad adversas, entre otros, aunque se debe profundizar con mayores estudios de inoculación en invernadero y a campo.

OM5

Caracterización y evaluación citotóxica de bionanopartículas metálicas obtenidas a partir de *Trichoderma harzianum*

Gallo, M.B.¹; Germano-Costa, T.²; Torres-Nicolini, A.³; Fraceto, L.F.⁴; de Lima, R.²; Álvarez, V.A.³; Consolo, V.F.¹

¹Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC) y Fundación para la Investigaciones Biológicas Aplicadas (FIBA), Mar del Plata, Argentina.

²Laboratório de Avaliação de Bioatividade e Toxicologia de Nanomateriais, Universidade de Sorocaba (UNISO), Sorocaba, Brasil.

³Instituto de Investigaciones en Ciencia y Tecnología de Materiales (INTEMA), Mar del Plata, Argentina.

⁴Laboratório de Nanotecnologia Ambiental, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Sorocaba, Brasil.

faconsolo@hotmail.com

La nanotecnología es una disciplina que involucra el uso de materiales a escala menor a 100 nm y con alta relación superficie/volumen. Las nanopartículas (NPs) metálicas surgen como herramienta biotecnológica prometedora para diversas aplicaciones. La biosíntesis de NPs usando plantas o microorganismos representa una alternativa amigable a los procedimientos fisicoquímicos, particularmente los hongos pueden considerarse biofábricas de NPs por su facilidad de cultivo y eficiencia en la síntesis, reduciendo el uso de productos químicos tóxicos. El objetivo de este trabajo fue biosintetizar y caracterizar NPs de CuO, ZnO y FeO utilizando el filtrado acuoso de *Trichoderma harzianum* y evaluar su citotoxicidad sobre líneas celulares HaCaT, V79 y 3T3. La biosíntesis se realizó utilizando un filtrado acuoso del hongo, y sulfatos de cobre, zinc o hierro bajo condiciones apropiadas de pH y temperatura. Las NPs se caracterizaron mediante microscopía electrónica de transmisión (MET), difracción de rayos X (DRX) y análisis termogravimétrico (TGA). La citotoxicidad se evaluó mediante el ensayo de MTT (metil tiazolil tetrazolio), analizando la actividad mitocondrial tras 24 h de exposición a concentraciones de 1 a 1000 ppm. El análisis de MET evidenció el tamaño y la morfología de las NPs. Así, las NPs de CuO presentaron un tamaño promedio de 220 ± 48 nm, con morfología alargada; las de ZnO, 460 ± 90 nm, morfología tipo bouquet; FeO, 18 ± 3 nm, morfología variable y propiedades magnéticas. El análisis de DRX confirmó su estructura cristalina, con picos característicos de tenorita (CuO), zincita (ZnO) y magnetita (FeO). El análisis de TGA mostró que los tres tipos de NPs tuvieron estabilidad térmica hasta los 600–700 °C. En el ensayo de MTT, las NPs de CuO mostraron la mayor citotoxicidad, reduciendo la viabilidad celular a partir de los 100 ppm por debajo de la DL50 en las tres líneas celulares. Las NPs de ZnO sólo alcanzaron niveles por debajo de la DL50 a 1000 ppm. Las NPs de FeO no evidenciaron toxicidad significativa. Estos resultados destacan la potencialidad de *Trichoderma* en la biosíntesis de NPs con propiedades deseables. Complementariamente los estudios de citotoxicidad son cruciales para determinar la seguridad de las NPs en sus posibles aplicaciones.

OM6

Uso de bioinsumos comerciales como estrategia para aumentar la tolerancia a estrés salino en plantas de frutilla

Benítez, D.A.^{1,3}; Jimenez P.^{2,3}; Grignola, J.²; Furio, R.N.^{2,4}; Kirschbaum, D.S.^{2,3}; Salazar, S.M.^{2,3}

¹ CERGEN SRL[®]. Hurlingham, Buenos Aires. Argentina.

² Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, INTA. Famaillá, Tucumán. Argentina.

³ Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria, UNT. SM de Tucumán, Tucumán. Argentina.

⁴ CONICET, CCT NOA SUR, SM DE Tucumán, Tucumán. Argentina.

ingenierodiegob@gmail.com

El uso responsable de productos comerciales en la agricultura contribuye a mejorar la productividad y a promover prácticas más sostenibles, reduciendo el impacto ambiental y optimizando el uso de recursos. En el presente trabajo nos propusimos evaluar el uso de diferentes productos comerciales con el objetivo de mitigar los daños ocasionados por la salinidad en plantas de frutilla (*Fragaria ananassa* cv. Benicia). Para ello, plantas de 14 semanas de edad fueron sometidas a distintos tratamientos: (T1) AZOSNITRO[®], (T2) TRICHO-GEN[®], (T3) CERDANA-D[®], (T4) BIOCLUCONOGEN[®], (T5) BIOINTELLIGENT[®] y plantas control. Para ello, al cabo de 7 dpt se comenzó a realizar el riego de las plantas de frutilla con NaCl 100 mM cada 3 días. A los 40 días post-tratamientos se tomaron seis plantas/tratamiento y se analizaron las siguientes variables: índice de verdor (spad; SPAD Minolta 502), longitud aérea y radicular (cm), área foliar (cm²; Image J), superficie radicular (mg Ca(NO₃)₂, diámetro de corona (mm), contenido relativo de agua (%; mediante la determinación de pesos turgentes, frescos y secos de las hojas), peso seco de raíz y partes aéreas (g; en estufa a 60°C hasta peso constante). Observándose diferencias significativas en varios parámetros morfológicos en comparación con plantas control, no tratadas y sometidas a estrés. El peso fresco de las raíces fue mayor en respuesta a los tratamientos T1 y T4. Al evaluar el peso seco, el tratamiento T2 promovió un mayor peso seco de la parte aérea, mientras que T5 incrementó el peso seco radicular. Respecto a la longitud de las plantas, T1 y T3 indujeron un aumento en la longitud aérea, mientras que T2 y T3 lo hicieron en la longitud radicular. El diámetro de la corona solo se incrementó en las plantas tratadas con T4, mientras que la superficie radicular fue mayor en aquellas tratadas con T1. El tratamiento con T1 también se destacó por inducir en las plantas un mayor número de hojas, mientras que T1 y T5 también dieron lugar a plantas con mayor área foliar. Por último, se observó que los tratamientos T1, T4 y T5 indujeron una menor producción de frutos en comparación con las plantas control sometidas a estrés. Estos resultados nos permiten comprobar que el tratamiento con bioinsumos comerciales produce mejora en varios parámetros morfofisiológicos de plantas de frutilla, confiriéndoles mayor tolerancia al estrés salino, por lo que su incorporación como herramientas biotecnológicas en el manejo agronómico podría contribuir a mitigar las pérdidas asociadas a la salinidad, favoreciendo una agricultura más resiliente y eficiente.

La relación planta-microorganismo: eje central para la seguridad alimentaria global

RPM1

Evaluación del impacto de bioinsumos aplicados en semilla y en forma foliar sobre la productividad y rentabilidad del cultivo de soja

de Benedetto, J.P.^{1;2}

¹UNNOBA, Junín, Buenos Aires, Argentina.

²Laboratorios ARBO SRL, Junín, Buenos Aires, Argentina.

juanpy_junin@hotmail.com

El uso de bioinsumos en cultivos extensivos como la soja ha cobrado relevancia en el marco de una agricultura más sustentable. Sin embargo, son escasos los estudios que evalúan combinaciones de productos biológicos aplicados en distintos momentos del ciclo del cultivo. El objetivo fue evaluar el efecto de bioinsumos de Laboratorios ARBO SRL, aplicados en semilla y por vía foliar, sobre el rendimiento, el peso de 1000 granos (P1000) y la rentabilidad del cultivo de soja. Este tipo de estrategias cobra especial importancia ante la necesidad de reducir insumos químicos y promover sistemas agrícolas sostenibles. El ensayo se llevó a cabo durante la campaña 2024/25 en el campo experimental de UNNOBA, ubicado en Junín, sobre un suelo Hapludol típico de la serie Junín. Se utilizó la variedad DM 46I20 STS, sembrada el 14 de noviembre a 80 kg/ha. El diseño fue en bloques completos aleatorizados (DBCA) con cuatro repeticiones. Los tratamientos fueron: T1 (testigo con *Bradyrhizobium japonicum*, 150 cc/50 kg semilla); T2 (ene-2 Triple bio: 100 cc de *B. japonicum*, 100 cc de *Gluconacetobacter diazotrophicus*, 100 cc de *Trichoderma capillare* y 42,5 cc de protector/50 kg); T3 (ene-2 Triple bio + foliar de ene-2 Endophyte Plus (*G. diazotrophicus*) en V4 a 1 L/ha); y T4 (T3 + foliar de ene-2 Tricho (*T. capillare*) en R3 a 1 L/ha). Las concentraciones de los productos fueron: *B. japonicum* 1×10^9 UFC/mL, *G. diazotrophicus* 1×10^{10} , *T. capillare* 1×10^8 , según especificaciones del fabricante. Las aplicaciones foliares se realizaron con mochila presurizada a CO₂, picos de abanico plano, 25 psi y 100 L/ha. La cosecha fue el 30 de abril. Se evaluaron rendimiento, P1000 y rentabilidad, y los datos fueron analizados mediante ANOVA y test de Tukey ($\alpha = 0,10$) en INFOSTAT. Todos los tratamientos superaron al testigo; T3 (pack biológico en semilla + *G. diazotrophicus* foliar) fue el más eficiente, con 4269 kg/ha (+322 kg/ha) y +12 % de margen económico. T4 mostró el mayor P1000 (161,6 g), +5 g respecto al testigo, lo que sugiere un posible efecto de *T. capillare* sobre el peso de los granos, aunque se requiere más evidencia. Su rentabilidad fue menor que la de T3 por el costo adicional. No obstante, fue superior a la del testigo. Si bien las diferencias no fueron significativas ($p > 0,05$), las tendencias sugieren posibles beneficios productivos y económicos. Las condiciones climáticas adversas en enero, con altas temperaturas y bajas precipitaciones, probablemente limitaron la respuesta a los tratamientos foliares. En conclusión, la combinación de inoculación en semilla con el pack biológico y aplicación foliar de *G. diazotrophicus* podría constituir una estrategia promisorio para mejorar la productividad y rentabilidad del cultivo de soja.

RPM2

Evaluación de genes de resistencia antimicrobiana en lechuga fertilizada con digerido

Fabiani, C.^{1,2}; Valero, M.V.¹; Iocoli, G.²; Allegrini, M.³; Zabaloy, M.C.^{1,2}

¹. CERZOS, UNS – CONICET, Bahía Blanca, Bs. As, Argentina.

². Departamento de Agronomía, UNS. Bahía Blanca, Bs. As, Argentina.

³. IICAR, UNR – CONICET, Zavalla, Rosario, Argentina.

camila.fabiani@uns.edu.ar

La resistencia antimicrobiana (RAM) representa una amenaza para la salud pública mundial. Por lo tanto, el uso de digeridos anaeróbicos de estiércol (D) de feedlot como fertilizantes en cultivos de consumo humano requiere una evaluación integral de seguridad, no solo microbiológica sino del riesgo de propagación de la RAM. Este estudio evaluó la presencia de genes de resistencia a antibióticos (GRA) y elementos genéticos móviles (EGM) en la filosfera de lechuga (*Lactuca sativa* L.) bajo distintos tratamientos de fertilización, en un ensayo en macetas en invernáculo. Los tratamientos se aplicaron al suelo previo al trasplante, por triplicado: digerido en dosis única (D-U) o fraccionada (D-F), digerido + biocarbón en dosis única o fraccionada (BC-U y BC-F), fertilización inorgánica única o fraccionada (FI-U y FI-F), biocarbón (B), y control sin fertilizar (C). Al momento de la cosecha (49 días) se determinó área foliar y biomasa (peso seco y fresco) conservando 20 g para extracción de ADN de la filosfera. Se analizaron por qPCR GRA (*bla_{CTX}*, *ermB* y *tetW*) y EGM (*intI1* y *a-int1*). Los resultados obtenidos mostraron efectos de los tratamientos sobre los GRA, pero no sobre los EGM. Para el gen *ermB* se observó una menor abundancia en el tratamiento con BC en comparación con B ($p < 0,05$), además de una correlación negativa entre biomasa de la planta y abundancia de *ermB* ($r = -0,58$, $p < 0,05$). Esto sugiere que los efectos sobre la abundancia de *ermB* en la filosfera podrían estar mediados por factores indirectos, como el desarrollo y estado nutricional de las plantas. Si bien *tetW* no mostró diferencias significativas, se vio una tendencia hacia una menor abundancia en las plantas fertilizadas, junto con una correlación negativa entre la abundancia del gen y el área foliar ($r = -0,63$, $p < 0,05$) y el peso fresco ($r = -0,54$, $p < 0,05$). Para *bla_{CTX}* se observó una menor abundancia en D-F en comparación con C y con FI-U ($p < 0,05$), pese a que D-F y FI-U no mostraron diferencias en la producción de biomasa ni área foliar. La diferencia entre ambos tratamientos podría explicarse por el aporte de otros nutrientes como P y micronutrientes con el digerido que podrían modificar el microbioma de la planta sin efectos en los parámetros agronómicos medidos. Los resultados sugieren que, bajo estas condiciones, la aplicación de digerido sólo o con biocarbón no genera un mayor riesgo de diseminación de la RAM que la fertilización con urea, sino por el contrario, la abundancia de algunos GRA disminuye en plantas fertilizadas probablemente por un efecto indirecto dado por un mejor estado nutricional del cultivo.

RPM3

Compatibilidad de *Ensifer meliloti* con tratamientos insecticida de semillas en el cultivo de alfalfa (*Medicago sativa* L.)

Brisoliz, L.M.¹; Moreno, N.¹; Guillot Giraudo, W.²; Gallace, M.E.^{1,3}

¹ Facultad de Agronomía, UNLPam. Santa Rosa, La Pampa, Argentina.

² INTA EEA "Ing. Agr. Guillermo Covas". Anguil, La Pampa, Argentina

³ CONICET

lucyb@hotmail.com.ar

La alfalfa es la forrajera más utilizada en Argentina, donde su capacidad de realizar fijación biológica de nitrógeno en simbiosis con rizobios, la hacen un pilar fundamental de los agroecosistemas. Durante el período de implantación, puede sufrir el ataque por poblaciones de trips que retrasan el crecimiento o causan la pérdida de plántulas. Una práctica comúnmente utilizada por los productores es la aplicación de insecticida como tratamiento de semillas. Ante crecientes consultas de actores del ámbito productivo sobre la observación de niveles limitados de nodulación, se definió como objetivo de este trabajo evaluar el impacto del insecticida Imidacloprid sobre la compatibilidad de los rizobios y como la sincronización entre la inoculación y el tratamiento de semillas puede afectar la nodulación. Para el ensayo de compatibilidad, la cepa B399 de *E. meliloti* se cultivó alcanzando 10^9 UFC. mL⁻¹. Una alícuota de 100 µL de este cultivo se sembró en una placa Petri con medio de cultivo AEL. Posteriormente, se colocaron sobre ellas discos de papel de filtro Whatman estéril de 0,5 cm con 10 µL de cada tratamiento con tres réplicas y se incubaron durante 72 h a 28-30 °C. Los tratamientos de Imidacloprid (60%) se realizaron en función de la dosis recomendada por marbete en las siguientes concentraciones: 0,5x, 1x, 2x y 5x. Para el ensayo de nodulación, se utilizaron semillas sin desinfectar de la variedad Monarca SP INTA y los tratamientos fueron: sin inocular, inoculado con *E. meliloti* B399, Imidacloprid (60%) en una dosis de 500 cm³/100 kg de semilla, inoculado más insecticida de aplicación única, inoculado más insecticida de aplicación secuencial. El ensayo se realizó en invernáculo, utilizando vasos de 200 ml con vermiculita esteril. Se establecieron 6 réplicas por tratamiento y, a los 45 días desde la siembra, se evaluó el número y tamaño de nódulos. Para las dosis utilizadas, hubo ausencia de halo de inhibición lo que evidenció la compatibilidad de la cepa. En cuanto a la nodulación, no se encontraron diferencias significativas entre los tratamientos. Sin embargo, en aquellos tratamientos inoculados, los nódulos se localizaron principalmente en la zona del cuello y presentaron un tamaño superior (>5 mm) a los de el tratamiento no inoculado. En las condiciones de este estudio, se puede concluir que la nodulación de alfalfa no se ve afectada por la utilización del insecticida independientemente del momento de aplicación.

RPM4

Evaluación del impacto de la inoculación con un consorcio microbiano sobre plantas de pimiento (*Capsicum annuum*) a lo largo de tres años de ensayos de campo

Cejas, L.¹, Guiñazú, L.^{1;2}, Andrés, J.^{1;2}, Autrán, V.², Rovera, M.¹, Torres, A.¹, Pastor, N.¹

¹Instituto de Investigación en Micología y Micotoxicología, Universidad Nacional de Río Cuarto/Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

²Laboratorio de Microbiología Agrícola, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UNRC. Río Cuarto.
npastor@exa.unrc.edu.ar

Un método agrícola sostenible para aumentar el rendimiento de los cultivos y reducir la dependencia de insumos químicos es el uso de especies microbianas beneficiosas como bioinoculantes, especialmente *Pseudomonas* spp., *Trichoderma* spp. y consorcios microbianos. Mediante diversos procesos, como la producción de fitohormonas y la solubilización de nutrientes, estos microorganismos mejoran el crecimiento vegetal. Aunque inóculos individuales hayan mostrado resultados prometedores, los consorcios microbianos pueden ofrecer mayores ventajas debido a su complementariedad funcional. Este estudio evaluó el impacto de inoculaciones simples y combinadas de *P. putida* PCI2 y *T. harzianum* ITEM 3636 sobre plantas de pimiento a lo largo de tres años de ensayos independientes a campo. Los 3 ensayos a campo se realizaron en el campo experimental perteneciente a la Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina (33°06'26.0 "S, 64°17'52.5"W). Se probaron los siguientes tratamientos: (1) Control sin inoculación; (2) Inoculación con PCI2; (3) Inoculación con ITEM 3636 y (4) Inoculación con ITEM 3636 + PCI2 (Consortio). En el momento del trasplante, las plántulas se inocularon mediante inmersión de las raíces durante 1 minuto en la suspensión o mezcla correspondiente. Tras el trasplante, se eliminaron las malezas manualmente. No se aplicaron herbicidas químicos. Tampoco se utilizaron fungicidas ni insecticidas químicos. El análisis del impacto general de los tratamientos sobre los diversos parámetros evaluados reveló que el desarrollo del sistema radicular mejoró significativamente en respuesta a la inoculación con la cepa ITEM 3636, tanto sola como en combinación con PCI2. Por otro lado, las inoculaciones con una sola cepa fueron más eficaces para estimular el crecimiento de la parte aérea. Asimismo, las plantas inoculadas con el consorcio microbiano produjeron frutos con dimensiones significativamente mayores. En comparación con los frutos de las plantas tratadas con una sola cepa o los controles sin inocular, los frutos mostraron un mayor peso, ancho y longitud. Además, las mediciones de rendimiento mostraron las mayores ganancias con la inoculación con el consorcio, seguida de la inoculación con la cepa PCI2 sola. Nuestros resultados sugieren que este consorcio microbiano mejora procesos fisiológicos que incrementan la producción de pimiento, actuando como un bioestimulante eficaz.

RPM5

Evaluación de bacterias endófitas nativas del cultivo de maní con actividad antifúngica contra el hongo patógeno *Thecaphora frezzii*

Espinosa Herlein, M.A.^{1,3}; Valetti, L.⁴; Paredes, J.A.⁴; Ruiz, O.A.^{2,3}; Guzzo, M.C.¹; Monteoliva, M.I.^{1,3}

¹IFRGV-UDEA, CIAP, INTA, Córdoba, Argentina. ². INTECH, Chascomús, Buenos Aires, Argentina. ³ CONICET, ⁴ IPAVE-UFYMA, CIAP, INTA, Córdoba, Argentina.

espinosa.maria@inta.gob.ar

El cambio climático representa un desafío crítico para la producción agrícola, aumentando la incidencia de enfermedades fúngicas que afectan a cultivos. En este escenario, los microorganismos benéficos emergen como una alternativa sustentable para el manejo integrado de patógenos, reduciendo la dependencia de agroquímicos y promoviendo sistemas agrícolas resilientes. *Thecaphora frezzii*, agente causal del carbón del maní, es un hongo patógeno de creciente impacto en Argentina, que compromete la productividad y sostenibilidad de este cultivo. El objetivo de nuestro trabajo fue buscar alternativas con un menor costo económico y ambiental que los fungicidas químicos, usando bacterias benéficas endófitas, nativas del cultivo, con efecto antifúngico y potencial uso como agentes de biocontrol. Los aislamientos se obtuvieron de distintos órganos de la planta utilizando medio TSA hasta obtener cultivos puros. Un total de 76 bacterias fueron evaluadas según su efecto antifúngico mediante ensayos de placas duales *in vitro* frente a *T. frezzii*. Se calculó el porcentaje inhibición de crecimiento del micelio fúngico en presencia de cada aislamiento respecto del control sin bacteria. Se obtuvieron 11 aislamientos con más del 40% de inhibición *in vitro*. Luego se realizaron ensayos con sobrenadante libre de células para estudiar el efecto de metabolitos antifúngicos en el medio de cultivo, pero ninguno de los once aislamientos, mostro actividad antifúngica. Los dos con mayor porcentaje de inhibición en placas duales (66.4% y 92.2%, respectivamente) fueron identificaron como *Paenibacillus kyungheensis* y *Pseudomonas chlororaphis* por secuenciación del gen de la subunidad ribosomal 16S. Finalmente, el efecto antifúngico fue validado *in vivo*, en dos ensayos de ciclo completo (155 días) en umbráculo bajo riego por aspersión (2024 y 2025). Las inoculaciones con las bacterias (2 ml de medio de cultivo DO=0,1) se realizaron a los 15 (trasplante), 60 (floración) y 70 (clavado) días post trasplante. A los 30 días, se infectaron las plantas con esporas del hongo patógeno (0.5 g en 200 ml de agua por maceta de 10 Kg). Al día 155, se cosecharon los frutos y se calculó incidencia y efecto de control. En promedio entre ambos ensayos, se observó una eficiencia de control de 30% para los dos aislamientos (2024 incidencia del testigo de 6% y en 2025, 60%). En futuras investigaciones se profundizará en los mecanismos involucrados y se evaluará la eficacia de control a campo. Estos hallazgos abren nuevas posibilidades para el desarrollo de estrategias sustentables de manejo del carbón del maní.

RPM6**Respuesta en plantas de tomate tratadas con *Scenedesmus dimorphus*: protección frente al estrés hídrico**

Riva, D.S.¹; Gori, J.I.; Rico, H.D.¹; Zilli, C.¹; Balestrasse, K.¹; Ribaudó, C.M.¹

Universidad de Buenos Aires (UBA), Facultad de Agronomía. Cátedra de Bioquímica. Av. San Martín 4453, Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

rivadani@agro.uba.ar

Las microalgas son capaces de inducir en plantas tolerancia a estrés biótico y abiótico. Sus polisacáridos estructurales de pared y los exopolisacáridos actúan como elicitores, activando las defensas sistémicas de las plantas, a través de variados mecanismos enzimáticos. El estrés hídrico genera aumento de especies reactivas de oxígeno, que dañan los componentes celulares y activan enzimas antioxidantes, protegiendo así a la planta del daño. Indicadores del daño oxidativo son el MDA (malondialdehído) y las actividades de las enzimas catalasa (CAT) y guaiacol peroxidasa (GPOX). El objetivo de este trabajo fue la evaluar el efecto bioestimulante y bioprotector de *Scenedesmus dimorphus* en plantas de tomate sometidas a estrés hídrico. Las plantas de tomate (cv. Río Grande) fueron sembradas en sustrato de perlita:vermiculita:arena (1:2:1) y mantenidas en cámara de cultivo con 16 h de luz y 8 h de oscuridad a 25°C, regadas regularmente con solución Hoagland (0,25 X). Cada tratamiento consistió en 20 plantas de tomate que 15 d postgerminación recibieron 10 cápsulas de alginato conteniendo *S. dimorphus* (según el tratamiento). Los tratamientos fueron los siguientes: a) Riego (capacidad de campo); b) Sin riego; c) *S. dimorphus* con riego; d) *S. dimorphus* sin riego. Se evaluaron parámetros de crecimiento vegetal (altura, peso y calibre) en respuesta a la aplicación *S. dimorphus*. La misma, tuvo un efecto positivo en todas las variables de crecimiento, registrándose un aumento del 68% en el calibre, 25% en la altura de tallo y largo de raíz, 67% para el peso de la parte aérea y un 325% de aumento para la variable peso fresco de raíz. Con respecto a la respuesta al estrés oxidativo en plantas sometidas a estrés hídrico, el tratamiento con la microalga inmovilizada redujo significativamente (100%) la producción de MDA, el cuál es un indicador de daño oxidativo en las células. CAT es una enzima antioxidante que regula el peróxido de hidrógeno (H₂O₂) intracelular, la actividad de la misma fue un 98% menor en plantas tratadas con cápsulas en situación de estrés. Por otro lado, la actividad GPOX fue significativamente mayor en las plantas tratadas con la microalga (50%), indicando que el tratamiento indujo el mecanismo de eliminación de ROS y lignificación de pared en situación de estrés. A través de estos resultados, se puede concluir que el uso de *S. dimorphus* se plantea como una alternativa eficiente para promover el crecimiento en cultivos hortícolas y la protección frente al daño oxidativo por estrés hídrico.

RPM7**Germinación y transmisión vertical en la nueva asociación *Lolium multiflorum*–*Epichloë tembladerae* bajo estrés hídrico**

Terlizzi, N.L.^{1,2}; Ruiz Mínguez, D.^{1,2}; Iannone, L.J.^{1,2}; Novas, M.V.^{1,2}; Mc Cargo, P.D.^{1,2}

¹ UBA-FCEN. Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental. CABA. Argentina.

² CONICET-UBA. Instituto de Micología y Botánica. CABA. Argentina.

terlizzinatalia@gmail.com

Los hongos endofitos del género *Epichloë* (Hypocreales, Clavicipitaceae) establecen asociaciones simbióticas específicas con gramíneas de la Subfamilia Pooideae. Mediante inoculación cruzada se han desarrollado asociaciones artificiales gramíneas-endofitos, como estrategia para desarrollar cultivares más resilientes a condiciones ambientales cambiantes. En nuestro laboratorio se estableció una nueva asociación entre el endofito de gramíneas nativas *Epichloë tembladerae* y *Lolium multiflorum*, una gramínea forrajera naturalmente asociada a *E. occultans*. Por tratarse de una gramínea anual, la transmisión vertical del endofito es crítica para la persistencia y estabilidad de la simbiosis en el tiempo. Aquí evaluamos, el efecto de diferentes condiciones hídricas (control, sequía e inundación) durante la producción de semillas, en plantas libres de endofito (E–), naturalmente infectadas con *E. occultans* (E+) e inoculadas con *E. tembladerae* (ET+), en la germinación de semillas y la eficiencia de la transmisión de ambos endofitos. Los ensayos se realizaron en maceta, bajo condiciones de invernadero, durante noviembre-diciembre de 2024. Sesenta plantas de cada estado endofítico fueron sometidas a los regímenes hídricos. En 30 semillas de cada planta se determinó la incidencia de endofito mediante tinción y observación por microscopía. Para evaluar el porcentaje y velocidad de germinación, 200 semillas producidas bajo cada régimen hídrico (5 réplicas con 40 semillas) fueron germinadas a 20°C en oscuridad con registros cada 8 horas. No se observaron diferencias significativas entre estatus endofíticos. Bajo sequía, las semillas E+ mostraron un menor tiempo medio de germinación (TMG) y un mayor índice de velocidad media de germinación (IVMG). Mientras que en inundación el TMG no difirió significativamente, las semillas E+ mostraron una mayor velocidad y uniformidad germinativa. Las semillas de la nueva asociación (ET+) presentaron valores intermedios no significativos en la mayoría de las condiciones, con un comportamiento germinativo comparable al de las plantas E–, en TMG y porcentaje de germinación. La transmisión del endofito, natural e inoculado, a la semilla fue del 96-97%, sin diferencias entre tratamientos hídricos, aspecto clave para la persistencia de la simbiosis en sistemas pastoriles. Estos hallazgos sugieren que el estrés hídrico durante la formación de las semillas podría afectar a la dormición, pero no afectaría a la transmisión. Los resultados destacan el potencial de *L. multiflorum*–*E. tembladerae* para mejorar la adaptación de forrajeras anuales a ambientes con variabilidad hídrica.

RPM8

Digerido Anaeróbico como Fertilizante: Efecto sobre los Microorganismos del ciclo del Nitrógeno y la biomasa de Raigrás

Meier, C.O.¹; Basualdo, J.¹; Allegrini, M.²; Morales, M.E.^{1,3}; Iocoli, G.A.^{1,3}; Zabaloy, M.C.^{1,3}

¹Departamento de Agronomía, UNS. Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

²IICAR-CONICET-UNR. Rosario, Santa Fe, Argentina.

³CERZOS-UNS-CONICET. Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

jbasualdo@cerzos-conicet.gob.ar

El biogás, producido por digestión anaeróbica de residuos orgánicos, principalmente agroindustriales, es una fuente de energía renovable con gran potencial en Argentina. Su subproducto, el digerido anaeróbico (DA), es un biofertilizante rico en nitrógeno en forma de NH_4^+ y otros nutrientes. Este estudio tuvo como objetivo evaluar el efecto de la fertilización con DA sobre la producción de biomasa aérea de raigrás (*Lolium perenne* L.) y sobre la abundancia de poblaciones de bacterias y arqueas oxidantes del amoníaco (BOA y AOA, respectivamente), así como bacterias desnitrificantes en el suelo rizosférico. Se llevó a cabo un ensayo en invernáculo con un diseño completamente aleatorizado, evaluando cuatro tratamientos de fertilización (N=20): DA, urea (U), fertilización combinada (FC, 50DA:50U) y control (C), sin fertilización. El digerido utilizado provino de un biodigestor alimentado con purín de ganado, purín de cerdo y estiércol de aves de corral, suero lácteo y ensilado de maíz. Las macetas fueron fertilizadas ajustando a una dosis equivalente a 106 mg de N-NH_4^+ por kg de suelo seco. Luego de la primera fertilización se sembraron semillas de raigrás a una densidad de 0,8 g de semillas por maceta. Al finalizar el ensayo se determinó la biomasa aérea acumulada (peso seco, g) y se recolectó suelo rizosférico para la extracción de ADN bacteriano. Mediante qPCR se cuantificaron genes microbianos asociados al ciclo del nitrógeno: *amoA* de BOA y AOA; y los genes desnitrificantes *nirK* y *nirS*. La biomasa acumulada de raigrás incrementó significativamente con los tratamientos DA y FC ($\bar{X}$ = 2,52; p = 0,009), comparada con el control y la urea. Por su parte, la abundancia de BOA fue mayor en el tratamiento combinado FC y se correlacionó positivamente con la biomasa acumulada (r = 0,65; p = 0,01); mientras que, la abundancia de AOA y de los genes *nirK* y *nirS* no presentaron diferencias significativas entre los tratamientos. Estos resultados sugieren que BOA son los principales responsables de la oxidación de NH_4^+ en las condiciones ensayadas, y la posterior oxidación a nitrato favorece la captación del nutriente por la planta. La aplicación de digerido anaeróbico, solo o combinado, representa una alternativa eficiente y superior a la urea para la fertilización de forrajes como el raigrás; aportando un beneficio adicional al incorporar materia orgánica y nutrientes al suelo. No obstante, se debería mantener un balance en la actividad de la BOA para no estimular excesivamente este grupo que puede conducir a pérdidas de N por lixiviación o desnitrificación.

RPM9**Impacto de la producción de Piomelanina en Rizobacterias del género *Pseudomonas* en la resistencia a estrés y la promoción del crecimiento vegetal.**Saad, E.^{1*}; Pagano, C.M.^{1*}; Diaz Appella, M.²; Ricardi, M.M.^{3,4}; Tribelli, P.M.^{1,2,3}¹Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. CABA. Argentina.²IQUIBICEN-CONICET, CABA, Argentina.³Departamento de Fisiología, Biología, Molecular y Celular. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. CABA. Argentina⁴IFIBYNE-CONICET. CABA, Argentina.camipagano26@gmail.com

El género *Pseudomonas* se caracteriza por su amplia distribución ambiental, versatilidad metabólica y la capacidad de algunas especies para producir melanina, un pigmento oscuro asociado a resistencia frente a estrés ambiental como antibióticos, especies reactivas de oxígeno o radiación ultravioleta. Entre estas melaninas se encuentra la piomelanina, derivada del homogentisato (HMG), cuya acumulación suele deberse a mutaciones en el gen *hmgA*. Este pigmento podría otorgar ventajas competitivas a rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR), al mejorar su supervivencia en la rizósfera, un entorno hostil y competitivo. En este trabajo se analizó el impacto de la producción de piomelanina sobre *P. protegens* Pf-5 y *P. extremaustralis* 14-3b. Se generaron variantes melanogénicas por mutagénesis dirigida (CRISPR-Cas) o transposición, y se evaluaron distintos aspectos fisiológicos y funcionales. El crecimiento en medio líquido no mostró diferencias entre cepas salvajes y pigmentadas. La caracterización espectroscópica de los pigmentos reveló diferencias en la región UV, particularmente en la región 200-400 nm, sugiriendo posibles variaciones estructurales. Las piomelaninas purificadas de ambas especies otorgaron protección frente a la radiación UV-C, siendo más efectiva la de *P. extremaustralis*. En ensayos de estrés oxidativo con H₂O₂, la cepa pigmentada de *P. protegens* mostró mayor tolerancia, mientras que en *P. extremaustralis* no hubo diferencias significativas. En cuanto a la formación de biofilms, la cepa mutante de *P. protegens* produjo cinco veces menos biomasa que su cepa salvaje, mientras que en *P. extremaustralis* no se observaron cambios. Además, realizamos ensayos de competencia entre la cepa melanogénica y la cepa salvaje de *P. extremaustralis* in vitro, mostrando un mayor recuento para la cepa mutante. Las cepas mutantes productoras de piomelanina conservaron su capacidad de solubilizar fosfato en ensayos en placa. Al evaluar la arquitectura radicular en plantas inoculadas, se observó que la cepa pigmentada de *P. extremaustralis* aumentó la densidad y longitud de raíces laterales y pelos radicales, como la cepa salvaje, pero solo esta última redujo significativamente la longitud de la raíz principal. En conclusión, la producción de piomelanina otorga resistencia frente a factores de estrés relevantes en la rizósfera, favoreciendo la supervivencia de PGPR. Sin embargo, puede afectar negativamente otras funciones deseables como la formación de *biofilms*, al menos in vitro. La capacidad de modular la arquitectura de la raíz de manera diferencial puede constituir una herramienta útil para la promoción del crecimiento vegetal en distintos tipos de suelos.

RPM10

Caracterización de Bacterias aisladas de Brasicáceas silvestres: efecto sobre el enraizamiento en sustrato de *Brassica oleracea* L. var. *italica* micropropagado

Salotti, A.H.^{1, 2}; Giordano, T.¹; Meriles, A.¹; Yarte, M.E.¹; Larraburu, E.E.^{1, 3}.

¹Laboratorio de cultivo de tejidos vegetales "Berta E. Llorente", Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina.

²Comisión de Investigaciones Científicas (CIC), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

salottiariel@gmail.com

Brassica oleracea L. var. *italica* ("brócoli") es nutricionalmente rico en vitamina A y C, fibra soluble, y es fuente de diversos compuestos bioactivos con efectos antioxidantes y anticancerígenos (como la glucorafanina). La microbiota asociada a estas plantas puede desempeñar un papel crucial en su salud y desarrollo por lo que resulta de interés desarrollar inoculantes para incrementar la producción de este cultivo. En este estudio, se utilizaron cepas previamente aisladas de distintos órganos de plantas silvestres de Brassicaceae ubicadas en las inmediaciones de la Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires con el fin de seleccionar potenciales cepas promotoras de crecimiento vegetal. En ensayos preliminares de enraizamiento de brócoli realizados *in vitro*, de 20 cepas iniciales, se seleccionaron 7 que fueron las que mostraron mayor promoción del crecimiento (B3, B7, B9, B10, B11, B12 y B13). Para los ensayos de enraizamiento en sustrato se partió de plantas micropropagadas en medio MSG suplementado con 0,39 μM de BA y 0,046 μM IBA. Las cepas se cultivaron en caldo nutritivo por 72 hs y se inocularon 100 μL en la base de los explantos, los cuales fueron transferidos a bandejas de cultivo que contenían una mezcla de turba y perlita (1:1). De las cepas utilizadas, la mayoría presentó potencial de fijación de nitrógeno atmosférico y produjo compuestos análogos al ácido indol acético (el 43% produjo más de 13 $\mu\text{g mL}^{-1}$), mientras que el 57% solubilizó fosfato tricálcico. Además, el 71 % fueron caracterizados como bacilos, el 57% como Gram positivos, y el 57% como catalasa positivo. Al evaluar la capacidad promotora mediante parámetros biométricos se observaron incrementos significativos ($p < 0,05$) en la longitud del tallo, el peso fresco y seco total y la longitud de raíz al utilizar B3 y B7; el número de hojas y el largo de la raíz inoculando con B12; la longitud del tallo y el peso seco total al utilizar B9; y la longitud del tallo y de raíz con B11, todos respecto al control. Además, B3, B7, B9, B11 y B12 presentaron índices de parámetros biométricos significativamente mayores al control. Las cepas B3, B7, B9, B11 y B12 mostraron múltiples atributos promotores del crecimiento que se tradujeron en mejoras biométricas significativas en plantas de brócoli. Estos hallazgos sientan las bases para la formulación de inoculantes adaptados localmente.

RPM11**Relación entre microorganismos simbiotes, nutrición fosforada y abundancia de *Lotus tenuis* y *Cynodon dactylon* en pastizales ante pastoreo**Minás, A.^{1,2}; García, I.¹MACN-CONICET, Buenos Aires, Argentina.²Cátedra de Ecología, Facultad de Agronomía, UBA, Buenos Aires, Argentina.aleminas@agro.uba.ar

La simbiosis con hongos micorrícicos arbusculares (HMA) y septados oscuros (DSE) favorecería la supervivencia y crecimiento vegetal en pastizales ante pastoreo poco controlado. Un manejo conservado del pastoreo podría promover los beneficios que estas simbiosis otorgan. Este estudio evaluó estacionalmente (ES: primavera/otoño) la relación entre la colonización radical por HMA/DSE, la nutrición fosforada (P) y la abundancia relativa (AR) de *Lotus tenuis* y *Cynodon dactylon* en 6 pastizales con diferente intensidad de pastoreo (IP: alta/baja). En Buenos Aires, se seleccionaron los pastizales 1B (baja IP, 1 EV/ha) y 2A (alta IP, 0,85 EV/ha); y en Santa Fe los pastizales 3B y 5B (baja IP, 1,23 EV/ha) y 4A y 6A (alta IP, 0,57 EV/ha). Los pastizales 1 al 4 se ubicaron sobre un Natracuol típico, y los pastizales 5 y 6 sobre un Natracualf típico. Se evaluó la AR, concentración de P en suelo, vástago y raíz, los factores de traslocación (FT: P-vástago/P-raíz) y bioconcentración (FBC: P-raíz/P-suelo), y la colonización por estructuras de HMA en ambas especies y DSE en *C. dactylon*. Los datos se analizaron a través de ANOVA y correlaciones simples. *L. tenuis* no se encontró en el pastizal 6A. Independientemente de la IP, la colonización por HMA fue 15% mayor en primavera (con predominio de arbusculos) que en otoño (con predominio de hifas). AR correlacionó positivamente con los arbusculos. La colonización por HMA correlacionó negativamente con FBC y no significativamente con FT. *C. dactylon* se registró en todos los pastizales y presentó co-colonización por HMA y DSE en ambas estaciones. La colonización por HMA alcanzó 73% en primavera, disminuyendo 10% en otoño en los pastizales 1 y 6, y hasta 40% en los pastizales 2 al 5, con predominio de hifas, independientemente de la IP. La colonización por DSE fue 56% mayor en otoño. AR correlacionó negativamente con hifas, y positivamente con P en tejido. FT y FBC correlacionaron positivamente con DSE y negativamente con HMA. Independientemente de IP y ES, la colonización por HMA en *L. tenuis* estaría regulada por la concentración de P-raíz, y su presencia (AR) en un pastizal estaría relacionada con la funcionalidad de la simbiosis con HMA (colonización por arbusculos mayoritaria). En *C. dactylon*, la colonización de HMA participaría en mayor medida en la absorción del P-suelo y la colonización de DSE se asociaría a la regulación del P entre vástago y raíz. Una mejor nutrición-P mediada por ambos simbiotes contribuiría al establecimiento de esta especie en los distintos pastizales. Estos resultados destacan la importancia de las prácticas de manejo que preservan la funcionalidad de ambas simbiosis.

RPM12**Evaluación de la aplicación de *Gluconacetobacter diazotrophicus* en trigo fertilizado con distintas dosis de nitrógeno****de Benedetto, J.P.^{1;2}**¹UNNOBA, Junín, Buenos Aires, Argentina.²Laboratorios ARBO SRL, Junín, Buenos Aires, Argentina.juanpy_junin@hotmail.com

El uso de bioinsumos en cultivos extensivos busca aumentar la eficiencia del uso de nutrientes, reducir el impacto ambiental y mejorar la rentabilidad. *Gluconacetobacter diazotrophicus* es una bacteria endófito con capacidad para fijar nitrógeno atmosférico (FBN) en cultivos no leguminosos como trigo, aportando al crecimiento vegetal. Si bien ha sido ampliamente estudiada en caña de azúcar, su evaluación en trigo bajo condiciones reales de manejo es aún incipiente. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la aplicación foliar de un bioinsumo formulado con *G. diazotrophicus*, con un recuento de 1×10^{10} UFC/ml (Endophyte Plus, Laboratorios ARBO SRL), sobre el rendimiento, el peso de 1000 granos (P1000) y la rentabilidad del cultivo de trigo con dos niveles de fertilización nitrogenada. El ensayo se realizó durante la campaña 2023 en el campo experimental "Las Magnolias" (UNNOBA, Junín Bs. As.), mediante un diseño de bloques completos aleatorizados con cuatro repeticiones. Se evaluaron cuatro tratamientos: T1 (60% N), T2 (100% N), T3 (60% N + *G. diazotrophicus*) y T4 (100% N + *G. diazotrophicus*). Para la fertilización nitrogenada se utilizó UREA granulada, aplicándose 250 kg/ha y 150 kg/ha en los tratamientos con 100% y 60% de N, respectivamente. La variedad utilizada fue Klein Prometeo, de ciclo intermedio corto, con un poder germinativo del 95%. La densidad de siembra fue de 130 kg/ha, lo que resultó en aproximadamente 3,34 millones de plantas por hectárea. La aplicación foliar del bioinsumo se realizó en hoja bandera (Z3.9) a razón de 1 L/ha. Cada planta recibió una dosis estimada de aproximadamente 3 millones de bacterias viables. El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA y test de Tukey ($\alpha = 0,05$). Aunque no se observaron diferencias estadísticas significativas, el bioinsumo mejoró el rendimiento y el P1000. El tratamiento T4 presentó el mayor rendimiento promedio (3272 kg/ha), seguido por T3 (3083 kg/ha), que incluso superó al testigo con fertilización completa (T2, 3006 kg/ha). Además, T3 y T4 mostraron un aumento en el P1000 frente a sus controles (T1 y T2), con incrementos de 0,13 g y 0,5 g, alcanzando valores de 36,1 g y 37,5 g, respectivamente. El análisis económico mostró que T3 (60% N + *G. diazotrophicus*) fue el tratamiento más rentable, con una ganancia de U\$S 87,56/ha superior al testigo con 100% N (T2), lo que representa un 20% más de rentabilidad. En conclusión, la aplicación de *G. diazotrophicus* permitió alcanzar rendimientos comparables a la fertilización completa utilizando un 40% menos de nitrógeno de síntesis química, con mejor retorno económico, posicionándose como una estrategia sustentable para la intensificación del cultivo de trigo.

RPM13**Intensificación De Cultivos: ¿Clave Para Sostener La Calidad Edáfica Bajo Estrés Hídrico?**Ronco, J.L.; Fernández de Landa, G.; Barberi, P.A.¹; Covacevich, F.²

¹Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (IPADS; CONICET-INTA) Balcarce, Buenos Aires, Argentina.

²Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC) y FIBA, Mar del Plata, Buenos Aires, ARGENTINA.

covacevich.fernanda@inta.gob.ar

Los primeros centímetros del suelo constituyen una zona crítica para la actividad microbiana asociada a las raíces y la entrada de agua, especialmente ante cambios en el régimen de precipitaciones. En este contexto, los hongos micorrícicos arbusculares (HMA), simbioses de las raíces, cumplen un rol importante contribuyendo a la porosidad del suelo, en gran parte mediante la secreción de la proteína del suelo relacionada a la glomalina (GRSP), que participa en la agregación del suelo al actuar como agente cementante. Nuestro objetivo fue comprender cómo distintas estrategias de manejo agrícola, como la intensificación de cultivos (definido por la cantidad de cultivos en unidad de tiempo), afectan estas dinámicas, promoviendo sistemas más resilientes. Este estudio se desarrolló en un Ensayo de Larga Duración (ELD) iniciado en 2006 sobre un Argiudol típico en INTA Balcarce (Pcia. de Buenos Aires), donde se compararon tres secuencias contrastantes (ordenados de menor a mayor intensificación): Monocultivo (Mono: soja), Cultivo de Cobertura (CC- cultivo de servicio previo al cultivo principal sin destino de cosecha): avena /soja) y Rotación (Rot: avena/soja-trigo-maíz). Durante el barbecho (suelo sin raíces activas) invernal del 16° año de iniciado el ELD, se tomaron muestras (0–5 cm) para evaluar: i) contenido total de GRSP (T-GRSP), ii) fracciones del carbono orgánico del suelo (total, particulado y asociado: COT, COP, COA, respectivamente), y iii) parámetros físico-hídricos, como el diámetro medio ponderado de macroagregados grandes (DMPMG) y la conductividad hidráulica (K). El año en estudio presentó un marcado déficit hídrico, que afectó fuertemente los cultivos estivales previos al muestreo. Los resultados mostraron que los sistemas con mayor intensificación de cultivos (CC y Rot) promovieron mayores contenidos de T-GRSP respecto a Mono, indicando un efecto positivo del manejo sobre la actividad de HMA. La T-GRSP se asoció positivamente con COT y COP, sugiriendo su vinculación con fracciones más lábiles del carbono (C) y con mecanismos vinculados a la estabilidad de agregados. Se sugiere una posible mejora en la estructura del suelo con mayor proporción de poros funcionales (en relación a un mayor DMPMG) en sistemas más intensificados en comparación a Mono. Sin embargo, la K no mostró diferencias significativas, posiblemente por las condiciones extremas de déficit hídrico mencionado. Los resultados evidencian que un suelo con la mayor parte del año con raíces vivas y diversas favorece la acumulación de GRSP, lo cual puede representar una respuesta de los HMA al estrés hídrico. Las mejoras estructurales y funcionales en los primeros centímetros del suelo en sistemas con mayor intensificación, evidencian la potencialidad de estrategias de manejo que promuevan el aporte de C, la porosidad y la actividad biológica en el marco de una agricultura sustentable.

RPM14

Caracterización de bacterias rizosféricas nativas de brócoli (*Brassica oleracea* var. *italica*) y su potencial como biofertilizante

Giordano, T.¹; Yarte, M.E.¹; Salotti, A.H.^{1,2}; Larraburu, E.E.^{1,3}

¹Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales "Berta E. Llorente", Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires, Argentina.

²Comisión de Investigaciones Científicas (CIC), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

myarte@unlu.edu.ar

Las plantas, que en numerosos casos constituyen el alimento de seres humanos y animales, tienen bacterias asociadas que colonizan sus tejidos internos y promueven el crecimiento a través de diferentes estrategias. El objetivo general de este trabajo fue llevar a cabo una caracterización tanto morfológica como bioquímica de cuatro cepas bacterianas, denominadas B3, B5, B10 y B17. Estas cepas fueron previamente aisladas de la rizósfera de plantas de brócoli (*Brassica oleracea* var. *italica*) cultivadas en el área de influencia de la Universidad Nacional de Luján. Se analizó la morfología de las colonias, tinción de Gram y actividad catalasa. En cuanto a las características promotoras del crecimiento vegetal, todas fueron positivas para la producción de compuestos indólicos análogos al ácido indolacético (AIA), destacándose la cepa B17 (23,64 $\mu\text{g mL}^{-1}$). B3, B5 y B17 fueron capaces de solubilizar $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ en medio PVK y crecer en medio libre de nitrógeno. Posteriormente, para evaluar los efectos en la interacción planta-bacteria, se llevaron a cabo ensayos de germinación de semillas de brócoli inoculadas y sin inocular, bajo condiciones *in vitro* y *ex vitro*. Los resultados fueron analizados estadísticamente con IBM SPSS v. 21 y se calculó un índice de parámetros biométricos (IPB) para evaluar el efecto global de los tratamientos. En los ensayos *in vitro*, la inoculación con la cepa B10, si bien mejoró parámetros como el peso fresco de vástago y raíces, y el peso seco de raíces, las diferencias con el tratamiento control no fueron significativas. Al evaluar el efecto global de la bacterización mediante el IPB, la inoculación con la cepa B10 generó el valor máximo, mientras que las cepas B5 y B17 ocasionaron efectos adversos en estos ensayos. Sin embargo, al realizar los ensayos *ex vitro*, en bandejas con sustrato mezcla de turba:perlita (1:1), el tratamiento con la cepa B17 generó incrementos significativos en el peso fresco de raíces respecto a los brotes no inoculados. Además, las plántulas inoculadas con esa cepa obtuvieron mayores valores en pesos secos de vástago y raíces, en la longitud de raíz principal, y en el IPB. En conclusión, la cepa B10 generó mejoras en los parámetros biométricos en condiciones *in vitro* y B17 en condiciones *ex vitro* respecto a los brotes controles.

RPM15**Desarrollo de un inoculante bacteriano resistente a fungicidas con mayor capacidad de solubilizar fosfatos**

Agranatti, C.¹; Ricardi, M.M.^{2,3}; Tribelli, P.M.^{1,4}

¹. Dpto. Química Biológica, FCEN-UBA, Buenos Aires, Argentina.

². IFIBYNE-CONICET, Buenos Aires, Argentina.

³. Dpto. FBMC, FCEN-UBA, Buenos Aires, Argentina.

⁴. IQIBICEN-CONICET, Buenos Aires, Argentina.

carola99@uba.ar

El suelo y las diferentes partes de las plantas albergan una gran diversidad microbiana. El género *Pseudomonas* incluye numerosas especies promotoras del crecimiento vegetal (PGPB por sus siglas en inglés). Estas bacterias pueden ejercer efectos beneficiosos sobre el crecimiento de las plantas mediante la producción de metabolitos secundarios, como sideróforos y análogos de hormonas vegetales, incrementando la disponibilidad de nutrientes, como fósforo y nitrógeno y compitiendo por el nicho ecológico con los fitopatógenos. Sin embargo, en condiciones de campo, los bio.inoculantes están expuestos a diversos factores de estrés que pueden afectar su supervivencia y eficacia. Uno de ellos es la aplicación de agroquímicos que reciben las plantas, como los fungicidas. En este trabajo analizamos la resistencia de *P. extremaustralis* 14-3b (Pex) y *P. protegens* Pf5 (Pf5) a dos fungicidas comerciales (LANFOR PRO y STINGER) bajo diferentes condiciones de estrés: bajas tensiones de oxígeno, bajas temperaturas (8°C) y presencia de antibióticos típicamente producidos por microorganismos del suelo (penicilina, estreptomycin y espectinomycin). Ambas especies mostraron niveles de crecimiento similares en medio E2 con y sin fungicidas, para ambos formulados comerciales, en todas las condiciones de cultivo evaluadas. Se alcanzaron concentraciones bacterianas de 10^8 - 10^9 UFC/ml en condiciones aeróbicas y microaróbicas a 30°C para ambas especies y también a 8°C en el caso de Pex. En presencia de antibióticos, los niveles de crecimiento fueron del orden de 10^7 - 10^8 UFC/ml para ambas especies. Estos resultados sugieren que ambas cepas son resistentes a las concentraciones de fungicida utilizadas en campo. Paralelamente, se implementó un protocolo de adaptación evolutiva en el laboratorio con el objetivo de obtener cepas de Pex con mayor capacidad de solubilizar fosfato inorgánico ($\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$) en presencia de fungicidas. Para ello, se diseñó un esquema de rondas secuenciales de cultivo en medio NBRIP suplementado con distintas proporciones de fósforo soluble e insoluble, siendo las últimas rondas suplementadas únicamente con $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$. Las bacterias desarrolladas en este medio fueron sembradas en medio NBRIP sólido suplementado con $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ y se identificaron dos cepas con un aumento cualitativo en la solubilización de fosfato en placa.

RPM16

Cuantificación de *Rhizoctonia solani* y su impacto en la diversidad microbiana rizosférica en trigo y cebada

Morales, M.^{1,2}; Krabbe, K.^{2,3}; Traversa, G.²; Daddario, J.F.^{1,2}; Zappacosta, D.^{1,2}; Villamil, M.B.⁴; Zabaloy, C.^{1,2}

¹CERZOS-CONICET. Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

²Departamento de Agronomía, UNS. Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

³Friedrich Schiller University. Jena, Thuringia, Alemania.

⁴University of Illinois at Urbana-Champaign. Estados Unidos.

celina.zabaloy@gmail.com

Rhizoctonia solani AG-8 es el patógeno causante de la podredumbre de raíces en trigo y cebada, cuya presencia ha aumentado en los sistemas de siembra directa del sudoeste bonaerense (SOB). La enfermedad se manifiesta de forma irregular, generando "rodales" con plantas de menor crecimiento. Su diagnóstico es complejo debido a la variabilidad espacial y a las dificultades para detectar el patógeno en laboratorio. Además, se conoce poco sobre su dinámica en el suelo y su interacción con la microbiota rizosférica. El objetivo de este estudio fue cuantificar *R. solani* y analizar la diversidad microbiana en cultivos de trigo y cebada con presencia de rodales. Se tomaron muestras de suelo rizosférico de plantas sintomáticas (dentro del rodal) y asintomáticas (afuera del rodal), en ocho lotes distribuidos en el SOB. El ADN metagenómico fue extraído con un kit comercial y analizado por qPCR (cuantificación de ITS de *R. solani* AG-8) y secuenciación metagenómica (Illumina; V4 para bacterias e ITS para hongos). Se ajustaron modelos lineales mixtos (PROC MIXED en SAS) a los índices de diversidad α (Chao-1, Shannon, recíproco de Simpson y equitatividad de Pielou); las medias se compararon con Tukey. *R. solani* fue cuantificable en el 92 % de las muestras dentro del rodal y en el 25 % de las de afuera; el resto, estuvo por debajo del límite de cuantificación ($1,14 \times 10^2$ copias/ reacción) o no se detectó. La abundancia media dentro del rodal fue de $1,59 \times 10^6$ copias μg^{-1} ADN (desvío estándar = $2,56 \times 10^6$; n = 22), mientras que afuera fue de $1,30 \times 10^5$ copias μg^{-1} ADN (desvío estándar = $2,06 \times 10^5$; n = 6). Los índices de diversidad y riqueza bacteriana fueron significativamente menores dentro del rodal ($p < 0,01$), indicando pérdida de diversidad asociada a *R. solani*. La equitatividad mostró una interacción significativa entre localización $\times$ cultivo ($p = 0,058$), con una comunidad menos equitativa en plantas de cebada dentro del rodal. No se observaron diferencias significativas en la diversidad fúngica. La abundancia de *R. solani* ($\log_{10}$ copias de ITS) se correlacionó negativamente con los índices de diversidad bacteriana ($r > -0,45$; $p < 0,05$), lo que sugiere que la presencia del patógeno reduce la diversidad bacteriana rizosférica. Esto resalta la importancia de entender cómo el balance del microbioma rizosférico influye en la severidad de la enfermedad, para implementar estrategias de manejo que promuevan comunidades microbianas más diversas en los cultivos.

RPM17**Análisis funcional de los dominios GGDEF y EAL de la proteína CdgD en *Azospirillum baldaniorum* Sp245**

Montes-Perez, D.A.¹; Xiqui-Vázquez, M.L.¹; Baca, B.E.¹; Reyes-Carmona, S.R.¹; Ramírez-Mata, A.¹

¹Laboratorio de la Interacción Bacteria-Planta, Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Ciudad Universitaria, Puebla, México.

dulce.montesp@alumno.buap.mx

Azospirillum baldaniorum Sp245 es una bacteria promotora del crecimiento vegetal (PGPR) que se asocia a raíces de gramíneas, facilitando la nutrición y el desarrollo de la planta. Para colonizar con éxito la rizosfera, esta bacteria debe regular finamente procesos como la motilidad y la formación de biopelículas, los cuales están controlados por el segundo mensajero c-di-GMP. En *A. baldaniorum*, el gen *cdgD* codifica una proteína con dominios GGDEF y EAL, responsables de la síntesis y degradación de c-di-GMP, respectivamente. El objetivo de este trabajo fue estudiar la función de cada dominio mediante mutaciones puntuales en codones que codifican aminoácidos clave para la actividad catalítica: D584K en el dominio GGDEF y E710A en el dominio EAL. Las cepas mutantes se evaluaron inicialmente mediante un biosensor de c-di-GMP fluorescente, revelando diferencias claras en la acumulación del mensajero: la mutante en EAL mostró un aumento en la intensidad relativa de fluorescencia roja emitida por la proteína turboRFP, lo que indica una acumulación intracelular de c-di-GMP como resultado de la pérdida de actividad fosfodiesterasa; en cambio, la mutante en GGDEF presentó una señal reducida, consistente con una disminución en la síntesis del nucleótido. Para evaluar el impacto fenotípico de estas mutaciones, los constructos fueron transferidos al fondo genético silvestre de *A. baldaniorum* y se realizaron ensayos de quimioattractante. Los resultados mostraron que la mutación en el dominio EAL provocó una disminución significativa en la motilidad, evidenciada por halos de expansión con diámetros menores a los de la cepa control; en cambio, la mutación en GGDEF produjo un aumento en la motilidad, demostrando que ambas mutaciones alteran el patrón de desplazamiento celular. Estos resultados indican que CdgD es una proteína bifuncional, con capacidad de sintetizar o degradar c-di-GMP, lo que permite establecer un vínculo directo entre la actividad catalítica de CdgD y el comportamiento de motilidad en *A. baldaniorum*.

RPM18

Impacto de las proteínas LibR y FlcA en la floculación de *Azospirillum brasilense* Sp7

Balderas-Peña, A.M.¹; Xiqui-Vázquez, M.L.¹; Ramírez-Mata, A.¹; Baca, B.E.¹; Reyes-Carmona, S.R.¹

¹Laboratorio de la Interacción Bacteria-Planta, Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla; Puebla, México.

maggie.1997.bp@gmail.com

El uso intensivo de agroquímicos ha deteriorado significativamente la calidad del suelo y reducido la biodiversidad microbiana benéfica en él, comprometiendo su fertilidad y productividad. En este contexto, bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) como *Azospirillum brasilense* Sp7 representan alternativas sostenibles gracias a su capacidad de sintetizar fitohormonas como el ácido indol-3-acético (AIA), el cual regula tanto procesos vegetales como funciones fisiológicas bacterianas. En *Azospirillum*, una de las principales vías de síntesis de AIA es la del ácido indol-3-pirúvico, catalizada por la indol-3-piruvato descarboxilasa codificada por el gen *ipdC*, cuya transcripción es activada por el regulador LuxR-type LibR. Por otro lado, FlcA, una proteína reportada como regulador de floculación, lo cual, consiste en la formación de agregados celulares mediados por exopolisacáridos, asociados a la supervivencia en suelo y colonización de raíces; esta proteína presenta un 62.6 % de identidad de secuencia con LibR, lo que sugiere una relación funcional y evolutiva estrecha. El objetivo de este estudio fue comparar estructuralmente ambas proteínas e identificar el impacto de la delección de *libR* sobre la floculación celular. Se realizaron análisis de modelado por homología mediante SWISS-MODEL, empleando como plantilla la proteína DosR de *Mycobacterium tuberculosis*. Ambos modelos predijeron un estado oligomérico homodimérico, conformación típica en reguladores transcripcionales tipo LuxR necesaria para su interacción con el DNA. Las estructuras obtenidas presentaron puntuaciones GMQE de 0.68 y valores QMEANDisCo Global de 0.64 ± 0.05 , con una cobertura de alineamiento del 26.6–28.0 %. En ambas proteínas se identificaron los dominios conservados REC y HTH, lo que respalda su similitud estructural. Para el análisis funcional, se evaluó la floculación de la cepa silvestre *A. brasilense* Sp7 y la cepa mutante $\Delta libR$ (*A. brasilense* 2113) mediante cultivo estático, determinando el porcentaje de agregación por lecturas de densidad óptica a 540 nm, con análisis realizados por triplicado. La cepa $\Delta libR$ mostró una disminución significativa en la floculación respecto a la silvestre, lo que indica que LibR actúa como regulador positivo en este proceso. En conjunto, los resultados estructurales y experimentales refuerzan la hipótesis de una funcionalidad conservada entre LibR y FlcA, y posicionan a LibR como un regulador clave de genes asociados a adhesión y estructuración multicelular, aportando evidencia relevante para comprender los mecanismos de interacción bacteria-planta en *A. brasilense* Sp7.

RPM19**Caracterización estructural y funcional de MibR de *Azospirillum brasilense* Sp7: interacción con la región promotora del gen *ipdC* y predicción de unión al AIA**

Pérez Gómez, J.C.¹; Xiqui-Vázquez, M.L.¹; Baca, B.E.¹; Reyes Carmona, S.R.¹.

¹Laboratorio de la Interacción Bacteria-Planta, Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.

jose.perezgomez.icuap@viep.com.mx

Azospirillum brasilense es una rizobacteria promotora del crecimiento vegetal, cuya capacidad para producir ácido indol-3-acético (AIA) contribuye de manera significativa al desarrollo en plantas. Aunque la vía IPyA, mediada por la enzima fenil piruvato descarboxilasa (PPDC) codificada por el gen *ipdC*, es la principal ruta biosintética, los mecanismos de regulación transcripcional de *ipdC* siguen poco explorados. Por este motivo a través de cromatografía de afinidad acoplada a DNA y MALDI-TOF se identificaron cuatro proteínas unidas a la región promotora del gen *ipdC*. Una de ellas perteneciente a reguladores transcripcionales de la familia MarR, nombrada como MibR (MarR like indole-3- acetic acid biosynthesis regulator). Los miembros de esta familia son en su mayoría reguladores negativos de la transcripción, manteniéndose unidos a secuencias palíndromes o semipalíndromes de las regiones que van a regular. Los miembros de esta familia requieren de la unión a un ligando entre la interfaz de los dominios de dimerización y unión al DNA, provocando un cambio conformacional, y con ello reduciendo la afinidad de unión al DNA. En el estudio de Reyes-Carmona *et al.* (2025), se sugiere que la unión a la región promotora del gen *ipdC* por parte de MibR podría desempeñar un rol represor en la transcripción. En este trabajo, la proteína fue expresada y purificada en *E. coli* BL21 a través de una fusión traduccional con la proteína Glutación-S-Transferasa (GST). Posteriormente, mediante ensayos de cambio de movilidad electroforética (EMSA), se observó que MibR se une específicamente a una región de 306 pb correspondiente al promotor del gen *ipdC*, comprobando su unión a esta región y con ello su participación en la regulación de la biosíntesis de AIA. Adicionalmente, se llevaron a cabo análisis bioinformáticos para predecir la estructura tridimensional de MibR y su posible interacción con una secuencia palindrómica presente en la región de interés, utilizando herramientas de modelado estructural y docking molecular. Estos análisis sugieren que la unión de MibR al DNA podría depender de un sitio de interacción específico afectado por ligandos, en concordancia con el mecanismo de acción de otros miembros de la familia MarR. En conjunto, los resultados experimentales y bioinformáticos respaldan el papel de MibR como regulador de la transcripción, aportando evidencia sobre mecanismos de regulación génica en la síntesis de AIA en *A. brasilense* Sp7.

RPM20

Efecto de la inoculación con *Azospirillum argentinense* Az39 en la propagación por esquejes de cannabis.

Ceretta, B.^{1,3}; Colman, S.²; Nercessian, D.^{2,3}; Martino, M.V.¹; Maroniche, G.^{1,3}; Amenta, M.¹

¹Laboratorio de Bioquímica Vegetal y Microbiana, FCA, UNMdP. Balcarce, Bs. As., Argentina.

²Grupo de Investigación Biología del Cannabis, FCEyN, UNMdP. Mar del Plata, Bs. As., Argentina.

³CONICET. Mar del Plata, Bs. As., Argentina.

gmaroniche@gmail.com

El creciente interés en el cultivo de *Cannabis sativa* impulsa la búsqueda de métodos de producción eficientes. En este contexto, la propagación por esquejes es fundamental para obtener plantas uniformes a bajo costo. Sin embargo, el uso de auxinas sintéticas, tradicionalmente empleadas para potenciar el enraizamiento, presenta limitaciones en la producción orgánica. El objetivo de este estudio fue investigar el potencial de *Azospirillum argentinense* Az39, una rizobacteria con probada capacidad para sintetizar auxinas y promover el crecimiento de diversos cultivos, como alternativa o complemento a las auxinas sintéticas en el enraizamiento y desarrollo de esquejes de cannabis. A partir de plantas adultas de cannabis de la variedad *painless* (quimiotipo 3) se obtuvieron esquejes de tamaño similar (5 nudos) que fueron incubados por 10 min en tubos conteniendo una solución con los siguientes tratamientos: control con agua, auxina sintética ác. α -naftalenacético (ANA) 0,05%, *A. argentinense* Az39 $\approx 10^8$ UFC o la combinación de ANA y Az39. Posteriormente, los esquejes fueron plantados en macetas de 400 mL con sustrato comercial y mantenidos en cámara húmeda bajo condiciones controladas de luz y temperatura hasta su análisis. Luego de 28 días, el tratamiento con ANA mostró la mayor tasa de enraizamiento (80%), seguido por la combinación (70%) y Az39 (60%), superando ampliamente el 20% observado para el control. Además, los tres tratamientos activos (ANA, Az39 y combinado) exhibieron un mayor desarrollo aéreo (altura total, n° de nudos y peso fresco) respecto del control. Llamativamente, en el tratamiento con ANA se observó una disminución con respecto al control en el índice de verdor (SPAD) de las hojas, situación que fue revertida por la combinación con Az39. Asimismo, los esquejes tratados con ANA (solo o combinado) presentaron raíces adventicias más largas y con mayor peso fresco y seco comparado con el control y la bacteria sola; no obstante, la inoculación con Az39 produjo esquejes con un mayor n° de raíces laterales. Si bien estos resultados indican que la inoculación con *A. argentinense* Az39 no logra reemplazar completamente a las auxinas sintéticas para el enraizamiento en producciones orgánicas de cannabis, esta estrategia brinda ventajas al sistema como un potencial aumento en el volumen de raíz y una mejora en las condiciones fisiológicas de las plántulas. Se sugieren futuras investigaciones tendientes a optimizar la eficiencia de inoculación.

RPM21**Estudio de la asociación simbiótica entre germoplasma silvestre y local de *Phaseolus vulgaris* L. y rizobios nodulantes.**

Ferreira, M.^{1*}; Toffoli, L.¹; Colque, L.¹; Ibarra, L.¹; Plaza, G.¹; González, F.¹; Ibarra, E.¹; Peticari, A.²

¹ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) EEA Salta. Cerrillos, Salta, Argentina.

² INTA EEA San Luis. Villa Mercedes, San Luis, Argentina.

ferreira.mariana@inta.gob.ar

El poroto común (*Phaseolus vulgaris* L.) es una especie autógena de origen americano. Constituye una de las leguminosas de grano de mayor importancia para el consumo humano directo a nivel mundial. En las provincias del noroeste de Argentina (NOA) la forma silvestre crece en valles húmedos, entre los 700 y 2600 msnm, mientras que las variedades locales tradicionales se cultivan en valles de altura, entre los 1000 y 3300 msnm. Las leguminosas forman simbiosis mutualistas fijadoras de N₂ atmosférico con bacterias del suelo. Genéricamente, se denomina rizobios a las bacterias formadoras de nódulos en leguminosas. Los objetivos de este trabajo fueron: comprobar la presencia de bacterias fijadoras de nitrógeno nodulantes en plantas silvestres y variedades locales del NOA y evaluar si estos aislamientos tienen la capacidad de nodular porotos comerciales. A partir de plantas silvestres muestreadas del departamento de Chicoana, Salta, y de variedades locales del departamento de Tilcara, Jujuy, se seleccionaron nódulos por sus características morfológicas. Luego de su desinfección, se molieron con varilla de plástico en solución fisiológica. A partir de este homogenato se tomó una alícuota y se sembró en medio YEM, incubándose a 30° C por 5 días. Se seleccionaron colonias con morfología característica y se repicaron varias veces hasta asegurar su pureza. Para comprobar su capacidad de nodulación, se inocularon semillas de porotos de los cultivares Cegre, Cranberry y Alubia, previamente desinfectadas, con suspensión bacteriana de cada uno de los aislamientos obtenidos, sumergiéndolas durante una hora. El tratamiento control se realizó sumergiendo las semillas en agua destilada estéril por el mismo período de tiempo. El diseño de los ensayos fue completamente aleatorizado con un n=10. Las plantas se mantuvieron durante 28 días en condiciones controladas de luz y temperatura. Como resultados se obtuvieron 10 aislamientos de Chicoana y 5 de Tilcara, con características típicas de rizobios. Cinco de los aislamientos provenientes de Chicoana y 5 de Tilcara formaron nódulos de color rojo con el cultivar Cegre; 4 de Chicoana y 3 de Tilcara con Cranberry y 1 de Tilcara con Alubia, siendo éste el único capaz de nodular a los tres cultivares. Estos resultados permitieron identificar aislamientos de rizobios nativos con capacidad de nodular las variedades comerciales. Es necesario continuar avanzando en la caracterización bioquímica y molecular de estos aislamientos y evaluar su contribución a la mejora de parámetros agronómicos de los cultivares.

RPM22**Tolerancia a la salinidad de cepas nativas de *Trichoderma* spp. de Salta (Argentina)**

Collavino, R.¹; Daza Marino, L.²; Gonzalez, F.³; Plaza, S.³; Galván, M.^{3,4}; Harries, E.^{1,2,3,4}

¹Sede Regional Sur Metán, Universidad Nacional de Salta, Argentina

²Facultad de Ciencias Naturales, UNSa

³INTA Estación Experimental Agropecuaria Salta, Argentina

⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina

rominacollavino@gmail.com

La problemática de la salinidad en los suelos agrícolas está siendo favorecida por las inclemencias del cambio climático y agravada por el uso excesivo de productos fitosanitarios. Esto pone en riesgo la capacidad de un suelo para sustentar la producción vegetal y que tiene consecuencias negativas sobre la biodiversidad. *Trichoderma* spp. es un hongo benéfico que posee múltiples mecanismos para la protección de las plantas ante condiciones de estrés biótico y abiótico. Entre ellos podemos mencionar la producción de enzimas hidrolíticas, metabolitos, fitohormonas, sideróforos y ácidos orgánicos. Además, se comprobó que desencadenan respuestas moleculares para la activación de los sistemas de defensa en las plantas sometidas a estrés. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la tolerancia a la salinidad de cepas nativas de *Trichoderma* spp. de Salta, Argentina. Para ello, se analizó el comportamiento de 10 cepas de *Trichoderma* spp. (Th2, Th3, Th15, Th38, Th51; Th118, Th119, Th142, Th145 y Th162) a través de ensayos *in vitro*. Se prepararon placas de Petri con Agar Papa Glucosado (APG) suplementado con distintas concentraciones de cloruro de sodio: 100, 200, 300, 400, 500 y 1000 mM. Se incluyeron controles de las cepas crecidas sobre APG sólo. Se inóculo un disco (0,8 mm de diámetro) de cada cepa en el centro de cada placa. Se incubaron por 4 días a 24 ± 2 °C en estufa de cultivo. Se planteó un diseño completamente aleatorizado (DCA) con tres repeticiones. Se midieron los diámetros de la colonia de cada cepa a los 1, 2, 3 y 4 días. Los datos se analizaron estadísticamente y se hizo el Test de Tukey para la comparación de medias con el programa InfoStat. Se encontraron diferencias altamente significativas entre los distintos tratamientos ($p < 0.0001$). La mayoría de las cepas de *Trichoderma* spp. evaluadas (Th2, Th15, Th38, Th51, Th118, Th119 y Th145) crecieron a 1000 mM. Mientras que, las cepas Th3 y Th142 redujeron un 30 y 46% su crecimiento, respectivamente. La cepa Th162 registró un 66% de inhibición de su crecimiento a 1000 mM. Estos resultados permitieron la selección de las cepas de *Trichoderma* spp. más tolerantes a la salinidad. Se continúa con la caracterización en ensayos de inoculación *in vivo*.

RPM23

Efecto de *Trichoderma* spp. nativo de Salta (Argentina) sobre tabaco bajo estrés salino

Collavino, R.¹; Daza Marino, L.²; Prieto, A.E.²; Gonzalez, F.³; Plaza, S.³; Galván, M.^{3,4}; Harries, E.^{1,2,3,4}

¹ Sede Regional Sur Metán, Universidad Nacional de Salta, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales, UNSa.

³ INTA Estación Experimental Agropecuaria Salta, Argentina.

⁴ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.

rominacollavino@gmail.com

El cultivo de tabaco es uno de los pilares para el crecimiento económico del Noroeste Argentino. El uso inadecuado de prácticas agrícolas y productos fitosanitarios provocó un grave deterioro en los suelos tabacaleros. La salinidad afecta las propiedades físico- químico y biológica de los suelos, destruyendo su estructura, textura y fertilidad. Todo esto repercute negativamente sobre la productividad. *Trichoderma* spp. es un hongo cosmopolita que habita los suelos del mundo. Nuestro grupo viene trabajando con cepas de *Trichoderma* spp. aisladas de suelos tabacaleros de Salta. En previos estudios fueron seleccionadas por su potencial biocontrolador sobre hongos fitopatógenos. El objetivo de este trabajo fue analizar el efecto de *Trichoderma* spp. nativo de Salta, sobre tabaco sometido a la salinidad. Se utilizaron plantines de tabaco de 45 días, variedad K394, en macetas conteniendo sustrato (turba y perlita). El inóculo de *Trichoderma* spp. (Th15 y Th145) se preparó sobre sustrato de arroz. Se planteó un diseño completamente aleatorizado (10 repeticiones) con arreglo factorial: Factor A (Testigo, Th15 y Th145) y B (0 mM y 150 mM de cloruro de sodio). Se regó semanalmente (con agua o con 150 mM de cloruro de sodio). Se inoculó con agua o con una suspensión de 1×10^7 conidios/mL de cada cepa (Th15 y Th145). Se registró altura de planta, número de hojas, diámetro de tallo y peso fresco de raíces. Además, se midieron pH y conductividad eléctrica (CE) al final del ensayo (30 días post aplicación). Los datos se analizaron estadísticamente y se hizo el Test de Tukey para la comparación de medias con el programa InfoStat. Se encontraron diferencias altamente significativas entre los distintos tratamientos salinos ($p < 0.0001$) para la Ce, con 0,86 mS/cm para el testigo, 0,69 mS/cm y 0,51 mS/cm para Th15 y Th145, respectivamente. Estos datos denotan una menor salinidad en los plantines inoculados con *Trichoderma*. No se encontraron diferencias significativas para el pH, altura de plantas, número de hojas y diámetro de tallo. Hubo diferencias altamente significativas para el peso fresco de raíces ($p = 0,0017$), obteniéndose mayores valores con Th145 y Th15 comparado al testigo. Estos resultados demuestran que las cepas Th15 y Th145 contrarrestan los efectos negativos de la salinidad en tabaco.

RPM24**Efectividad de rizobios asociados a *Neltuma ruscifolia* aislados de suelo de la región occidental de la provincia del Chaco**

Sotelo, C.E.¹; Peticari, A.²; Collavino, M.M.³

¹Instituto Agrotécnico M.P. Fuentes Godo (FCA-UNNE), Resistencia, Chaco, Argentina.

²EEA INTA San Luis, Concarán, San Luis, Argentina.

³Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE), Corrientes, Argentina.

cristinasotelo4480@gmail.com

Las leguminosas arbóreas, en particular las especies del género *Neltuma* Raf. (*sin. Prosopis* L., sección Algarobia), cumplen un papel fundamental en las etapas iniciales de la sucesión ecológica y en los procesos de restauración de ecosistemas degradados, particularmente por su capacidad de fijar nitrógeno (N) a través de asociaciones simbióticas con rizobios. Se han identificado los rizobios asociados a *Neltuma juliflora*, *N. chilensis*, *N. alba* y *Prosopis cineraria* en diversas regiones del mundo, en contraste, hasta el momento no se han identificado rizobios capaces de establecer una relación simbiótica con *N. ruscifolia* (vinal). El presente estudio tuvo como objetivo analizar la diversidad de rizobios asociados a *N. ruscifolia* en distintas profundidades de suelos localizados en la región húmeda del Chaco, y evaluar su eficiencia simbiótica en plantas de vinal. La diversidad de los aislamientos fue analizada por Rep-PCR y los diferentes perfiles fueron identificados mediante secuenciación de los genes 16S ARNr, *recA*, *atpD*, *nodC*, y *nifH*. Los cuatro linajes diferentes observados, *Ensifer alkanisoli*, *Ensifer sahelii/aridi*, *Mesorhizobium tianshanense* y *Mesorhizobium chacoense* fueron ensayados en su capacidad infectiva y efectiva en plantas de *N. ruscifolia* bajo condiciones controladas. Se evaluó porcentaje de plantas noduladas, número total de nódulos por planta, peso seco aéreo y radicular, contenido de N total en hoja y presencia de la cepa inoculada en los nódulos por comparación de los perfiles REP-PCR. La composición y diversidad de los rizobios varió en función de la profundidad. La mayor diversidad se observó en los primeros 20 cm. Los aislamientos relacionados con *Ensifer alkanisoli* y *Mesorhizobium chacoense* estuvieron presentes en todos los árboles y a todas las profundidades analizadas, siendo *M. chacoense* el más frecuente en la profundidad de 20-40 cm. Las plantas inoculadas con *Mesorhizobium chacoense* presentan un incremento significativo en el contenido de nitrógeno, peso seco aéreo y número de nódulos, comparados con los tratamientos restantes. En conclusión, la presencia de *Mesorhizobium chacoense* en todos los suelos analizados, junto con su alta efectividad simbiótica en vinal, lo posiciona como un candidato prometedor para el desarrollo de estrategias que favorezcan la implantación de esta y otras especies forestales en suelos marginales.

RPM25

Respuesta a la inoculación con *Azospirillum brasilense* 42M de seis genotipos de trigo y los microaerófilos fijadores de N₂ asociados a la raíz

Peñaranda Gonzalez, L.V.^{1,2}; Alvarado Ramírez, A.^{1,2}; Di Salvo, L.P.^{1,2}; Tranquilli, G.³; García de Salamone, I.E.

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. Departamento de Biología Aplicada y Alimentos. Cátedra de Microbiología Agrícola. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas – CONICET. Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina.

³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Instituto de Recursos Biológicos. Hurlingham, Buenos Aires. Argentina.

lpenaranda@agro.uba.ar

Las diferencias entre genotipos vegetales producto de la selección y modificación antrópica, pueden influir en la respuesta a la inoculación con bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPB) y en la capacidad de colonización de éstas en la raíz. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue determinar el efecto de la inoculación de diferentes genotipos de trigo (*Triticum aestivum* L.) con la cepa 42M de *Azospirillum brasilense* sobre los microorganismos microaerófilos fijadores de N₂ asociados a la raíz y la generación de biomasa vegetativa. Para tal fin, se realizó un ensayo *in vitro* de germinación de plántulas de trigo utilizando seis genotipos: Klein Lucero, Klein Petiso, Klein Orgullo, Sinvaloch MA, Buck Manantial y Marcos Juárez INTA. Semillas de cada genotipo fueron embebidas por 30 min en un inoculante experimental de la cepa 42M de *A. brasilense* y sembradas de a 10 en cajas de Petri sobre papel filtro humedecido con agua destilada estéril. Placas con semillas de cada genotipo sin inocular fueron consideradas como controles. En ambos casos se consideraron tres repeticiones, en condiciones de oscuridad a temperatura ambiente. Luego de siete días, se determinó la producción de biomasa aérea seca de las plántulas de cada genotipo y se cuantificó el número más probable (NMP) de los microorganismos microaerófilos fijadores de N₂ (MMFN) mediante siembra en medio NFb semisólido. A partir de los tubos con desarrollo positivo en dicho medio, se confirmó la presencia de *A. brasilense* en medio rojo congo (RC). Se observaron diferencias significativas en el NMP de los MMFN en las raíces de los genotipos Klein Lucero y Marcos Juárez INTA debidas al tratamiento de inoculación, no así en los demás genotipos, lo que podría indicar una menor sensibilidad en la respuesta a la inoculación por parte de los genotipos que no mostraron diferencias. Por otra parte, se observó un efecto significativo del tratamiento con *A. brasilense* 42M sobre la biomasa en los genotipos Klein Lucero, Klein Petiso, Klein Orgullo y Sinvaloch MA. Estos resultados indican que la respuesta a la inoculación es dependiente del genotipo, lo cual sugiere que hay un efecto de la presión genética antrópica sobre el cultivo de trigo sobre la respuesta a la inoculación de esta PGPB.

RPM26**Condiciones experimentales para evaluar un potencial sinergismo entre el falso nematodo agallador *Nacobbus celatus* y el hongo fitopatógeno *Fusarium solani* en tomate**

Rusconi, J.M.¹, Malbrán, I.²; Nico, A.I.³; Achinelly, M.F.¹

¹ Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE, CONICET-CICPBA-UNLP), Boulevard 120 e/ 60 y 64 s/n, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

² Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Avenida 60 y 119 (1900), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³ Curso de Horticultura, UNLP, Avenida 60 y 119 (1900), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

rusconi@cepave.edu.ar

El género *Nacobbus*, conocido como "falso nematodo agallador", tiene un significativo impacto económico en las principales hortalizas de fruto de cultivo estival, en vastas áreas hortícolas argentinas. La finalidad de este trabajo fue establecer condiciones experimentales que permitan evaluar un potencial sinergismo entre *Nacobbus celatus* y *Fusarium solani*, agente causal de la podredumbre del pie en tomate, bajo condiciones controladas e inoculación artificial. Se diseñó un experimento con 12 tratamientos que incluyeron todas las combinaciones posibles entre 2 dosis de juveniles (J2) de *N. celatus* (3600 y 7200/ planta) y 3 dosis de inóculo de *F. solani* (10^3 , 10^4 , 10^5 UFC/mL), los correspondientes controles y un testigo absoluto. Por cada tratamiento se incluyeron 8 repeticiones. Para evaluar los daños ocasionados por *N. celatus* se tomó en cuenta el índice de agallamiento en la raíz y para *F. solani* se creó *ad hoc* una escala de daño, en donde el valor 0 indicó la ausencia de síntomas y el valor 4 los síntomas más severos. Se tomaron, además, distintas variables asociadas al crecimiento. Las concentraciones de inóculo elegidas resultaron adecuadas para ambos patógenos ya que los dos arrojaron valores positivos en los registros de severidad empleados. En el caso de los nematodos, no hubo diferencias significativas entre las dos dosis empleadas, mientras que para el caso de *F. solani* sólo las dos concentraciones más altas determinaron severidades significativamente mayores al control. El análisis de los parámetros de crecimiento no condujo a sólidas conclusiones sobre el efecto patogénico de ambos agentes. Sólo excepcionalmente se observó efecto significativo en parámetros como peso fresco de raíz, número de hojas y de inflorescencias al considerar como fuentes de variabilidad la dosis de nematodos, la del hongo y su interacción, respectivamente. El diámetro del tallo fue significativamente mayor en las plantas inoculadas con la dosis más alta del hongo que en los controles. Cabe afirmar que puede reformularse el experimento reduciendo a una única concentración de inoculación por cada patógeno, permitiendo ampliar el número de repeticiones y prolongar la duración del ensayo. De esta forma, existirían más posibilidades de apreciar efectos significativos de la patogenicidad de cada uno de los agentes y su potencial interacción.

RPM27**Prácticas agrícolas sustentables moduladoras de biota edáfica clave en la productividad de cultivos en el sudeste bonaerense**

Díaz, C.N.^{1,2}; Mondino, E.A.²; Pontaroli, L.³; Represa, N.S.⁴; Ronco, J.L.^{2,5}; Thounnon Islas, A.J.²; Covacevich, F.^{5,6}

¹FONCYT-Argentina. ²IPADS, INTA-CONICET, EEA Balcarce, Buenos Aires, Argentina. ³Chacra Experimental Miramar (ChEM)-Ministerio Desarrollo Agrario, Miramar, Buenos Aires, Argentina. ⁴Facultad Ciencias Exactas, UNLP y UCA, La Plata, Buenos Aires, Argentina. ⁵CONICET, Argentina. ⁶INBIOTEC, Mar del Plata, Argentina.

fercovacevich@gmail.com

La agricultura intensiva puede afectar la biota edáfica incluyendo a los nematodos y los hongos micorrícicos arbusculares (HMA), quienes tienen influencia clave en la productividad y sanidad vegetal, así como en la salud del suelo. Este trabajo evaluó el efecto de manejos agrícolas sobre la abundancia/actividad de nematodos y HMA en un experimento a campo (instalado en la ChEM) con cuatro tratamientos: suelo pseudoprístino (PsP), agricultura convencional (AC), agricultura agroecológica (AgE) y agricultura convencional sustentable (ACS), distribuidos en tres bloques al azar. Se tomaron muestras de suelo en barbecho (suelo desnudo) y floración; en esta última además se colectaron raíces y muestras de corredores biológicos (CB) alrededor de los bloques. En ambos muestreos, fitófagos (*Fit*) y bacteriófagos (*Bac*) fueron los nematodos dominantes, llegando a triplicar al resto de nematodos. En la floración, la abundancia de *Bac* aumentó en ACS y la de fungívoros (*Fun*) en CB. La abundancia de esporas (*Ae*) de HMA no varió en barbecho, aunque en floración el suelo PsP presentó mayor *Ae* respecto de AC y ACS. La *Glomalina* (glicoproteína asociada a actividad de los HMA e indicadora de calidad de suelo), no mostró diferencias significativas entre tratamientos para ambos muestreos. La colonización de raíces por HMA fue superior en PsP, seguida de ACS y CB. El análisis de componentes principales mostró que, en barbecho, el suelo PsP se asoció fuertemente con propiedades químicas edáficas (pH, MO y humedad); el AgE con la abundancia de nematodos claves en la sanidad de cultivos y el mantenimiento de redes tróficas edáficas (*Fit*, *Bac* y *Fun*), así como con NO_3^- y CE, indicando mayor mineralización que en otros tratamientos; el ACS mostró alta asociación con la abundancia/actividad de HMA (*Ae* y *Glomalina*); mientras que el AC no mostró asociaciones fuertes. En floración, el PsP se asoció, al igual que en barbecho, con propiedades químicas edáficas (MO, CE, pH, NO_3^-), además con colonización de raíces por HMA; el ACS presentó menor asociación con las variables analizadas, mientras que AC y AgE se asociaron con humedad, contenido de P y *Glomalina*. Por último, el suelo de los CB (no analizados en barbecho) se asoció fuertemente a nematodos reguladores de redes tróficas (*Bac*, *Fun* y *Omnívoros*). Los resultados evidencian que los manejos agrícolas sustentables, y la inclusión de CB, favorecen la biodiversidad edáfica clave en la salud del suelo y la productividad de los cultivos.

RPM28**Relación de la respuesta severa en *Bradyrhizobium diazoefficiens* y la señalización del regulador transcripcional NodD1**

Falduti, O.; Colla, D.; Iglesias, J.; Heredia, J.; Mongiardini, E.; Torres Tejerizo, G.; Pérez Giménez, J.

Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM). La Plata, Buenos Aires, Argentina.

julietapg74@gmail.com

Bradyrhizobium diazoefficiens es una bacteria capaz de desarrollar nódulos en las raíces de soja, donde reduce N atmosférico a amonio. Una de las vías por la cual la bacteria puede detectar los flavonoides secretados por la planta es la del regulador transcripcional NodD1. Este regulador activa conjuntamente la transcripción de los genes *nod*, encargados de la síntesis de los factores de nodulación, y la cascada del sistema de secreción de tipo 3 (T3SS), el cual secreta proteínas involucradas en suprimir la respuesta de defensa del huésped y en la ampliación del rango de huésped. Durante el desarrollo del nódulo, la bacteria debe superar barreras de defensa de la planta, lo que provoca estrés oxidativos y nutricionales. Es en esta situación donde se podría estar disparando la respuesta severa (RS) mediada por la acumulación de nucleótidos de guanosina, denominados colectivamente como (p)ppGpp. Estos son sintetizados, en *B. diazoefficiens*, por la proteína Rsh. En nuestro laboratorio contamos con una mutante insercional en el gen *rsh* (*rsh::Km*), deficiente en la síntesis de ppGpp, la cual no indujo el T3SS en presencia del flavonoide genisteína. En consecuencia, nos propusimos como objetivo estudiar la relación entre el disparo de la RS ante el estrés nutricional y la expresión del regulador *nodD1*, necesaria para el disparo de los genes de nodulación y del T3SS. Utilizando AlphaFold se analizaron estructuralmente la proteína NodD1 y sus dominios a través de las bases de datos SMART, Pfam y CDD. Se encontró que contiene un dominio LysR, el cual tiene una homología significativa con proteínas de unión periplásmica tipo 2 y está reportado que puede unirse al ppGpp. Esto evidenciaría una posible relación entre los niveles de ppGpp y la activación de NodD1. Para evidenciar esta relación en *B. diazoefficiens*, se realizaron medidas de transcripto mediante RT-qPCR del gen *nodD1*, tanto en la cepa salvaje como en la mutante *rsh::Km*, en condiciones basales y luego de un estrés nutricional. Observamos un aumento en los niveles de expresión de *nodD1* bajo un estrés nutricional para la cepa salvaje en comparación con la mutante. En paralelo, se realizaron fusiones transcripcionales a GFP de la región promotora del gen *nodD1*, y se midió fluorescencia en ambas cepas y bajo las mismas condiciones a las previamente ensayadas, para confirmar la influencia del estrés nutricional en la expresión de *nodD1*. Finalmente, se obtuvo una mutante delecional *nodD1* en *B. diazoefficiens*, que se utilizará en ensayos de nodulación bajo estrés nutricional, para continuar con el estudio del rol de la RS en esta cascada de señalización y en la interacción bacteria-soja.

RPM29

Implicancia del gen de pilina *flp* en *Bradyrhizobium diazoefficiens* en el paso al estado de *biofilm*

Iglesias, J.A.¹; Falduti, O.A.¹; Colla, D.¹; Heredia, J.B.¹; Medici, I.F.²; Soler Bistue, A.²; Abdian, P.L.³; Althabegoiti, M.J.¹; Pérez Giménez, J.¹; Mongiardini, E.J.¹

¹ Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM) CCT La Plata, CONICET, UNLP

² Instituto de Investigaciones Biotecnológicas - Universidad de San Martín – CONICET

³ Instituto de Investigación Microbiología y Zoología Agrícola (IMyZA) - CONICET

julietapg74@gmail.com

Bradyrhizobium diazoefficiens es una bacteria del suelo que puede encontrarse en vida libre, en forma planctónica o como *biofilm* sobre superficies, o bien en simbiosis con soja, fijando nitrógeno en nódulos radicales. Durante el establecimiento de la interacción simbiótica o en el proceso de formación de *biofilm* se requiere una etapa inicial de reconocimiento y adhesión a una superficie, ya sea la raíz de la planta o una superficie abiótica. Entre los mecanismos involucrados en este proceso se destacan diversas estructuras proteicas entre las que encontramos los *pili*. En particular, *B. diazoefficiens* USDA 110 posee cuatro arreglos genéticos que codifican para *pili* tipo Tad: dos codificantes para todos los componentes necesarios para sintetizar un aparato secretor completo (arreglos 2 y 3) y dos más pequeños que codifican para algunas funciones repetidas (arreglos 1 y 4) (numerados acordes a su posición en el cromosoma). En un trabajo previo, hemos caracterizado un mutante delecional parcial del arreglo 2 (Δ pili2) que elimina la mayor parte del aparato secretor, pero deja intacto el gen que codifica la subunidad de pilina que forma el filamento proteico. Δ pili2 presentó mayor adhesión a PVC y menor capacidad de natación, rasgos asociados a una mayor capacidad de formar *biofilm*. Debido a la mutación que lleva, esta cepa podría estar expresando la pilina ubicada en el mismo arreglo, pero esta no estaría polimerizándose para formar el filamento por carecer del aparato secretor. Esto provocaría la acumulación de la prepilina en la membrana plasmática, situación que en *Caulobacter crescentus* aumenta los niveles de c-di-GMP a través de la activación de una histidin kinasa PleC que fosforila la diguanilato ciclasa PleD. Esta vía de señalización podría constituir una posible explicación al fenotipo observado en Δ pili2. Para corroborar la hipótesis generamos el mutante Δ flp que elimina el gen que codifica la pilina del arreglo 2 así como el mutante doble Δ pili2 Δ flp que elimina el mismo gen sobre el fondo genético de la cepa Δ pili2. El mutante Δ flp se comporta similar a la cepa salvaje, con una leve disminución en la capacidad de natación, mientras que el mutante doble Δ pili2 Δ flp tiene un fenotipo intermedio: aumenta la capacidad de adhesión a PVC y disminuye su capacidad de natación respecto a la cepa parental, pero no llega a comportarse como la cepa Δ pili2. Esto podría indicar una vía de señalización independiente que no involucre el gen *flp* del arreglo 2.

RPM30**Contribución al crecimiento inicial y nodulación de soja inoculada con consorcios microbianos.**

Vaccaro, B.W.O.¹; Farias, M.¹; Gallace, M.E.^{1,2}; Dalmasso, L.P.¹; Díaz-Zorita, M.^{1,2}

¹Facultad de Agronomía, UNLPam. Santa Rosa, La Pampa, Argentina.

² CONICET.

bautivaccaro@hotmail.com

La región semiárida pampeana enfrenta diversos desafíos para mantener y mejorar la productividad y sustentabilidad de los sistemas agrícolas. Los consorcios microbianos, asociaciones naturales de dos o más especies de microorganismos promotores del crecimiento vegetal, son reportados por estudios como que ofrecen beneficios superiores a los aportes individuales combinados a la inoculación con rizobios sobre el crecimiento de los cultivos de leguminosas. El objetivo de este trabajo fue evaluar el tratamiento de semillas con diferentes consorcios microbianos sobre el crecimiento y la nodulación de soja en la región semiárida pampeana. El ensayo se llevó adelante en el campo experimental de la Facultad de Agronomía de la UNLPam en Santa Rosa (La Pampa) en un sitio con antecedentes de cultivos de soja recientes. Para ello, se sembró la variedad de soja DM46i20 el 23/11/2023 en parcelas de 6 metros de largo por 4 surcos de ancho. Los tratamientos incluyeron: Control (C): sin inocular. Inoculado (I) con *Bradyrhizobium japonicum* más osmoprotector. Consorcio microbiano 1 (C1): Compuesto por *B. japonicum*, *Azospirillum argentinense*, *Bacillus subtilis*, osmoprotector y un consorcio bacterias de los géneros *Bacillus sp.*, *Pseudomonas sp.*, *Streptomyces sp.* y *Azotobacter*. Consorcio microbiano 2 (C2): *B. japonicum*, *Trichoderma atroviride*, *Pseudomonas fluorescens*, un osmoprotector y un consorcio base de bacterias de los géneros *Bacillus sp.*, *Pseudomonas sp.*, *Streptomyces sp.* y *Azotobacter*. El diseño experimental fue en bloques completos al azar con ocho repeticiones. En V1 (7/12/23) se realizó el recuento de plantas y coeficiente de implantación. En V5-V6 (3/1/24) se determinó recuento de nódulos en raíz principal y laterales, peso seco aéreo y de las raíces. Los datos fueron analizados por ANAVA y las diferencias entre medias con LSD Fisher ($p \leq 0,10$). Los tratamientos con consorcios microbianos incrementaron en promedio el coeficiente de implantación aproximadamente un 8,5 %. La inoculación con consorcios (C1 y C2), comparada con el tratamiento inoculado (I) incrementó la formación de nódulos totales con diferencias significativas sobre la raíz primaria. Por otro lado, el peso seco total en V5-V6 fue en promedio mayor cuando se incorporó consorcios microbianos comparado con tratamiento I (C) con diferencias en promedio de 16% con el tratamiento C1 y del 40% con el C2. Los resultados de este estudio muestran que el tratamiento de semillas con consorcios microbianos en soja mejora la nodulación y crecimiento inicial del cultivo, sin embargo, es necesario continuar con estos estudios para comprender el aporte de los diferentes microorganismos y su sinergia y si estas mejoras se traducen en la producción del cultivo.

RPM31

Análisis funcional del sistema de dos componentes ChvGI de *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 110

Heredia, J.; Faldutti, O.; Iglesias, J.; Belhart, K.; Lodeiro, A.; Del Papa, M.F.; López García, S.L.

Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM), CONICET-Facultad de Ciencias Exactas, UNLP; La Plata, Pcia de Buenos Aires, Argentina.

anibal.lodeiro@gmail.com

La capacidad de la mayoría de las bacterias para monitorear y adaptarse a las condiciones ambientales suele estar mediada por sistemas de dos componentes (TCS). Los mismos consisten en una histidina kinasa (HK) sensora y un regulador de respuesta (RR). La HK detecta una señal específica, se autofosforila y transfiere un grupo fosforilo al RR, el cual, en general, actúa como un regulador transcripcional modulando la activación o represión de genes específicos. En los rizobios, bacterias del suelo que establecen simbiosis fijadoras de N₂ atmosférico, se producen importantes cambios morfológicos y fisiológicos para adaptarse a las condiciones ambientales variables, procesos en los que los TCS juegan un rol esencial. *Bradyrhizobium diazoefficiens*, rizobio que interacciona con raíces de soja, expresa el TCS NtrY-NtrX. Nuestros estudios indican que este sistema participa en diversos procesos como la movilidad bacteriana, la formación de biofilms, la síntesis de exopolisacáridos y la fijación de N₂. Por otra parte, en *Sinorhizobium meliloti* se ha descrito otro TCS denominado ChvG-ChvI, que regula múltiples procesos al igual que NtrYX, comportándose también como un sistema pleiotrópico. En *Caulobacter crescentus* se ha evidenciado una interacción (*cross-talk*) entre los dos sistemas. ChvGI aún no ha sido caracterizado en *B. diazoefficiens*, por lo que nuestro interés radica en estudiar su función en esta bacteria y determinar si existe una relación con NtrYX. ChvGI está regulado por un tercer componente, ExoR, que actúa como inhibidor. ExoR regula negativamente al sistema y se degrada en respuesta a cambios ambientales o señales emitidas por la planta hospedadora. Nuestro primer objetivo consistió en estudiar el contexto genómico del sistema y así observamos que *chvI-chvG* se transcriben juntos. Luego mediante análisis bioinformáticos detectamos un ORF homólogo a *exoR* y generamos un mutante insercional en este gen. Posteriormente evaluamos su capacidad de crecer en distintos medios, tanto sintéticos como complejos. Observamos que el mutante *exoR* mostró un déficit de crecimiento en medios complejos con peptona, en comparación con la cepa salvaje. Un comportamiento similar fue observado para el mutante en *ntrY*. Asimismo, evaluamos la movilidad del mutante *exoR* y observamos que se desplaza menos que la cepa salvaje. A partir de estos resultados, inferimos que posiblemente la pérdida del inhibidor no favorezca la función del sistema, sino que puede tener efectos negativos debido a una activación descontrolada. Esto podría generar que se desencadenen efectos pleiotrópicos que comprometen la viabilidad y adaptación de la bacteria.

RPM32

Evaluación del efecto de la inoculación con diferentes bioinsumos en distintas dosis sobre el crecimiento de la lechuga (*Lactuca sativa*)

Oviedo, F.¹; Radovancich, D.¹; Ferreira, N.²; Ortiz, A.³

¹Ministerio de Economía Haciendas y Finanzas (MEHyF) Formosa/Argentina.

²Asociación Rural del Paraguay, Regional Itapúa, Centro de Investigación Pecuaria de Itapúa. Encarnación, Itapúa/Paraguay.

³Universidad Nacional de Itapúa, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales Universidad Nacional de Itapúa, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales

fabianaoviedo7.fo@gamil.com

Actualmente la producción vegetal exige de técnicas innovadoras y ambientalmente sostenibles. El uso de bioinsumos es una alternativa prometedora para mejorar el desarrollo de los cultivos. Las formulaciones, basadas en hongos y rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal, pueden estimular la germinación, el desarrollo y el rendimiento de los cultivos. Este trabajo se realizó para evaluar el efecto de la inoculación con diferentes bioinsumos en distintas dosis sobre el crecimiento de la lechuga. Los tratamientos consistieron en *Azospirillum argentinense* Az39 ($2,4 \times 10^8$ UFC/ml), *Pseudomonas protegens* PF5 ($5,8 \times 10^9$ UFC/ml), *Trichoderma* sp. ($5,1 \times 10^8$ UFC/ml), aplicados en dosis de 0,1 y 0,5 ml por celda en sustrato húmedo, además un testigo sin bioinsumos. La siembra se realizó en bandejas tipo speedlings de 162 celdas con sustrato Graw mix. Las variables fueron N° de hojas, altura de planta, longitud, peso fresco y seco de raíz y peso fresco y seco de la parte aérea. El diseño fue arreglo factorial con tres microorganismos y dos dosis. Los resultados indicaron que no hubo diferencias significativas para altura de planta, N° de hojas, peso seco aéreo y peso seco radicular. La longitud de raíz fue significativamente menor en el testigo y mostró diferencias significativas con los tratamientos a base de bioinsumos. El peso fresco de la parte aérea y radicular presentó diferencias significativas tanto para el efecto de los bioinsumos como por las dosis y su interacción. Se concluye que la aplicación de bioinsumos afecta de manera positiva y significativa al desarrollo de la lechuga, evidenciándose un mejor comportamiento en todas las variables respecto al testigo.

RPM33**Potencial de una levadura autóctona de lechuga para estimular el crecimiento vegetal y formar comunidades sintéticas con bacterias**Díaz, P.R.^{1,2}; Martino, M.V.¹; Maroniche G.A.^{1,2}¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Balcarce, Buenos Aires, Argentina.²CONICET, Argentina.gmaroniche@gmail.com

La mayoría de los estudios sobre comunidades sintéticas microbianas (SynCom) de uso agrícola se han centrado en bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB), mientras que la participación de levaduras ha sido poco explorada. En este trabajo, evaluamos la capacidad de una levadura autóctona de lechuga (*Lactuca sativa*), denominada PGM, para promover el crecimiento vegetal e interactuar con dos PGPB bien caracterizadas: *A. baldaniorum* Sp245 y *P. fluorescens* A506. La levadura PGM fue aislada a partir de un homogenato de hojas frescas de lechuga e identificada por amplificación de la región espaciadora interna transcrita (ITS) ribosomal por PCR y secuenciación. La comparación de la secuencia obtenida contra una base de datos curada de ITS arrojó una identidad de 99,24% con *Rhodotorula frigidialcoholis* JG1b^T. Posteriormente, se evaluó el efecto bioestimulante de *Rhodotorula* sp. en lechuga (cv. Elisa). Para ello, semillas esterilizadas superficialmente fueron inoculadas con una suspensión de PGM ajustada a una $DO_{600}=10$ ($\approx 10^8$ UFC/mL), aplicando 0,5 μ L por semilla. Las semillas fueron sembradas en bandejas multicelda y cultivadas durante 16 días en una cámara de crecimiento. Se determinó el peso fresco aéreo (PFA), el peso seco aéreo (PSE), el peso fresco de raíz (PFR) y el peso seco de raíz (PSR). Como resultado, la levadura incrementó significativamente todos los parámetros medidos en comparación con las plantas no inoculadas. Por último, se evaluó la interacción entre PGM y Sp245CH (expresa mCherry) o A506G (expresa EGFP) en macrocolonias mixtas formadas sobre medio NFB-NO₃ con diferentes proporciones de cada microorganismo, registrando luego de 72 h la fluorescencia de cada bacteria para estimar su crecimiento en presencia de la levadura. Se observó que la fluorescencia de Sp245CH inoculada en concentraciones iguales o inferiores a 10^6 UFC/mL aumentó en presencia de la levadura. Por otro lado, en el caso de A506G, no se registraron diferencias en comparación con su crecimiento individual. En conclusión, *Rhodotorula* sp. demostró un alto potencial como bioestimulante de cultivos hortícolas, además de presentar características prometedoras para su inclusión en SynCom junto a *Azospirillum* y *Pseudomonas*.

RPM34

Bioinoculants to improve the performance of Rhodes Grass under saline stress

Yañez Yazlle, M.F.¹; Ribotta, A.N.¹; Cervetto, J.J.¹; Carrizo, I.M.^{1,2}; Irazusta, V.P.³; López Colomba, E.^{1,2}; Grunberg, K.¹

¹Unidad de Estudios Agropecuarios (UDEA) INTA- CONICET, Córdoba, Argentina.

²Facultad de Ciencias Agropecuarias, UCC, Córdoba, Argentina.

³Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI)- UNSa- CONICET. Salta, Argentina.

florenciayanez93@gmail.com

Rhodes Grass (*Chloris gayana* K.) is a subtropical forage grass used in livestock systems in salt-affected regions of Argentina, however, the stage of pasture establishment is critical in these environments. Inoculation with halophilic and halotolerant plant growth-promoting bacteria (PGPB) may enhance seedling performance and expand the use of marginal lands. This study evaluated the effects of three extremophile PGPB—*Halomonas* sp. 3R12, *Pseudomonas* sp. AN23, and *Pseudarthrobacter* sp. ER25—on the growth and physiological response of two *C. gayana* cultivars (Reclaimer -RE- and Santana -ST-) under salt stress. A semi-controlled hydroponic system was established with Hoagland solution in 4 L trays. Twenty-day-old seedlings were root-inoculated with the bacterial suspensions (cultured at 28 °C; 150 rpm for 48 h and adjusted to 10⁶ CFU/mL/tray). Salinity treatments were: 0 and 300 mM NaCl. Sterile nutrient broth was used as a control. A randomized complete block design (four replicates/ treatment) was implemented. Twenty days post-stress, morphological (shoot and root dry weight and length) and physiological (proline, sugar content) traits were measured. Malondialdehyde (MDA), total reducing power (FRAP), and chlorophyll content were also assessed 72 h post-stress. Data were analyzed using ANOVA ($\alpha = 0.05$) with interaction. In RE, salinity reduced plant height and shoot dry weight, but all bacterial treatments significantly increased both traits. Without salt, ER25 significantly increased root dry weight. Moreover, roots were significantly longer with 3R12 under non-stressed conditions and in control plants exposed to salt stress. In ST, salinity significantly reduced plant height and root length, though 3R12 tended to increase height and shoot dry weight at 300 mM. MDA and chlorophyll content were not significantly affected by salinity or inoculation in any cultivar. FRAP activity significantly increased in both genotypes under non-stressed conditions with all bacterial treatments compared to the control, and under salt stress in RE with 3R12. Proline content was significantly higher in RE and ST under salinity, particularly with 3R12. Although not significant, 3R12 increased sugar content under salt stress compared to the control in both cultivars. These findings suggest that extremophile PGPB, especially *Halomonas* sp. 3R12, can enhance stress tolerance and growth in *C. Gayana*, supporting their potential as bioinoculants for improving forage yield in saline soils.

RPM35***Saccharomyces cerevisiae* como promotora del crecimiento vegetal en plántulas de cebolla (*Allium cepa* L.) cv. Valencianita**Yafar, Y.^{1,2}; Nally, M.C.^{1,2}; Riveros, R.¹; Pedrozo, P.¹; Lladó, C.^{1,2}; Vazquez, F.¹; Pesce, V.^{1,2}¹Instituto de Biotecnología, Facultad de Ingeniería, UNSJ. San Juan, Argentina.²CONICET.yasminyafar@gmail.com

Los sistemas agrícolas destinados a la producción de semillas hortícolas son dependientes del uso de fertilizantes minerales. Si bien estos insumos contribuyen al aumento de los rendimientos, su uso intensivo impacta negativamente en el suelo, el agua y la atmósfera. En este contexto, diversas especies de levaduras han demostrado ser eficaces en la promoción del crecimiento vegetal de cultivos hortícolas, representando una alternativa sustentable frente al uso de insumos de síntesis química. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de levaduras enológicas de la especie *S. cerevisiae* como promotores del crecimiento vegetal en plántulas de cebolla (*A. cepa* L.), bajo condiciones controladas, *in vivo*. Se evaluaron dos aislamientos *S. cerevisiae* (PB71 y PB78), que previamente habían demostrado la capacidad de colonizar la superficie radicular de plántulas de cebolla. Estas levaduras provienen de mostos de uva en fermentación y pertenecen al cepario del IBT-FI-UNSJ. El ensayo *in vivo* se realizó en almácigos, sembrando ocho semillas de cebolla cv. Valencianita por tratamiento (una semilla por pocillo) sobre sustrato compuesto por turba y perlita (3:1), en tres repeticiones. Las semillas fueron inoculadas de forma puntual con 100 µL de una suspensión de cada una de las levaduras (5×10^7 células/mL). Como control se utilizaron semillas de cebolla tratadas únicamente con agua destilada estéril. Los almácigos se mantuvieron durante 30 días en condiciones controladas (25 °C, con ciclos de 12 h luz/12 h oscuridad). El ensayo se realizó dos veces. Finalizado este período, se evaluó la longitud de la parte aérea, longitud de la radícula, longitud total de la plántula, peso fresco y peso seco de la parte aérea y de la radícula. Los datos obtenidos fueron analizados mediante ANOVA, y la comparación de medias se realizó con el test de Tukey ($p < 0.05$). Los resultados indicaron que *S. cerevisiae* PB71 incrementó en un 76,9% el peso fresco de la parte aérea, respecto al control. El resto de los parámetros aéreos no mostraron diferencias significativas. Por su parte, la inoculación de semillas con *S. cerevisiae* PB78 incrementó significativamente la longitud (78,8%), el peso fresco (53,8%) y el peso seco (50%) de la parte aérea, así como la longitud total de la plántula (48,7%). No obstante, ninguno de los aislamientos incrementó de manera significativa los parámetros radiculares evaluados. Se concluye que *S. cerevisiae* PB78 incrementó todos los parámetros vegetativos de la parte aérea de las plántulas de cebolla, por lo que podría ser considerada para el desarrollo de biofertilizantes en este cultivo, en el marco de una agricultura sustentable.

RPM36

Extremophile bacterial inoculation enhances salt- stress tolerance in *M. maximus*

Yañez Yazlle, M.F.¹; Cervetto, J.J.¹; Carrizo, I.M.^{1,2}; Melchiorre, M.N.^{1,3}; Irazusta, V.P.⁴; Grunberg, K.¹; Lopez Colomba, E.^{1,2}

¹ Unidad de Estudios Agropecuarios (UDEA) INTA- CONICET, Córdoba, Argentina.

² Facultad de Ciencias Agropecuarias, UCC, Córdoba, Argentina.

³ Facultad de Ciencias Exactas Físicas y Naturales, UNC, Córdoba, Argentina.

⁴ Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI)- UNSa- CONICET. Salta, Argentina.

florenciayanez93@gmail.com

In Argentina, livestock production was displaced to regions with edapho-climatic constraints, including saline soils, which impairs plant growth, soil structure and microbial biomass. In these areas, subtropical forage grasses such as *Megathyrsus maximus* are widely cultivated for their productivity and stress tolerance but face challenges during germination and early growth. This study evaluated the effect of extremophile plant growth-promoting bacteria on the performance of two *M. maximus* cultivars (Gatton Panic -GA- and Green Panic -GR-) under salt stress. Six bacterial strains—*Kushneria* sp. T3.7, *Halomonas* sp. 3R12, *Pseudomonas* sp. AN23, *Micrococcus luteus* SA211, *Bacillus* sp. HX1, and *Pseudarthrobacter* sp. ER25—were tested individually. Sterile nutrient broth was used as a control. Twenty-day-old plants were root-inoculated with a 1:1 biopolymer–bacterial suspension (10^8 CFU/mL; 48 h culture at 28 °C, 150 rpm) and transplanted into substrate:sand (1:2) pots. Salt stress (200 mM NaCl) was applied gradually and compared to a no-salt control. After 20 days, growth parameters (dry weight, shoot length) and physiological traits (malondialdehyde (MDA), FRAP, pigments, and proline content) were measured. ANOVA was used for statistical analysis ($p < 0.05$). In GA, T3.7, 3R12, HX11, and ER25 significantly increased plant height while 3R12 and ER25 enhanced root dry weight under stress. Without salts, T3.7 and HX11 significantly increased root and aerial dry weight compared to the control. FRAP increased significantly with all bacterial treatments at 200 mM at 24 h post-stress. ER25 significantly increased chlorophyll a, b, and carotenoids at 72 h post-stress while carotenoids were higher with AN23 and 3R12 without salt. In GR, height did not differ under salt stress, but ER25 and 3R12 significantly increased root dry weight and all bacteria, except HX11, increased aerial dry weight at 200 mM. FRAP increased significantly with SA211 and 3R12 at 24 h post- stress, with HX11 at 72 h post- stress and with AN23 without salts. Pigments did not vary between treatments at 200 mM, but chlorophyll increased with 3R12 without salt. In both cultivars MDA significantly increased under stress while proline content was significantly higher with T3.7, 3R12, and SA211 at 200 mM. In conclusion, the evaluated strains emerge as promising bioinput candidates to improve *M. maximus* growth in salt-affected soils and for sustainable livestock forage production.

RPM37**Efecto de fertilizante enriquecido con *Beauveria bassiana* sobre implantación de maíz**

Portela, G.R.¹; Bzik Morresi, F.¹; Perés Santellán, B.¹; Galavert, N.¹; Casimiro, A.A.¹; Villalba, N.¹; Caldentey, F.J.^{1,2}

¹Facultad de Agronomía de Azul, UNCPBA, Azul, Argentina.

²INTA EEA Cuenca del Salado, Azul, Argentina.

gportela@azul.faa.unicen.edu.ar

Beauveria bassiana, es reconocido como controlador biológico de plagas, sin embargo, también demostró tener la capacidad de solubilizar compuestos de fosfato de calcio y hierro, liberando fósforo disponible para las plantas. En cultivo de maíz, *B. bassiana* actúa como bioinsecticida y puede colonizar las raíces promoviendo el crecimiento vegetal mejorando la disponibilidad de nutrientes como el fósforo. El objetivo del trabajo fue evaluar el efecto de *B. baussiana* aplicada a un fertilizante químico en la implantación de maíz. Para ello se sembró maíz en condiciones controladas de humedad y temperatura durante 24 días en macetas con soporte arena/perlita en proporción 1:1. Se consideró una fertilización base para el testigo equivalente a 150 kg/ha y una reducción de dosis del 25% para los tratamientos en los que se incorporó dosis crecientes de *B. baussiana* al fertilizante quedando definidos los siguientes tratamientos, testigo sin inocular (T), dosis 1,5 l/Tn (Bau150), dosis 3 l/Tn (Bau300) y dosis 6 l/Tn (Bau600). Se midieron parámetros en raíz: peso seco (PSR), volumen (VR), largo (LR), número de ramificaciones (RR), y parámetros aéreos: peso seco (PSA), altura (A) y número de hojas (NH). Se utilizó el software R 4.5.0 y RStudio 2025.05.0 para el análisis estadístico. Los parámetros evaluados en raíz tuvieron similar comportamiento, sólo fueron estadísticamente diferentes Bau600 (valor máximo) y Bau150 (valor mínimo), el resto de los tratamientos tuvieron valores intermedios. No se encontraron diferencias significativas en los parámetros aéreos analizados. Para PSA Bau600 mostró máximo valor y mínimo para Bau150, para A el tratamiento Bau300 fue el máximo valor (mínimo el testigo) y para NH el testigo fue máximo y Bau150 mínimo. El fertilizante enriquecido en la dosis máxima promovió parámetros radiculares (PSR, LR y RR). Es necesario profundizar el análisis para determinar la causa del efecto del tratamiento Bau150 que en todos los casos mostró valores mínimos. Considerando que los tratamientos con *B. baussiana* tenían un 25% menos de fertilizante químico y al no encontrarse diferencias significativas en los parámetros aéreos analizados se puede afirmar que el efecto de *B. baussiana* aplicada a un fertilizante químico podría suplir efectivamente un 25% de dosis de fertilizante químico. De igual manera se podría plantear el efecto promotor en los parámetros radiculares evaluados. En todos los casos el tratamiento Bau600 obtuvo valores máximos con un 25% menos de dosis de fertilizante químico. Se concluye que la utilización de fertilizantes sólidos enriquecidos con *B. baussiana* permitiría reducir las dosis sin impactar negativamente en la implantación de maíz.

RPM38**Rol de quorum sensing de *Serratia* sp. en la mitigación del estrés salino de plantas de alfalfa creciendo en hidroponía**

Perez, V.¹; Alvarez-Strazzi, F.¹; Nievas, F.¹; Papenbrock, J.²; Mende, P.²; Giordano, W.¹; Bogino, P.

¹Instituto de Biotecnología ambiental y Salud (INBIAS), CONICET. Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto. Río Cuarto, Córdoba, Argentina. ²Instituto de Botánica de la Universidad de Leibniz. Hannover, Alemania.

veronicaceperez@gmail.com

Los procesos de interacción rizobacteria-planta dependen de diferentes eventos fisiológicos de origen bacteriano y vegetal, que tienen lugar en el micronicho rizosférico. En la rizósfera vegetal, el mecanismo de comunicación bacteriano por *quorum sensing* (QS) adquiere especial relevancia para definir un evento de interacción exitoso. El cultivo de alfalfa sigue siendo uno de los cultivos forrajeros con mayor importancia en Argentina, aun habiendo disminuido notablemente la superficie sembrada durante la última década. En un mundo caracterizado por la superpoblación, la disminución de áreas agrícolas cultivables por erosión y salinidad del suelo, el aumento de los índices de contaminación y el cambio climático, se exige la búsqueda de nuevos enfoques para mitigar estos problemas. Así, el uso de microorganismos que proporcionen protección a los cultivos contra diferentes estreses ambientales y los métodos de cultivo en hidroponía surgen como alternativas viables y eficientes ante la disminución de la eficacia de los métodos agrícolas tradicionales. El objetivo de este estudio fue valorar la capacidad de una rizobacteria aislada de rizósfera de alfalfa identificada como *Serratia* sp. para paliar el impacto del estrés salino (50 y 200 mM) en la producción de biomasa aérea y radical de plantas de alfalfa en condiciones de hidroponía y verificar el posible impacto de la comunicación por QS sobre este proceso. Para ello se utilizaron una variante con sistema de QS intacto (pME6000) y una variante atenuada en su capacidad de producir moléculas señal de QS (pME6863). Se inocularon 1×10^6 ufc/ml de medio Hoagland con cada una de las cepas de manera individual. Se llevaron a cabo seis tratamientos: un control no inoculado-no estresado, un tratamiento no inoculado bajo estrés salino (50 mM/200 mM, en pulsos a los 21 y 25 días, respectivamente) y tratamientos con dos cepas de *Serratia* sp. (pME6000 y pME6863) en condiciones sin sal y con 50 mM/200 mM de salinidad. Los resultados obtenidos mostraron que, en condiciones de estrés salino (50 mM de NaCl), se observó una disminución significativa tanto en la biomasa aérea como radicular en las plantas del tratamiento control estresado, en comparación con el control sin salinidad. No obstante, los tratamientos inoculados con *Serratia* sp. (pME6000 y pME6863) mostraron un incremento de biomasa bajo estrés salino. Bajo condiciones de 200 mM, la biomasa aérea de plantas inoculadas disminuyó levemente, pero aún se mantuvo en niveles más altos comparado con el control bajo estrés. Estos resultados sugieren que dichas cepas bacterianas podrían desempeñar un rol importante en la atenuación de los efectos

negativos del estrés salino, promoviendo el crecimiento vegetal en condiciones adversas. El mecanismo de QS no sería relevante en estas condiciones.

RPM39

Evaluación a campo de la inoculación de maíz con formulados conteniendo *Azospirillum argentinense* Az39T

Espeche, L.J.^{1,2}; Gallace, M.E.^{3,4}; Paulucci, N.S.^{1,2}; Díaz-Zorita, M.^{3,4}; Morla, F.⁵; Cerioni, G.⁵; Perticari, A.⁶; Dardanelli, M.S.^{1,2}

¹ Dpto. de Biología Molecular, Fac. Cs. Exactas, Fco - Qcas y Naturales, UNRC. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

² INBIAS (CONICET - UNRC)

³ Facultad de Agronomía, UNLPam. Santa Rosa, La Pampa, Argentina.

⁴ CONICET.

⁵ Dpto. Producción Vegetal, FAV. UNRC. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

⁶ EEA INTA San Luis, Villa Mercedes. San Luis, Argentina.

lespeche@exa.unrc.edu.ar

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cultivos extensivos más importantes en Argentina, donde el déficit hídrico es uno de los factores que limitan el crecimiento y rendimiento del cultivo. Diversos estudios validan que los bioinsumos contribuyen a la producción del maíz al mejorar el aprovechamiento del agua y los nutrientes, sin embargo la variabilidad en la respuesta se explica con diferencias en la formulación y en las condiciones de crecimiento de los cultivos. El objetivo de este trabajo fue evaluar diferencias en la producción de maíz con la aplicación de distintas formulaciones de *Azospirillum argentinense* Az39T sometido a déficit hídrico. Se estudiaron los cambios fisiológicos y bioquímicos en Az39T bajo condiciones de déficit hídrico, formulado con prolina a través del análisis de la viabilidad de la bacteria con el método de la microgota y el recuento de células vivas/muertas mediante citometría de flujo. Los tratamientos fueron: Az39T cultivado en medio NFB (T1), NFB + PEG 6000 15 mM (T2), NFB + prolina 20 mM (T3), NFB + PEG 6000 15 mM + prolina 20 mM (T4). Para evaluar los efectos de las diferentes formulaciones sobre el cultivo de maíz, se realizaron ensayos a campo durante la campaña 2023/24 en dos sitios: Río Cuarto (Córdoba) y Santa Rosa (La Pampa). Los tratamientos empleados fueron: Semilla sin inocular T0, T1, T3 y T4. Los resultados de la viabilidad de Az39T (UFC/ml) mostraron que bajo condiciones de déficit hídrico (T1) la misma se redujo en un 13% con respecto al control y que su efecto fue revertido con la adición de prolina (T3) en un 14,4%, valores que se correlacionaron con lo obtenido por citometría de flujo, indicando que la adición de prolina mejora la viabilidad de Az39T. En los ensayos a campo, en Río Cuarto no se observaron diferencias significativas en el rendimiento entre tratamientos, lo cual podría atribuirse a que no hubo indicios de restricciones hídricas que permitiera demostrar el efecto de la inoculación con Az39T. En Santa Rosa, en promedio, la incorporación de Az39T incrementó los rendimientos en 11, 52 y 106% (T1, T3 y T4, respectivamente) sobre T0. Estos resultados validan que la incorporación de un formulado de

Az39T previamente sometida a déficit hídrico en tratamientos de semillas de maíz mejora los rendimientos del cultivo en sitios con restricciones de crecimiento.

RPM40

Efecto de hongos endofitos foliares *Epichloë* sobre la selección de actinomicetes endofitos de *Bromus auleticus* con capacidad promotora del crecimiento vegetal *in vitro*

Della Mónica, I.F.^{1,2}; Lucas, L.^{1,2}; Castellano, G.^{1,2}; Novas, M.V.^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Laboratorio de Micología y Fitopatología. CABA, Buenos Aires, Argentina.

²CONICET - Universidad de Buenos Aires. Instituto de Micología y Botánica (INMIBO). Grupo de Endofitos. CABA, Buenos Aires, Argentina.

ifdellamonica@gmail.com

Bromus auleticus es una forrajera nativa invernal naturalmente asociada con endófitos mutualistas. Entre estos, los hongos del género *Epichloë*, de transmisión vertical, pueden modular asociaciones posteriores que sus hospedantes establecen con microorganismos como los actinomicetes. Estos últimos son bacterias filamentosas Gram positivas de alto interés biotecnológico por su capacidad de producir metabolitos bioactivos. Se ha registrado que la asociación con *Epichloë* (E+) resulta en una menor biodiversidad de actinomicetes, sin embargo, se desconoce si los endofitos *Epichloë* seleccionan aquellas bacterias con roles funcionales benéficos para las plantas. El objetivo fue estudiar el efecto de *Epichloë* sobre la asociación de *B. auleticus* con actinomicetes endófitos promotores del crecimiento vegetal (PGP). Se evaluaron las capacidades PGP de 24 cepas de actinomicetes endófitos aislados de plantas E+ (5 cepas) y E- (19 cepas), identificadas en los géneros *Streptomyces*, *Micromonospora*, *Microbispora*, *Actinacidiphila* y *Amycolatopsis*. Las pruebas se realizaron por triplicado e incluyeron: detección cualitativa de la producción enzimática en medios con sustratos específicos inoculados e incubados a 28°C por 2 semanas (celulasas, amilasas, lipasas, esterasas, caseinasas, gelatinasas, lacasas, nitrato reductasas, catalasas), solubilización de P, fijación de N₂, producción de fenazinas, ácido sulfhídrico (H₂S) y halotolerancia (>1% NaCl). Cabe destacar que todos los aislamientos presentaron actividad de catalasas y gelatinasas, y ninguno produjo lacasas ni fenazinas. El análisis de correlación mostró que existe una asociación significativa positiva entre el estatus endofítico de las plantas y las capacidades solubilización de P y producción de H₂S. Asimismo, en el análisis multivariado PCoA, los aislamientos provenientes de plantas E+ se agruparon espacialmente, indicando similitudes en las capacidades PGP. Por el contrario, los aislamientos provenientes de plantas E- presentaron mayor dispersión espacial. Estos resultados sugieren que la asociación de *B. auleticus* con endófitos *Epichloë* podría modular la asociación de las raíces con actinomicetes que presenten capacidades como solubilización de P y producción de H₂S. Estas cepas podrían presentar roles específicos en asociación con las plantas, favoreciendo su nutrición y resistencia a diversos estreses abióticos.

RPM41**Aplicación combinada de bacterias benéficas y Zinc para la biofortificación del maíz**

Fernández, M.¹; Marcos Valle, F.J.¹; Mizrahi, M.²; Requejo, F.G.²; Barbieri, P.³; Maroniche, G.A.¹

¹Facultad de Ciencias Agrarias, CONICET, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP), Balcarce, Buenos Aires, Argentina.

²Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³IPADS (INTA-CONICET), Balcarce, Buenos Aires, Argentina.

fzmacarena@gmail.com

El zinc (Zn) es un micronutriente esencial cuya deficiencia afecta la salud pública y limita el rendimiento y la calidad nutricional del maíz (*Zea mays* L.). La fertilización con Zn no siempre es eficaz, y su combinación con rizobacterias benéficas es una estrategia de biofortificación agronómica. Sin embargo, la aplicación foliar de fertilizantes y bacterias combinadas no fue explorada en condiciones productivas. Los objetivos de este trabajo fueron: i) evaluar la compatibilidad *in vitro* entre óxido de Zn (ZnO) y *Azospirillum argentinense* Az39 y *Pseudomonas rhodesiae* ZME4 formuladas individualmente o juntas sobre la supervivencia bacteriana; y ii) analizar el efecto de aplicación secuencial del inoculante y Zn sobre el rendimiento del maíz y la concentración de Zn en los granos. Para los ensayos de compatibilidad *in vitro*, se utilizaron suspensiones bacterianas (10^7 UFC.mL⁻¹) de cultivos individuales (Az39 o ZME4) y mixtos (1:1). Se añadieron 10 µL de ZnO o agua por cada 1 mL de suspensión y, tras 1 h de incubación a 28°C, se evaluó la supervivencia mediante la técnica de la microgota. Los resultados mostraron que el Zn afectó negativamente la supervivencia de ZME4 en formulaciones individuales, efecto que se revirtió al combinarse con Az39. Asimismo, Az39 presentó alteraciones fenotípicas asociadas a la exposición a Zn. El ensayo a campo fue un DBCA con arreglo factorial (fertilización: sin/con Zn; inoculación: sin/con Az39+ZME4). El cultivo se manejó sin restricciones hídricas ni nutricionales. El Zn se aplicó en V6–V7, una semana después del inoculante. A cosecha se evaluaron el rendimiento (kg.ha⁻¹), sus componentes (granos.m⁻² y peso de mil granos), y la concentración de Zn en granos por espectroscopía de fluorescencia de rayos X (FRX). La fertilización con Zn e inoculación aumentaron el rendimiento en 3,8 % y 5,6 %, respectivamente, respecto al control. Su combinación mostró una interacción negativa ($p=0,0295$), con una reducción promedio del 6,8 % frente a los tratamientos individuales. Estos tendieron a aumentar el número de granos.m⁻², mientras la combinación redujo el peso de mil granos, pero presentó la mayor concentración de Zn en granos (+15,7 %) respecto a los tratamientos individuales. Los hallazgos indican que la coformulación mejora la tolerancia bacteriana al Zn y su concentración en el grano, respaldando su uso conjunto como estrategia de biofortificación del maíz, y evidencian la necesidad de seguir investigando su impacto en la calidad nutricional.

RPM42

Comunidades sintéticas de *Azospirillum*, *Pseudomonas* y microalgas potencian el desarrollo y rendimiento del cultivo de maíz tardío (*Zea mays* L.).

Marcos Valle, F.J.^{1,2}; Pagnussat, L.A.^{1,2,3}; Martínez, R.D.¹; Fernández, M.¹; Creus, C.M.¹; Maroniche, G.A.^{1,2}.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Balcarce, Buenos Aires, Argentina.

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

³Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC-CONICET), Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.

fmarcosvalle@mdp.edu.ar

El uso de microorganismos benéficos combinados en comunidades sintéticas (SynCom) constituye una de las estrategias de inoculación más promisorias de los últimos años, pudiendo producir efectos aditivos, o incluso sinérgicos, en los cultivos agrícolas. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad bioestimulante de SynCom dobles y triples de *Azospirillum*, *Pseudomonas* fluorescentes y microalgas eucariotas *Scenedesmus obliquus*, sobre el cultivo de maíz en condiciones productivas del sudeste bonaerense. En la campaña 2023/2024, se realizó un experimento en la Unidad Integrada Balcarce con un DBCA y cuatro repeticiones, sin limitaciones hídricas o nutricionales, y una densidad de 58.000 plantas.ha⁻¹. Las semillas de maíz (Nidera AX 7784 VT3P) fueron inoculadas con 10⁷ UFC.semilla⁻¹ de cada microorganismo de acuerdo a los siguientes tratamientos: T1 (testigo), T2 (*A. argentinense* Az39 + *P. fluorescens* ZME4) y T3 (*A. argentinense* Az39 + *P. fluorescens* ZME4 + *S. obliquus*). Se evaluó: altura en panojamiento (VT), índice de verdor en hoja (SPAD) en VT y R3, porcentaje de cobertura hasta R1, materia seca total (MST) en V3 y VT, rendimiento en grano y sus componentes. El análisis se realizó con ANOVA de dos vías, seguido del test LSD ($\alpha=5\%$). La altura en VT resultó mayor ($p<0,0001$) en maíz inoculado con T2 (218,53 cm) y T3 (223,85 cm) que el T1 (210,33 cm). El índice SPAD en VT y R3 también resultó superior ($p<0,0001$) en los tratamientos inoculados. Asimismo, la cobertura del cultivo resultó siempre significativamente mayor en el T3. La MST en V3 resultó superior ($p=0,0001$) en T2 (3,78 g) y T3 (3,82 g); igualmente en VT, registrando 124,38 g para T2 y 119,58 g para T3. El rendimiento de T2 y T3 fue superior ($p<0,0001$) que el de T1, registrando 13.279, 13.201 y 10.388 kg.ha⁻¹, respectivamente; explicado por un mayor número de granos.m⁻² ($p=0,0005$). Los resultados demuestran que el cultivo de maíz tratado con las SynCom posee un desempeño notablemente superior que el no inoculado, mostrando mayor desarrollo vegetativo y rendimiento. Si bien ambas SynCom mostraron efectos similares, la inclusión de las microalgas eucariotas produjo una sensible mejora en algunas de las variables analizadas. Concluimos que las cepas bacterianas y microalgas evaluadas poseen un excelente potencial biotecnológico como promotor de crecimiento mutlicepa para maíz de siembra tardía.

RPM43**Evaluación de un biofertilizante a base de material compostado enriquecido con hongos benéficos en cultivos florales**Mema, V.Y.¹; Pérez, M.P.¹; Riera, N.¹; Tarrio, V.¹; Rubio, E.²; Karlanian, M.²; Barrera, V.¹¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMyZA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Floricultura, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.perez.melisa@inta.gob.ar

El aprovechamiento de los residuos generados en la producción agropecuaria para la elaboración de biofertilizantes permite su valorización, contribuyendo al desarrollo de una bioeconomía sostenible. En este contexto, el uso de material compostado enriquecido con hongos benéficos se presenta como una alternativa viable y de bajo impacto ambiental, en relación al uso de agroquímicos. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto biofertilizante de un granulado a base de material compostado enriquecido con hongos benéficos en cultivos florales. El material compostado empleado tuvo dos fuentes de origen: una de tipo animal (digerido porcino sólido) y otra de tipo vegetal (residuos frutihortícolas). Ambos compost fueron enriquecidos con dos cepas fúngicas nativas (*Trichoderma harzianum* T-166 y *Cladorrhinum samala* INTA-AR1) de la colección del IMyZA-INTA, seleccionadas por su potencial como agentes promotores del crecimiento vegetal, con aplicación de dos dosis (D1= 13,5 g/l y D2= 27g/l). Se realizaron ensayos *in vivo* bajo condiciones controladas en *Tagetes patula* (copete) con sustrato comercial. Se establecieron diferentes tratamientos con un diseño experimental con 10 repeticiones. Luego de 30 días, se evaluó el grado de desarrollo del botón floral (categoría 1 a 4), el índice de cobertura (IC) y el peso de la biomasa seca aérea (BSA). Los resultados muestran diferencias entre el material compostado de origen animal (MCA) y vegetal (MCV). En el tratamiento con MCA, las plantas presentaron un incremento del 261 % en BSA en comparación con el tratamiento control absoluto (T0), mientras que en el tratamiento con MCV el aumento fue del 50 %. En cuanto al cálculo del IC, se observa que los tratamientos con MCA y MCV presentan incrementos del 34 % y 17 %, respectivamente, en comparación con el T0. Al evaluar el desarrollo de los botones florales entre los materiales compostados, se observó que el tratamiento MCA presentó una mayor frecuencia de botones en las categorías 3 y 4, mientras que el tratamiento MCV mostró principalmente botones en las categorías 1 y 2. Estas diferencias se hicieron aún más evidentes con la incorporación de la cepa INTA AR-1. Sin embargo, este resultado no se reflejó en los valores de BSA e IC, ya que la cepa T-166 D2, a pesar de presentar un menor desarrollo floral, mostró un incremento del 3% en BSA y del 6% en IC. Del análisis realizado se observa una tendencia positiva en el crecimiento de los cultivos de copete con la incorporación de hongos benéficos.

RPM44

Efecto del di-GMP-c en *Xanthomonas vesicatoria*

Ponso, M.A.¹; Conforte, V.²; Martino, R.³; Romero, A.⁴; Smania, A.³; Bianco, M.I.²; Yaryura, P.M.¹

¹Instituto Multidisciplinario de Investigación y Transferencia Agroalimentario y Biotecnológica (IMITAB, UNVM-CONICET). Instituto Académico Pedagógico de Ciencias Básicas y Aplicadas, Villa María, Córdoba, Argentina.

²Instituto de Ciencia y Tecnología "Dr. César Milstein", Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (ICT Milstein-CONICET); Fundación Pablo Cassará, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

³Departamento de Química Biológica Ranwel-Caputto (CIQUIBIC-CONICET), Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

⁴Cátedra de Fitopatología, Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires - Buenos Aires - Argentina.

ibianco@centromilstein.org.ar

Xanthomonas vesicatoria (Xv) es parte de un grupo de especies que causa la mancha bacteriana en tomate y pimiento, una enfermedad distribuida a lo largo de todo el mundo. Esa enfermedad produce manchas necróticas en hojas, frutos y tallos, lo que disminuye la calidad del fruto y provoca grandes pérdidas económicas en la producción. Actualmente, el manejo de la enfermedad es con productos en cuya formulación se incluye cobre, lo que tiene un impacto negativo tanto en el ambiente como en nuestra salud. Por otro lado, el manejo se vuelve poco efectivo debido a la adquisición de genes de resistencia al cobre por parte de las bacterias. Para causar la enfermedad, Xv utiliza distintas estrategias involucrando factores de virulencia como flagelo, pili, síntesis de exopolisacárido, producción de enzimas extracelulares, entre otros. Estos factores ayudan a la bacteria a adherirse a la superficie de la hoja, formar *biofilm*, tolerar condiciones ambientales adversas e ingresar a la célula vegetal para causar la enfermedad. El bis-(3'→5')-cyclic dimeric guanosine monophosphate (di-GMP-c) es un segundo mensajero que juega un papel importante en sensar condiciones ambientales y responder a las mismas mediante la regulación de distintas vías, incluyendo factores de virulencia. Para evaluar el efecto de distintos niveles intracelulares de di-GMP-c en Xv, la cepa BNM 208 de Xv se transformó con dos plásmidos diferentes. Uno de ellos codifica para una proteína con actividad fosfodiesterasa (degradación de di-GMP-c) se obtienen así cepas con niveles aumentados (208-DGC) y disminuidos (208-PDE) de di-GMP-c, respectivamente. Se llevaron a cabo ensayos fenotípicos *in vitro* para evaluar movilidad (*swimming* y *swarming*), producción de enzimas extracelulares, producción de exopolisacárido (precipitación de xantano), tolerancia a agentes estresores y ensayos *in planta* para evaluar infección. Mayores niveles de di-GMP-c en la cepa 208-DGC resultó en menor movilidad, menor tolerancia a agentes estresores, menor biomasa y altura del biofilm, menor producción de enzima celulasa y menor virulencia en Planta. Estos resultados ayudan a entender el rol del di-GMP-c en Xv y cómo, a futuro, su regulación podría ser tenido en cuenta como blanco de acción y estrategia de manejo.

RPM45**Efecto del endofito *Epichloë platensis* sobre la germinación de *Bromus auleticus* en función la temperatura y del tiempo de almacenamiento**Russo, L.A.¹; Mc Cargo, P.D.^{1,2}; Terlizzi, N.L.^{1,2}; Iannone, L.J.^{1,2}; Ruiz Mínguez, D.^{1,2}¹ UBA-FCEN. Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental. CABA. Argentina.² CONICET-UBA. Instituto de Micología y Botánica. CABA. Argentina.druizminguez@bg.fcen.uba.ar

Bromus auleticus Trin. ex Nees es una gramínea C3 nativa de la región pampeana, con potencial forrajero. Establece asociaciones mutualistas con hongos endofitos del género *Epichloë*, que le confieren mayor tolerancia a estreses abióticos y bióticos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de *Epichloë platensis* sobre la germinación a distintas temperaturas. Semillas E+ y E- fueron recolectadas en el campo experimental de la FCEN-UBA y almacenadas por 6 meses a 5 °C. Utilizando cinco placas de Petri con 30 semillas por estatus endofítico, con endofito (E+) y sin endofito (E-), se evaluó el porcentaje de germinación en oscuridad bajo siete temperaturas constantes (5, 10, 15, 20, 25, 30 y 35 °C). La germinación fue cercana al 100 % en 5 y 10 °C, y disminuyó progresivamente con el aumento de la temperatura. A 25 °C cayó por debajo del 50 %, y no se registró germinación a 35 °C. El estatus endofítico mostró efectos diferenciales: E+ favoreció significativamente la germinación a 10 °C, mientras que E- mostró mayores valores a temperaturas elevadas, con diferencias significativas a 25 °C. El otro objetivo, fue evaluar el efecto del almacenamiento y del endofito en la dormición y viabilidad de semillas de *B. auleticus* y del endofito. Se utilizaron semillas E+ y E- recolectadas entre 2019 y 2024, germinadas bajo condiciones cíclicas de temperatura y luz (20 °C día/15 °C noche). Las semillas E- presentaron valores de germinación entre el 87 y 92% durante todo el almacenamiento, mientras que en las E+ la germinación fue significativamente mayor que en las E- (98-93%) durante los dos primeros años, disminuyendo con el tiempo de almacenamiento, hasta valores significativamente inferiores a las E- luego de 5 años (2019). Las pruebas de tetrazolio indicaron viabilidad y una alta tasa de dormición en las semillas no germinadas. Además, el tiempo medio de germinación disminuyó con el almacenamiento, las semillas E+ de 2024 germinaron más rápido que las E-, pero en semillas de 2019 la tendencia se invirtió. En semillas E+ el endofito se mantuvo viable durante un año disminuyendo hasta perderse totalmente luego de 5 años. Estos resultados muestran que el endofito puede beneficiar tanto la capacidad como la velocidad de germinación en semillas de reciente cosecha, lo que representa una ventaja agronómica para lograr una implantación rápida y eficiente. Sin embargo, este efecto se atenúa o se revierte con el envejecimiento de las semillas asociado a la pérdida del endofito. Comprender esta dinámica y mantener viable la asociación es clave para optimizar a *B. auleticus* como forrajera.

RPM46

Evaluating Root Inoculation Strategies and Strain-Specific Responses of *Purpureocillium lilacinum* in Strawberry Plants

Goffré, D.¹; Rocano, H.S.¹; Folgarait, P.J.¹

¹Laboratorio de Hormigas, Universidad Nacional de Quilmes. CONICET. Bernal, Buenos Aires, Argentina.

henryrocanod@gmail.com

Using filamentous fungi with endophytic capacity and beneficial effects on plant growth has gained interest as a biological alternative to improve crop yields. *Purpureocillium lilacinum*, a known multifunctional species, has shown potential as both an endophyte and a growth promoter in several plants, including strawberry. In this work, we evaluated a repeated root inoculation strategy using four *P. lilacinum* strains (A, C, D, and E). Inoculations involved root immersion combined with crown drenching (t0), plus 1 (t1) or 2 (t2) additional crown applications with 1×10^8 conidia/ml suspensions. Endophytism in leaves and roots was assessed at a specific time point, and nine morphometric variables were recorded at the end of the trial: total and aerial length, number of healthy and dead leaves, total biomass, aerial and root biomass, number and biomass of runners. The goal of this study was to assess how inoculation frequency influences endophytic colonization, plant growth responses, and strain-specific effects of *P. lilacinum* in strawberry plants. Regarding the percentage of endophytism in leaves and roots, no significant enhancement was observed with reapplications by drenching (t1 and t2) compared to t0. Strains showed differential behavior in colonization levels, both in leaves and roots: some (A and E) showed increased or fluctuating values upon reapplication, while others (C and D) showed reduced values. Additionally, the highest median value of endophytism (~32%) was observed in the roots of treatment t0 of strain D. For plant growth promotion (PGP), neither the number of re-applications (treatment) nor strain $\times$ treatment interaction had a significant effect on the evaluated variables. Strains A and D benefited strawberry's aerial biomass and aerial length compared to the control (a similar but non-significant trend was observed for the number of healthy leaves). Another relevant observation was that only strain C caused visible damage in some plants, with 3 out of 21 inoculated plants dying. This negative response was not observed for foliar applications of strain C, which in previous assays even enhanced the number of total and healthy leaves in addition to total biomass. In conclusion, we did not register changes depending on the number of inoculations and again demonstrated benefits associated with some strains of *P. lilacinum*. However, the results showed that different strains benefited strawberry plants depending on the method of inoculation, supporting the exploration of the combined use of root and foliar methods, each with the best PGP strain, to enhance whole-plant growth.

RPM47

Root-associated fungi from *Deschampsia antarctica*: potential tools for microbe-assisted phytoremediation of hydrocarbon-contaminated Antarctic soils

Basile Dazzi, C.^{1,2}; Tassano, C.¹; Peralta, P.¹; Massot, F.^{1,2}; Ruberto, L.^{1,2}

¹Instituto de Nanobiotecnología (NANOBIOTEC, UBA-CONICET), Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

²Instituto Antártico Argentino (IAA), San Martín, Buenos Aires, Argentina.

c.bdazzi@gmail.com

Deschampsia antarctica is one of the only two vascular plant species native to the Antarctic peninsula and has shown potential for use in phytoremediation strategies in diesel-contaminated soils. With the aim of identifying root-associated fungi that could assist the plant under hydrocarbon stress, fungal strains were isolated from both the root endosphere and rhizospheric soil of *D. antarctica* collected from diesel-contaminated Antarctic soils. Fungal strains were isolated on potato dextrose agar (PDA) supplemented with chloramphenicol to inhibit bacterial growth, allowing the isolation of diverse fungal morphotypes. The isolates were then grown in basal salt medium (BSM) as a negative control without a carbon source, in BSM supplemented with 1% Antarctic diesel (GOA) as the sole carbon source, and in PDA as a positive control. Based on their growth performance, three strains identified through ITS sequencing were selected for inoculation experiments: the filamentous fungi *Hyaloscypha* sp. and *Cladosporium* sp., and the yeast *Cystobasidium* sp. Inocula were standardized to concentrations close to 10^8 conidia mL⁻¹ for the filamentous fungi and to comparable levels in colony-forming units (CFU mL⁻¹) for the yeast. Fungal colonization of plant roots was confirmed via optical microscopy using an aniline blue staining protocol adapted from Grace and Stribley (1991). Fungal structures such as hyphae, spores, and yeast cells were observed in stained root sections for all three strains, and colonization percentage was estimated by counting the number of infected root fragments. These findings demonstrate the successful establishment of root colonization by selected strains, and highlight the importance of understanding the plant–fungus relationship to develop an effective microbe-assisted phytoremediation system for diesel-contaminated polar environments.

Tratamientos microbianos y biorremediación

TMB1**Evaluación de propiedades benéficas y capacidad de absorción de metales pesados de Bacterias Lácticas (BL) aisladas de tambos**

Barberon, I.F.²; Vaschetto, A.¹; Silva, J.A.²; González, D.²; Pellegrino, M.S.¹

¹Instituto de Ciencias Veterinarias, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)-Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC) ²Departamento de Microbiología e Inmunología, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, UNRC. Ruta 36 Km 601. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

barberonnacho@gmail.com

En el marco de un proyecto binacional (FARMS-SAFE) entre Reino Unido y Argentina y con el objetivo de identificar y mejorar prácticas relacionadas al uso indiscriminado de antibióticos en los sistemas productivos lecheros y porcinos, se aislaron e identificaron bacterias lácticas (BL) de muestras ambientales de tambos del sur de la provincia de Córdoba, con el fin de evaluar sus propiedades benéficas y la capacidad absorber metales pesados. El aislamiento y caracterización presuntivo de BL se realizó a partir de muestras de efluentes y materia fecal de guacheras y corrales de espera. Los 44 aislamientos presuntivos, fueron evaluados a través de ensayos *in vitro* para determinar su potencial biorremediador. Se evaluó la capacidad inhibitoria frente a cepas de *Escherichia coli* resistentes a CIP y CTX aisladas de los mismos ambientes, así como la absorción a diferentes concentraciones de metales pesados (Cu^{+2} , Zn^{+2}) seleccionados sobre la base de resultados preliminares obtenidos en marco del proyecto, en donde se detectaron concentraciones por encima de las normas establecidas para efluentes de ambientes de tambos, utilizando agar Mueller Hinton suplementado con colorante Zincon. Además se evaluaron propiedades de superficie de los aislamientos (hidrofobicidad, autoagregación y formación de biofilm). Los resultados evidenciaron que un 93,18% de cepas BL presentó capacidad inhibitoria frente a *E. coli*. Además, del total de las BAL aisladas, el 6,82% mostró halos de inhibición altos (>12 mm), lo que indicaría un potencial de las BL como agentes antimicrobianos frente a estos patógenos. En cuanto al ensayo de remoción de metales pesados, el 70% de las BL analizadas fueron capaces de absorber ambos metales, siendo que el 84,09% de los 44 aislamientos presentaron porcentajes de eliminación de Cu^{+2} significativamente mayores, que los porcentajes de Zn^{+2} ($p < 0,05$). Respecto a los ensayos de superficie, se observó que el 47,8% de las BL evaluadas presentaron una alta hidrofobicidad y autoagregación, y el 44,4% fueron formadoras de biofilm. En conjunto, estos hallazgos sugieren un perfil favorable de la mayoría de las BL aisladas de ambientes de establecimientos lecheros en relación a su capacidad de colonizar, adaptarse y persistir a ambientes agropecuarios contaminados, favoreciendo la inhibición de cepas resistentes a antibióticos la bioabsorción de metales pesados.

TMB2**Bacterias Lácticas (BL) aisladas de tambos para su potencial aplicación en biorremediación de ambientes agropecuarios**Vaschetto, A.¹; Barberon, I.F.²; Silva, J.A.²; González, D.²; Pellegrino, M.S.¹

¹Instituto de Ciencias Veterinarias, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)-Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC) ²Departamento de Microbiología e Inmunología, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, UNRC. Ruta 36 Km 601. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

avaschetto@exa.unrc.edu.ar

En Argentina, el incremento de la producción láctea ha generado un alto impacto ambiental debido a la presencia de contaminantes liberados en efluentes de manera accidental o deliberada. Cada vaca en ordeño genera entre 14 y 24 L de efluentes/día que son vertidos en lagunas artificiales o cursos de agua. En dichos efluentes se ha encontrado un alto nivel de materia orgánica, nutrientes y microorganismos patógenos resistentes a una gran diversidad de antimicrobianos. A su vez, diferentes estudios han revelado la presencia de elevadas concentraciones de metales pesados, cuyo efecto dañino en la Salud está altamente comprobado. En este contexto, se plantea a la biorremediación como estrategia destinada a eliminar, reducir o neutralizar este tipo de contaminantes. Existe evidencia de que algunas BL son capaces de desempeñar un papel importante en estos procesos. El objetivo de este trabajo fue aislar BL de tambos para su aplicación en el tratamiento de efluentes y aguas residuales, para lo cual se procedió al muestreo de 8 tambos del sur de Córdoba en diferentes estaciones del año y en diferentes áreas (corral de espera, guachera y recría). A partir del material recolectado (materia fecal, efluentes y agua de bebida), dentro de las 24 h., se llevó a cabo el procesamiento de las muestras, pesando, diluyendo (en buffer PBS) y sembrando en medios de cultivo agarizados: MRS (pH 5,5) para el aislamiento de BL y CHROMagar Orientation con CIP o CTX para la búsqueda de *Escherichia coli* resistentes a estos antibióticos. A aquellos microorganismos desarrollados en MRS, con características coloniales compatibles con BL, se les realizaron pruebas para su identificación presuntiva dentro de este grupo funcional (Gram, catalasa, indol y nitrato). Finalmente, se lograron identificar 44 aislamientos dentro del grupo de las BL, el 70% provenientes de las muestras tomadas en efluentes y guachera y 124 cepas de *E. Coli*, 73 resistentes a CIP y 51 resistentes a CTX, provenientes de los tres tipos de muestras tomados. De los resultados de este trabajo se puede afirmar la presencia de patógenos resistentes a antibióticos de uso frecuente en tambos que conviven con microorganismos de vida libre, pertenecientes al grupo de BL. La importancia de estos resultados nos animan a continuar con la caracterización de las propiedades benéficas de las BL y su posible evaluación como microorganismos biorremediadores para el tratamiento de ambientes agropecuarios.

TMB3

La columna de Winogradsky como modelo de estudio para determinar comunidades microbianas degradadoras de hidrocarburos

Ruiz, G.B.¹; Tejerina, R.¹; Tejerina, M.R.²; Maldonado, M.J.^{1,3}; Vilte, K.R.²; Valdiviezo, I.S.²; Cruz, L.G.M.²; Quipildor, C.E.¹; Alanoca Sulca, E.²; Amante, M.²; Salas, K.²

¹ Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu. Humahuaca, Jujuy, Argentina.

² Cátedra de Microbiología Ambiental, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu; Humahuaca, Jujuy, Argentina.

³ Instituto de Ecorregiones Andinas - INECO (CONICET – UNJu), Jujuy, Argentina.

anirejettejerina@gmail.com

La columna de Winogradsky es un microecosistema enriquecido con sedimentos utilizado para estudiar la diversidad microbiana y transformación de contaminantes como el benceno. El objetivo de este trabajo fue determinar comunidades bacterianas capaces de sobrevivir y utilizar benceno en un microecosistema de laboratorio. Para ello se armó dos columnas de 1L con sedimentos enriquecidos con celulosa, sulfatos y carbonato cálcico al 10%, el agua y los sedimentos utilizados fueron provenientes de una fuente de agua ubicada en San Salvador de Jujuy, Jujuy. A una de las columnas se le adicionó 10 mL de benceno y a la otra columna se la utilizó como control. Ambas fueron expuestas a temperatura ambiente y a la luz solar, por cuatro semanas. Transcurrido este periodo se tomaron muestras de cada zona diferenciándola como zona superior (S), zona sulfo-oxidadora (SO) y zona sulfo-reductora (SR). Se realizaron diluciones seriadas y se sembraron en placas con medios específicos e incubaron a 25°C en condiciones aeróbicas (S) y microaerófilas (SO) y (SR). Las colonias obtenidas fueron cuantificadas en UFC/mL. En ambas columnas se observaron bacilos Gram negativos de diferentes diámetros y tamaños que van desde los 2 a los 10µm. Además, en la columna control también se registraron bacilos Gram positivos. En ambas columnas las observaciones de las colonias registraron diferencias en el color, forma, textura y tamaño. En el testigo se cuantificaron $2,4 \times 10^4$ UFC/mL en la zona S, $4,95 \pm \times 10^4$ UFC/mL en la zona SO y $6,45 \times 10^3$ UFC/mL en la zona SR. Mientras que en la columna con benceno se registró $2,25 \times 10^5$ UFC/mL en la zona S, $1,13 \times 10^5$ UFC/mL en la zona SO, $3,2 \times 10^4$ UFC/mL en la zona SR. La columna con tratamiento registró diferencias significativas en la cantidad de bacterias con la columna testigo, $p=0,0002$ para la zona S, $p=0,008$ para la zona SO, $p=0,0005$ para la zona SR. En este trabajo se determinó que en todas las zonas con benceno las poblaciones bacterianas aumentaron con respecto al control, las poblaciones bacterianas continuaron su crecimiento utilizando el contaminante en su proceso metabólico. Si bien no se determinaron los géneros intervinientes. La columna de Winogradsky fue fundamental para aislar y caracterizar poblaciones bacterianas biorremediadoras.

TMB4

Estudio de la diversidad microbiana con potencial biodegradador de Tolueno en columna de Winogradsky proveniente de Humahuaca, Jujuy

Ruiz, G.B.^{1,2,3}; Fabian Corimayo, G.R.¹; Tejerina, M.R.^{2,3}; García, M.G.²; Mamani, S.E.²; Ramírez, E.H.²; Martínez, I.G.²; González, M.A.²; Gutierrez, C.¹; Rodriguez, L.G.¹

¹ Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu. Humahuaca, Jujuy, Argentina.

² Cátedra de Microbiología Ambiental, Facultad de Ciencias Agrarias, UNJu; Humahuaca, Jujuy, Argentina.

³ Instituto de Ecorregiones Andinas - INECHOA (CONICET – UNJu), Jujuy, Argentina

bugui05fcgr@gmail.com

La columna de Winogradsky es modelo de ecología microbiana, permite el crecimiento de bacterias capaces de metabolizar contaminantes como el tolueno. Este trabajo tiene como objetivo establecer comunidades bacterianas capaces de metabolizar el tolueno a partir de una columna de Winogradsky. Se armaron dos columnas de 1L enriquecidas con celulosa, sulfatos y carbonato cálcico al 10%, el agua y el sedimento utilizado provienen del Rio Grande en la localidad de Humahuaca, Jujuy. A una de las columnas se le adicionó 10 mL de tolueno y la otra columna se empleó como control. Las columnas permanecieron a la luz del sol, a temperatura ambiente por cuatro semanas. Finalizado este periodo se diferenciaron 3 zonas: zona superior (S), zona sulfo-oxidadora (SO) y zona sulfo-reductora (SR). Se prepararon suspensiones y se realizaron diluciones seriadas para calcular la UFC/ML de cada zona, 100 µL fueron sembrados en superficie en agar nutritivo (S), en agar para el crecimiento de sulfo-oxidadores (SR) y en agar para el crecimiento de sulfo-reductores (SR), luego se incubaron a 25°C, en condiciones aeróbicas (S) y microaerófilas (SO y SR). De cada zona se realizaron observaciones microscópicas. En ambas columnas se observaron morfología bacilar y esférica variando en diámetros y tamaños, y solo se observaron cianobacterias en la zona S control. Se observaron colonias de diferentes colores, formas, texturas y tamaños. Ambas columnas mostraron diferencias en la cantidad de bacterias presentes. En el control se contabilizaron en la zona S $4,6 \times 10^6$ UFC/mL, en la zona SO $4,4 \times 10^6$ UFC/mL y en la zona SR $3,8 \times 10^6$ UFC/mL. En la columna con tolueno se contabilizó en la zona S $1,31 \times 10^6$ UFC/mL, en la zona SO $5,95 \times 10^4$ UFC/mL y en la zona SR $1,52 \times 10^4$ UFC/mL. La columna con tolueno registró diferencias significativas en la cantidad de bacterias frente al control, con $p=0,03$ para la zona S, $p=0,004$ para la zona SO, $p=0,002$ para la zona SR. Se determinó que, en las tres zonas con tolueno las poblaciones bacterianas disminuyeron en relación con el control, sin embargo, su presencia indica la utilización del contaminante en procesos metabólico. Si bien no se identificaron los géneros intervinientes, las colonias aisladas pueden ser estudiadas por su capacidad biorremediadora.

TMB5

Hongos y su capacidad diferencial para remover taninos hidrolizables y condensados

Cortizo, L.V.¹; Fernández de Lauda, G.; López, L.M.I.¹; Esterelles, G.²; Saparrat, M.C.N.³

¹ Centro de Investigación y Tecnología del Cuero (CITEC), Gonnet, Buenos Aires, Argentina.

² Departamento de Tecnología para la Producción de Cuero y Calzado, INTI, Gonnet, Buenos Aires, Argentina.

³ Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE), La Plata, Buenos Aires, Argentina.

cortizolore@gmail.com

Los hongos son capaces de tolerar altas concentraciones de taninos, a los cuales pueden transformar e incluso hasta mineralizarlos. Por lo tanto, los hongos podrían tener un fuerte impacto ambiental como agentes de biorremediación, en particular para el tratamiento de aguas residuales con alto contenido de taninos como lo son los efluentes de industrias del curtido. En un trabajo previo fueron seleccionadas 3 cepas del phylum Basidiomycota (*Grammothele subargentea* LPSC 436, *Trametes villosa* Cord 1901, *Pycnoporus sanguineus* LPSC 163) y 3 cepas del phylum Ascomycota (*Aspergillus terreus* LPSC 707, *Penicillium chrysogenum* LPSC 495, *Penicillium thomii* LPSC 743) por su capacidad diferencial para colonizar un medio agarizado suplementado con ácido tánico al 1% como única fuente de carbono. En el presente estudio se analizó la habilidad de las 6 cepas seleccionadas para crecer en un medio agarizado suplementado con las fuentes de taninos más frecuentemente usadas en las curtiembres: taninos hidrolizables de tara (*Caesalpinia spinosa*) y taninos condensados de quebracho (*Schinopsis balansae* y *Schinopsis lorentzii*). Para ello, se inocularon discos de 6 mm de diámetro de micelio en el medio CzapeK conteniendo glucosa al 1% como única fuente de carbono (medio control) o taninos al 1%. Las placas se incubaron a 25°C durante 21 días y se midieron los diámetros de las colonias y su capacidad para remover los taninos en el medio. Para ello, se obtuvieron discos de agar procedentes de los medios conteniendo taninos que fueron colonizados, del medio control y medios conteniendo taninos sin inoculación. Los discos de agar fueron homogeneizados con buffer fosfato (0,1M pH 6,0), siendo su fracción soluble utilizada para estimar la cantidad relativa de taninos a 274 nm. Paralelamente, discos equivalentes fueron liofilizados y analizados por espectroscopía infrarroja con transformación de Fourier (FTIR). Los mayores porcentajes de remoción de taninos de tara fueron detectados para cepas de Ascomycota: *P. chrysogenum* (84%), *P. thomii* (83%) y *A. terreus* (55%). Sin embargo, el grupo de hongos utilizados del phylum Basidiomycota mostró la mayor remoción cuando el medio contuvo taninos de quebracho: *T.villosa* (86%), *G.subargentea* (85%) y *P.sanguineus*, (79%). Este comportamiento diferencial se corroboró con los resultados de FTIR. Los resultados sugieren que la selección de una cepa para el tratamiento efectivo de los efluentes de curtiembres es dependiente del tipo de fuente de tanino utilizada.

TMB6**Biofertilización y su efecto sobre las propiedades biológicas y químicas de un suelo ganadero cultivado con centeno**Rivero, T.E.¹; Sotelo, C.E.¹; Galloso, J. D.¹; Pérez, G.L.¹; Carnicer, S.¹; Porta, M.¹; Hack, C.M.¹¹Instituto Agrotécnico "P.M. Fuentes Godo" FCA-UNNE. Resistencia/Chaco/Argentina.cristinasotelo4480@gmail.com

La biofertilización es una tecnología que promueve la incorporación de microorganismos al suelo con el fin de mejorar la producción agropecuaria de manera sustentable. Este enfoque resulta clave para lograr mayor eficiencia productiva en los cultivos y sistemas ganaderos. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de distintos biofertilizantes aplicados al cultivo de centeno (*Secale cereale* L.) sobre las propiedades biológicas y químicas de un suelo perteneciente a un ambiente ganadero del Chaco. El ensayo se realizó en macetas en el invernadero del Instituto Agrotécnico-UNNE, con suelo proveniente del departamento Bermejo (-26.770677, -58.747740)-Chaco. Se aplicaron seis tratamientos: Testigo (T), Micorrizas (Mc), *Bacillus* (Bc), *Bacillus*+Micorrizas (Bc+Mc), *Azotobacter* (Azt) y *Azospirillum* (Azos), bajo un diseño completamente aleatorizado. Se evaluaron las variables biológicas actividad enzimática con FDA, glomalina, nitrógeno mineralizable (Nan) y respiración del suelo (Resp); y las variables químicas pH actual, fósforo disponible (P) y nitrógeno total (Nt). Los datos fueron analizados mediante ANOVA, prueba de Tukey y análisis de componentes principales (ACP). Los resultados indicaron diferencias significativas en la actividad enzimática (FDA), con valores más altos en Azt y Azos, y menores en T. La glomalina fue mayor en Mc y Bc, intermedia en Bc+Mc, Azt y Azos, y baja en T. No se observaron diferencias en Resp ni en Nan. En cuanto a las variables químicas, el pH fue más alto en Azt, Azos y Bc+Mc; el P fue mayor en el testigo y menor en Mc, Bc y Bc+Mc. El Nt no presentó diferencias significativas. El análisis de componentes principales explicó el 68,2% de la varianza, diferenciando cuatro grupos de tratamientos. En cuanto al análisis multivariado el CP1 se asoció con Nt, pH y respiración (Bc+Mc), así como con FDA y Nan (Azt y Azos). El CP2 se vinculó a glomalina con Mc y Bc, y P con el testigo. En conclusión, la biofertilización con Azt y Azos promovió la actividad microbiana del suelo, mientras que Mc y Bc mejoraron la glomalina, indicador de salud estructural del suelo. Además, se observaron mejoras en pH y reducción de P disponible en los tratamientos biofertilizados, probablemente asociado a una mayor absorción de las plantas. Estos resultados respaldan el uso de biofertilizantes como estrategia sostenible en sistemas productivos del Chaco.

TMB7

Obtención de consorcios declorinantes para su aplicación en estrategias de bioaumentación

Azaro, M.¹; Festa, S.¹; Agnello A.C.¹; Coppotelli, B.M.¹; Costante, M.¹; Macchi, M.¹; Chen, G.²; Swift, C.²; Löffler F.²; Morelli, I.S.^{1,3}; Mora V.C.¹; Madueño, L.^{1*}

¹ CINDEFI, La Plata, Argentina.

² The University of Tennessee, Knoxville, EE.UU.

³ CIC PBA, La Plata, Argentina

lauramadueno@gmail.com

En sedimentos bonaerenses se han detectado previamente contaminantes industriales carcinogénicos, como el percloroetileno (PCE) y el cis-dicloroeteno (cis-DCE) (< 0,9 $\mu\text{mol/botella}$), junto con microorganismos declorinantes del género *Dehalococcoides* (Dhc) (4×10^4 Dhc/gs). Dhc utiliza H_2 y acetato como fuente de electrones y carbono respectivamente, y respira PCE gracias a dehalogenasas (Rdasas: genes *tceA*, *vcrA* y *bvcA*) que lo declorinan secuencial y completamente hasta eteno (producto inocuo). El bioaumentación con consorcios declorinantes resulta prometedor para el saneamiento de ambientes con PCE y cis-DCE; estos suelen incluir además microorganismos no-declorinantes que aportan H_2 , acetato y vitaminas esenciales. El objetivo de este estudio fue obtener y caracterizar consorcios microbianos declorinantes. Se prepararon 14 microcosmos con sedimentos de 4 sitios en medio mineral reducido con 5mM lactato y 1mM PCE, dentro de una cámara anaeróbica (COY, 97/3 N_2/H_2). Los microcosmos fueron incubados a 30°C, en oscuridad y sin agitación. Se evaluó la producción de eteno (GC-FID), el número de copias de Rdasas, 16S rRNA de Dhc (qPCR) y la estructura de la comunidad microbiana (Illumina NovaSeq600). Después de 2 a 6 meses se detectó eteno, Dhc (1×10^8 copias/ml) y el gen *tceA* (1×10^7 copias/ml) en 7 microcosmos, solo en 3 se detectó el gen *vcrA* (3×10^6 copias/ml) y *bvcA* no fue detectado. La estructura de la comunidad microbiana de los microcosmos con eteno mostró predominancia (>5%) de *Anaerolineaceae*, *Bacteroidetes vadin H17*, *Smithellaceae*, *Geobacteraceae*, *Acetothermii*, *Methanosaetaceae*, *Methamicrobiaceae* y entre 3 y 5,4% de géneros pertenecientes a *Dehalococcoidia*. Se realizaron transferencias (dilución 1/10) de los 7 microcosmos con eteno a medio fresco y se estudiaron las cinéticas de declorinación de PCE y la proporción de los genes involucrados durante 120 días. En 2 microcosmos, se produjeron 3 $\mu\text{mol/botella}$ de eteno y un aumento en 1-3 órdenes de magnitud en el nro de copias de Rdasas y 16S rRNA de Dhc al día 25. Si bien el 98% del PCE fue eliminado a los 120 días, la producción de eteno se frenó desde el día 25, observando acumulación de cloruro de vinilo (CV) (15-20 $\mu\text{mol/botella}$), un producto intermedio tóxico de declorinación, y metano (< 40 $\mu\text{mol/botella}$). Se obtuvieron cultivos declorinantes de PCE, sin embargo, su declorinación fue incompleta y se acumuló CV, posiblemente debido a una competencia por el H_2 entre Dhc y arqueas metanogénicas. Futuras estrategias para evitar esa competencia y enriquecer en Dhc serán cruciales en la obtención de consorcios robustos para aplicar en ambientes contaminados.

TMB9

Bioproducto a base de micorrizas arbusculares para reducir metales pesados en cultivos

Utge Perri, S.Y.^{1,2}; Valerga Fernández, M.V.^{1,2}; Calzada, P.M.²; Colombo, R.P.^{1,2}; Godeas, A.M.^{1,2}; Silvani, V.A.^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Buenos Aires, Argentina.

²CONICET - Universidad de Buenos Aires, Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada (IBBEA), Buenos Aires, Argentina.

vickyvalfer@gmail.com

La acumulación de metales pesados (MP) como el cadmio (Cd) en los ecosistemas representa un riesgo para la salud ambiental y de los organismos. Este metal puede encontrarse en suelos agrícolas debido al uso de fertilizantes, pesticidas, lodos cloacales o residuos industriales, así como en el agua de riego. Por otro lado, la mayoría de las especies vegetales tienen la capacidad de formar asociaciones simbióticas con hongos micorrícicos arbusculares (HMA). Estos hongos mejoran el crecimiento y estado nutricional, y desempeñan un rol fundamental en la tolerancia frente a distintos tipos de estrés. Los HMA pueden secuestrar MP e inmovilizarlos en sus estructuras, reduciendo así su biodisponibilidad y mitigando sus efectos en sus plantas hospedadoras. Por lo tanto, el establecimiento de esta simbiosis se considera una estrategia eficaz para aliviar la fitotoxicidad causada por MP. Actualmente, no se encuentra desarrollada una formulación práctica y eficiente de un bioinoculante basado en estos microorganismos. El objetivo de este trabajo fue evaluar un método de encapsulación sustentable, inocuo y de bajo costo, que permita obtener un bioproducto formulado con cepas de HMA aisladas de suelos con altos contenidos de MP, eficaz en la promoción del crecimiento vegetal y capaz de reducir la captación de MP. Para ello, se evaluó el bioproducto con girasol creciendo en sustrato contaminado con una concentración de 5ppm de Cd bajo condiciones de invernadero. Los tratamientos fueron: 1) semillas de girasol con el bioproducto y Cd (tratamiento Cd-M, n = 5), 2) semillas sin bioproducto y Cd (Cd, n = 5), y 3) semillas más bioproducto sin Cd (M, n = 4), 4) semillas sin bioproducto y sin Cd (C, n = 5). Luego de tres meses se cosecharon las plantas y se midieron distintos parámetros de crecimiento: altura, número de hojas, peso fresco y seco de vástago y raíz, y volumen radical. Se realizó un ANOVA de dos factores, previa verificación de los supuestos, y se observaron tendencias positivas en los tratamientos con inoculación, tanto en presencia como en ausencia de Cd. Se encontraron diferencias significativas en el peso fresco de raíz y en el volumen radical, siendo mayores en el tratamiento M respecto a C, y en Cd-M respecto a Cd. Se concluye que el bioproducto fue efectivo para proteger el sistema radical, pero que se necesitan más ensayos para terminar de probar la eficacia en la protección y crecimiento de la parte aérea.

TMB10**Biomezclas formuladas con residuos agroindustriales para la degradación de glifosato en camas biológicas**

Di Gregorio, V.¹; Sánchez Holmedilla, B.¹; Barbieri M.²; Conde Molina, D.¹

¹Universidad Tecnológica Nacional, Facultad Regional Delta, Grupo de Biotecnología y Nanotecnología Aplicada, Campana, Buenos Aires, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria San Pedro, San Pedro, Buenos Aires, Argentina.

vdigregorio@frd.utn.edu.ar

La falta de gestión en la manipulación de fitosanitarios aplicados en los cultivos para el control de plagas genera impacto ambiental que afecta la calidad del suelo y los recursos hídricos. Para minimizar la contaminación de fuentes puntuales, se ha desarrollado una tecnología preventiva de biodegradación conocida como camas biológicas o "biobeds". La remoción de glifosato en las camas biológicas se basa en la capacidad de adsorción y degradación de una biomezcla orgánica biológicamente activa, compuesta por suelo, un sustrato orgánico y material lignocelulósico cubierto por una capa vegetal. En este trabajo se evaluó la degradación de glifosato y su metabolito, el ácido aminometilfosfónico (AMPA), en biomezclas formuladas con materiales regionales. Se ensayaron tres biomezclas: B1 (rastreo de moha, compost estabilizado de vivero y suelo con historial de aplicación de glifosato), B2 (compost agotado de hongos y suelo con historial de aplicación de glifosato) y B3 (rastreo de moha, residuos de cama de pollo y suelo con historial de aplicación de glifosato). El suelo como único componente se utilizó como control. La formulación comercial de glifosato se pulverizó sobre las biomezclas y el suelo para lograr una concentración de 5.000 ppm. Cada preparado se dispuso en bolsas tipo Zip y se incubaron a 22 °C. Para evaluar la eficiencia de las biomezclas, se determinaron las concentraciones de glifosato y AMPA mediante cromatografía líquida de alto rendimiento (HPLC) a los 0, 10, 15, 30, 60 y 100 días. A los 30 días, el glifosato se degradó en un 95,5 % en B1, 98,5 % en B2 y 90,8 % en B3, mientras que a los 100 días no se detectó presencia de glifosato en las tres biomezclas. En el suelo control, la degradación fue del 21,5 % a los 30 días y 51,8 % a los 100 días. El AMPA comenzó a detectarse a partir del día 10, con una máxima formación a partir del día 15 para las biomezclas y del día 30 para el control. Al finalizar el experimento, se detectaron 343 ppm de AMPA en el control, 16 ppm en B1, 26 ppm en B2 y 20 ppm en B3. Estos resultados muestran que los residuos agroindustriales locales utilizados presentan gran potencial para aplicarlos en la formulación de biomezclas, ya que todas las mezclas evaluadas demostraron una alta capacidad de degradación de glifosato en comparación con el suelo.

TMB11

Biocamas como sistemas biológicos para la eliminación de antiparasitarios de uso ganadero

Pessagno, R.^{1,2}; Colombo, R.^{3,4}; Iriel, A.^{2,5}; Belluzo, V.²; Patiño, E.³; Silvani, V.^{3,4}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Química Orgánica de Biomoléculas, Buenos Aires, Argentina.

²Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Centro de Estudios Transdisciplinarios del Agua (CETA). Buenos Aires, Argentina.

³Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Buenos Aires, Argentina.

⁴CONICET-Universidad de Buenos Aires, Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada, Buenos Aires, Argentina.

⁵CONICET-Universidad de Buenos Aires, Instituto de Investigaciones en Producción Animal, Buenos Aires, Argentina.

estebanpati03@gmail.com

La garrapata es un ectoparásito responsable de numerosas pérdidas económicas en explotaciones ganaderas. El tratamiento recomendado por el SENASA consiste en la rotación de ectoparasiticidas, por lo que muchos de ellos se combinan en fórmulas comerciales. Los principios activos más utilizados son: el fipronil (F) y el fluazurón (FL) de aplicación vertida, y el amitraz (A) de aplicación por inmersión. La aplicación de estos antiparasitarios genera grandes cantidades de residuos, que deben ser inactivados antes de su disposición final para evitar la contaminación del suelo y las vías fluviales cercanas. En este trabajo se evaluó el uso de biocamas como una tecnología sencilla y de bajo costo para reducir la concentración de ectoparasiticidas. Se aplicaron formulaciones comerciales de A (12,5%), FL (2,5%) y F (1%), individualmente o combinadas los tres compuestos sobre la biocama. La degradación de los compuestos se evaluó en función del tiempo por cromatografía líquida (HPLC), y la abundancia de hongos y bacterias mediante el método de dilución seriada. La degradación máxima de A se logró en menos de 7 días, mientras que F y FL requirieron más de 20 días. A las 5 semanas, A se degradó un 100% cuando se aplicó solo, y fue mayor la cantidad de bacterias que de hongos ($5,7 \pm 0,3 \times 10^{-7}$ vs. $2,0 \pm 0,27 \times 10^{-7}$ CFU/g). En combinación, se obtuvo un 100% de degradación de A y un 48% de FL (la degradación individual de FL fue del 17%), y hubo una mayor abundancia de bacterias que de hongos ($4,2 \pm 1,2 \times 10^{-7}$ CFU vs. $1,8 \pm 0,3 \times 10^{-4}$ CFU/g). F se degradó un 40% en todos los tratamientos, y presentó mayor cantidad de hongos ($1,3 \pm 0,3 \times 10^{-8}$ CFU/g). La biocama propuesta es una solución eficaz para la degradación de los antiparasitarios, especialmente para A y FL en combinación. La mayor presencia de hongos en el proceso de degradación de F está indicando cierta especialidad fisiológica y tolerancia de estos microorganismos ante este compuesto. La elevada abundancia de bacterias en el tratamiento combinado sugiere un rol destacable en la biodegradación de estos antiparasitarios en la biocama.

TMB12**Aislamiento y caracterización de una cepa de *Microbacterium* sp. resistente al Cr, antagonista de hongos fitopatógenos y promotora de crecimiento en plantas de *Lens culinaris***

Henestroza, L.¹; Monzón, B.^{1;2}; López Arias, L.¹; Leone, M.^{1;3}

¹Universidad Nacional de Hurlingham (UNAHUR), Instituto de Biotecnología, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

²Comisión de Investigación Científica (CIC), Buenos Aires, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET), CABA, Buenos Aires, Argentina.

melisa.leone@unahur.edu.ar

La contaminación ambiental constituye una problemática en constante crecimiento que afecta negativamente la calidad de vida de los organismos y deteriora los ambientes naturales. Dentro de los contaminantes más relevantes se destacan los metales pesados, compuestos inorgánicos con alta toxicidad. Una de las estrategias utilizadas para mitigar la contaminación es la fitorremediación, técnica que emplea plantas y microorganismos asociados para descontaminar ambientes afectados. En este marco, se propuso la búsqueda y caracterización de bacterias endófitas presentes en plantas ubicadas en suelos contaminados con Cr. Una de las cepas aisladas presentó una concentración mínima inhibitoria (CIM) de 100 mg/l en presencia de Cr. Así mismo, se determinó la cinética de crecimiento bacteriano en presencia de diferentes concentraciones de Cr mediante espectrofotometría UV, observándose un incremento de la DO en la cepa evaluada, respecto al control sin el metal. La misma fue caracterizada mediante tinciones de gram y de Schaeffer-Fulton, los cuales demostraron que es una bacteria Gram positiva no formadora de esporas. La secuenciación del gen ribosomal 16S, determinó su pertenencia al género *Microbacterium* sp. Así mismo, se exploró su potencial como promotora del crecimiento vegetal en condiciones de estrés por Cr. Para ello, se germinaron semillas de *Lens culinaris* en medios suplementados con Cr, con y sin inoculación bacteriana. Las plantas inoculadas con *Microbacterium* sp. mostraron un aumento del peso fresco respecto al de los controles no inoculados. Por último, se realizaron ensayos de antagonismo frente a hongos fitopatógenos del género *Alternaria* spp. observándose una inhibición del crecimiento micelial. En conjunto, los resultados de los ensayos sugieren que *Microbacterium* sp. representa una herramienta biotecnológica promisorio para el desarrollo de estrategias de biorremediación en entornos contaminados con metales pesados, así como un posible agente de biocontrol frente a hongos fitopatógenos. Además, nuestros resultados sugieren un potencial rol como promotora del crecimiento vegetal.

TMB13**Rol de la glomalina en la fitorremediación asistida por micorrizas de un suelo minero**

Talma, J.G.¹; Colombo, R.^{1,2}; Juárez, A.³; Godeas, A.^{1,2}; Scotti, A.^{3,4}; Silvani V.^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Buenos Aires, Argentina.

²CONICET-Universidad de Buenos Aires, Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada, Buenos Aires, Argentina.

³Laboratorio Bioambiental, Comisión Nacional de Energía Atómica, International Center for Earth Sciences, San Rafael, Argentina.

⁴Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.

talmita96@gmail.com

Los hongos micorrícicos arbusculares (HMA), pertenecientes al phylum Glomeromycota, establecen simbiosis mutualistas con las raíces de la mayoría de las plantas, mejorando su nutrición y tolerancia a distintos tipos de estrés. En suelos contaminados con metales pesados (MP), los HMA desempeñan un papel clave en la fitorremediación al incrementar la producción de glomalina (GRSP), una glicoproteína que contribuye a la estructura del suelo y a la inmovilización de estos elementos en sus grupos funcionales. El objetivo del trabajo fue evaluar el rol de la GRSP en dos ciclos de fitorremediación asistida por HMA (3 meses cada uno) en un suelo minero con Cu (463000 ppm), Zn (475 ppm) y Ni (138 ppm). El sistema biorremediador (según patente ARAR090183), con *Helianthus annuus* y HMA aislados de la ex mina Paramillos de Uspallata (Mendoza), fue escalado a un nivel de maduración tecnológica 4 mediante el uso de biorreactores (BRs), un prototipo experimental diseñado para validar el sistema en condiciones controladas de mayor complejidad que las de laboratorio. La concentración de GRSP se midió por espectrofotometría y la de MP por fluorescencia de rayos X. La concentración final de GRSP acumulada fue de $3,83 \pm 0,46$ mg g⁻¹ suelo. Esta producción estuvo acompañada por un aumento en el porcentaje de materia orgánica, indicando una mejora progresiva en la calidad del suelo. Tras el primer ciclo, el Cu en el suelo se redujo significativamente (1400 ppm) y se detectaron 800 ppm de Cu inmovilizados en la fracción de GRSP. Luego del segundo ciclo, la capacidad de adsorción del Cu por GRSP disminuyó a 460 ppm. También se detectaron Zn y Ni inmovilizados en la fracción de GRSP. Al cabo del segundo ciclo, la proporción de Ni inmovilizada por GRSP alcanzó el 21,8 %, mientras que la del Zn no superó el 14 %. Los resultados evidencian que el sistema biorremediador, a nivel de BRs, fue capaz de establecerse exitosamente en un suelo minero altamente contaminado, promover la producción de GRSP y el secuestro de MP. Además, las cepas seleccionadas contribuyeron a mejorar la calidad edáfica. Por lo tanto, este consorcio biorremediador sería una herramienta biotecnológica prometedora para la recuperación de ecosistemas degradados.

TMB14

Formulados a base de *Serratia* sp. aislada de suelo de *Vitis vinífera* con característica de biofertilizante para una posible aplicación como bioinsumo

Parodi, L.B.¹; Rodríguez Villarreal, V.P.¹; Lambrese, Y.S.^{1,2}; Capello, C.¹; Navarta, L.G.¹; Sansone, M.G.¹; Aguilera, L.³; Calvente, V.E.¹

¹Laboratorio de Microbiología Industrial. Área de Tecnología Química y Biotecnología, Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina.

²Área de básicas agronómicas, Facultad de Ingeniería y Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de San Luis, Villa Mercedes, San Luis, Argentina.

³Laboratorio de Bioorgánica y Biotecnología, INTEQUI, Universidad Nacional de San Luis, San Luis, Argentina.

yesicalambrese@gmail.com

Los microorganismos aislados del suelo pueden ser utilizados como biofertilizantes, siendo una alternativa ecológica, debido a los riesgos para la salud y el ambiente que acarrea el uso de agroquímicos. El objetivo del trabajo fue estudiar la conservación de formulados (líquidos y sólidos) a base de *Serratia* sp. con características de biofertilizante para una posible aplicación como bioinsumo. La bacteria ChM114c fue aislada de suelos de vid (periodo de envero, año 2023) desde una finca de Mendoza y presentó características de biofertilizante (fijación de nitrógeno, solubilización de fosfato, producción de ácido indol acético y sideróforos). Para la identificación molecular, se usó ADN barcoding, basado en amplificación y secuenciación del gen 16S rRNA (~1500 pb), utilizando los cebadores 27F y 1492R. Se prepararon formulaciones líquidas y sólidas con ChM114c en medios de conservación: A) Solución Fisiológica Estéril, B) Lactosa 10%, C) Glicerol 20%, D) Vermiculita, E) Turba y F) Liofilizado. Se almacenaron a 4° y 25°C (líquidas) y 25°C (sólida), durante tres meses. Se realizó el recuento de viables (Log UFC/mL) a t=0, 30 y 90 días; se determinó el % reducción de viabilidad = $[(\text{Log UFC/mL } t=0 - \text{Log UFC/mL } t=30 \text{ o } 90) / (\text{Log UFC/mL } t=0)] \times 100$; y el % supervivencia = $[100 - \% \text{ reducción viabilidad}]$. Se utilizó el software estadístico InfoStat. Los resultados del análisis con BLAST y MAPSeq asignaron a la cepa el género *Serratia* con alta identidad y cobertura total. La supervivencia, a los 30 días fue a 4°C para A (89,73%) y C (95,60%), sin diferencias significativas ($p = 0,05$); B del 85% sin diferencias significativas con la temperatura. Además, D, E y F (sólidas) cercano al 75%. A los 90 días, fue mayor a 4°C: A (80%), B (80,76%) y C (74,90%), que a 25°C del 70,17%, 48,36% y 53,79 % respectivamente (con diferencias significativas, $p = 0,05$). Las formulaciones sólidas presentaron supervivencias inferiores al 58%. Se concluyó que *Serratia* sp. pudo conservarse en el tiempo, siendo las formulaciones líquidas a 4° las que presentaron mayor supervivencia. Se continuará estudiando la conservación de las formulaciones por un periodo de tiempo mayor (6 meses y 1 año).

TMB15**Estrategia biológica de recubrimiento de semillas de sorgo: efecto del almidón y Cianobacterias sobre el vigor y el poder germinativo**

Lambrese, Y.S.^{1,2}; Bacha, E.F.¹; Zitnik, D.¹; Fernández Belmonte, C.¹; Lorenzo, S.¹; Gaitán, E.¹; Olguin, M.¹; Martínez Álvarez, D.¹; Goicoa, V.I.^{1,2}

¹Facultad de Ingeniería y Ciencias Agropecuarias, UNSL. Villa Mercedes, San Luis, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Industrial, INTI San Luis. Villa Mercedes, San Luis, Argentina.

yesicalambrese@gmail.com

La aplicación de recubrimientos biológicos sobre semillas representa una estrategia prometedora para mejorar el establecimiento de cultivos forrajeros, especialmente bajo enfoques agroecológicos. En este contexto, el almidón se destaca como una matriz polimérica biodegradable y de bajo costo, capaz de encapsular microorganismos y liberar gradualmente compuestos bioactivos. Por su parte, las Cianobacterias han cobrado interés por su potencial biofertilizante, al aportar metabolitos que estimulan la germinación y el crecimiento inicial de las plántulas, además de su capacidad de fijación de nitrógeno y producción de fitohormonas. En este estudio se evaluó el impacto de recubrimientos de almidón al 2% y 5% combinados con Cianobacterias sobre el vigor y el poder germinativo (PG) de semillas de *Sorghum sudanense* L., considerando dos niveles de calidad de semillas a partir de su viabilidad mediante tinción por tetrazolio. En función de su viabilidad, las semillas se clasificaron en dos grupos (V1: 89%, V2: 37%) y se estableció un diseño completamente aleatorizado con 4 repeticiones, bajo condiciones controladas (protocolo ISTA 2023). Se aplicaron tres tratamientos: testigo sin recubrimiento (T0), recubrimiento con almidón 2% + Cianobacterias (R2), y almidón 5% + Cianobacterias (R5). Los resultados demostraron que en las V1 los tres tratamientos presentaron un vigor superior al 70%, sin diferencias significativas ($p < 0.1$), mientras que con las V2, el tratamiento R5 evidenció un incremento considerable ($p < 0.1$) en vigor respecto a T0 y R2. En cuanto al PG, en semillas V1 no se observaron diferencias significativas entre tratamientos (T0: 73.5%, R2: 78.5%, R5: 68.5%; $p > 0.1$). En V2, el tratamiento R5 duplicó significativamente el PG respecto a los demás (T0: 13%, R2: 17%, R5: 31%; $p < 0.1$). Estos resultados confirman que el recubrimiento con almidón al 5% combinado con Cianobacterias favorece la germinación y el vigor en semillas de viabilidad reducida, posiblemente debido a una mayor disponibilidad inmediata de metabolitos y bioestimulantes aportados por las Cianobacterias en la matriz polimérica. Se resalta la importancia de ajustar las concentraciones del recubrimiento en función de la calidad fisiológica de la semilla, abriendo nuevas posibilidades y de bajo costo para el aprovechamiento de semillas almacenadas en sistemas productivos.

TMB16**Biodegradación de residuos de la industria pesquera mediante el empleo de arcillas**

Díaz, M.B.^{1,3}; Herrero, O.M.^{2,4}; Buzzzi, M.A.^{1,3}; Maldonado, F.L.^{1,3,5}; Mendes Rosa, M.^{1,2,3}

¹Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud, UNPSJB. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

²Facultad de Ingeniería, UNPSJB. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

³Grupo de Investigación en Sustentabilidad aplicada al Ambiente (GISA), UNPSJB. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

⁴Instituto de Biociencias de la Patagonia. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

⁵Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

diazmb37@gmail.com

La actividad pesquera en la Patagonia ha crecido notablemente en los últimos años, incrementando la generación de Residuos Orgánicos Pesqueros (ROPs) como vísceras, cabezas y subproductos. La gestión inadecuada potencia malos olores, proliferación de vectores y emisiones de gases de efecto invernadero. La biodegradación de los ROPs combinada con arcillas, surge como alternativa para mitigar impactos, mejorar el suelo y controlar olores. Se evaluó el efecto de la incorporación de bentonita y vermiculita en la biodegradación de ROPs en sistemas microcosmos, a partir de la cuantificación de tres indicadores: producción acumulada de CO₂, desarrollo de bacterias heterótrofas totales y la inferencia de la carga odorífera mediante la cuantificación del nitrógeno básico volátil total (NBVT). Se utilizaron frascos de vidrio de 3 L con cierre hermético, conteniendo 1 kg de suelo y ROPs al 10% p/p. Se prepararon distintos tipos de tratamientos: a uno se le incorporó bentonita al 4% p/p (B), a otro se le añadió vermiculita en la misma proporción (V), y se incluyeron dos controles: uno sin residuos ni arcillas (S) y otro con ROPs sin arcillas (SR). En todos los casos se trabajó por triplicado. A cada microcosmos se añadió agua destilada estéril al 50% de la capacidad de retención hídrica del suelo y se incubaron a temperatura ambiente por 120 días. La producción acumulada de CO₂ de los sistemas con residuos (B, V, SR) fue considerablemente mayor que el control (S) ($p < 0,05$), sin diferencias entre B, V y SR ($p > 0,05$). Este patrón se reflejó en la velocidad de producción de CO₂, con mayor cinética de biodegradación en los primeros 30 días. El desarrollo bacteriano aumentó en todos los microcosmos durante los primeros 60 días, con descenso posterior en S, coincidente con la baja en la producción de CO₂. En contraste, los sistemas con ROPs mantuvieron el crecimiento microbiano. No se observaron diferencias entre B y V ($p > 0,05$), pero sí un mayor desarrollo en SR respecto a los sistemas con arcillas. En cuanto al NBVT, los sistemas con arcillas mostraron una reducción significativa de la carga odorífera indirecta frente a SR ($p < 0,05$). El uso de bentonita y vermiculita en combinación con técnicas de biorremediación resulta promisorio para hacer frente a la problemática de ROPs, especialmente en el control de olores.

TMB17

Evaluación del proceso de atenuación natural de hidrocarburos en aguas subterráneas: un caso de estudio aplicado

Castro, C.^{1,2}; Cecotti, M.²; Medina, M.S.²; Leunda, J.R.²; Gómez, R.D.³; Oneto, M.E.²

¹Consejo Nacional de Investigaciones científicas y Técnicas (CONICET). Argentina.

²YPF Tecnología S.A. (Y-TEC). Berisso, Buenos Aires, Argentina.

³YPF S.A. Neuquén, Argentina.

camila.a.castro@ypftecnologia.com

El Diagnóstico Molecular Ambiental (DMA) integra técnicas avanzadas para caracterizar las propiedades biológicas y químicas de suelos, sedimentos y aguas, brindando información clave para la gestión ambiental. En particular, resulta valioso para el monitoreo de la atenuación natural (AN), proceso mediante el cual los contaminantes son degradados, transformados o inmovilizados de forma natural a través de mecanismos biológicos, químicos y físicos. En este estudio se aplicó DMA con el objetivo de evaluar el proceso de AN de los hidrocarburos remanentes en un acuífero afectado por una fase líquida no acuosa (FLNA) que estuvo presente hace diez años y fue removida en ese entonces mediante bombeo. Se realizaron muestreos de agua subterránea en 30 pozos freáticos, las cuales se caracterizaron mediante la determinación de pH, temperatura, sulfato, hierro, nitrato, alcalinidad (ALC), potencial redox (PR) e hidrocarburos totales del petróleo (HTP). Asimismo, se realizó la extracción y purificación de ADN, secuenciación masiva y cuantificación por PCR en tiempo real del gen 16S rARN para bacterias y arqueas, y cuantificación de otros genes de interés (*dsrA*, *assA*). El análisis bioinformático se realizó mediante DADA2 y phyloseq (entorno R). La forma de la pluma original de FLNA y las condiciones actuales permitieron identificar zonas diferenciales en el acuífero. Se definió un escenario de borde en los límites de la pluma: menores valores ALC (< 600 mg/L), PR asociado al ciclo del azufre (-138 ± 131 mV) y HTP no cuantificable. En contraste, las zonas que presentaron mayor espesor de FLNA mostraron PR asociado a metanogénesis (-290 ± 100 mV) y se clasificaron en dos escenarios: uno central (EC), con mayor alcalinidad (878 ± 123 mg/L) y valores de TPH más elevados, y un escenario variable (EV), con alcalinidad fluctuante (727 ± 345 mg/L) y menor concentración de TPH. El análisis de las comunidades microbianas evidenció menor riqueza hacia el EC, con selección de ciertos taxones y potencial de degradación anaerobia de hidrocarburos asociado a procesos de metanogénesis y al ciclo del azufre. La evaluación de genes funcionales evidenció un patrón de distribución dependiente de la presencia de TPH. En conjunto, se demostró la ocurrencia del proceso de AN y la presencia de microorganismos con funciones específicas que sugieren la sostenibilidad del proceso. Asimismo, se observó una tendencia espacial en la distribución de dichos microorganismos, con una clara dependencia entre los potenciales de degradación especializados y las condiciones dominantes del proceso, lo que sugiere la utilidad de los genes funcionales como biomarcadores para el monitoreo de la atenuación natural en este sitio.

TMB18**Fitorremediación asistida por *Stenotrophomonas rhizophila* en *Salvinia biloba* expuesta a distintas concentraciones de cobre**Serres, A.¹; Bernabeu, P.R.^{2,3}

¹ Facultad de Ingeniería y Ciencias Exactas (FAIN). Universidad Argentina de la Empresa (UADE). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. ² Instituto de Tecnología (INTEC). Universidad Argentina de la Empresa (UADE). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. ³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

pbernabeu@uade.edu.ar

La contaminación por metales pesados representa un problema ambiental debido a su toxicidad y persistencia en los ecosistemas acuáticos. Una estrategia prometedora para mitigar este impacto es la fitorremediación, que utiliza plantas para absorber, acumular o transformar contaminantes. Este proceso puede optimizarse mediante la aplicación de microorganismos promotores del crecimiento vegetal, que pueden mejorar la tolerancia de las plantas a condiciones adversas y aumentar la eficiencia de remoción del metal. El objetivo de este trabajo fue evaluar la tolerancia de *Salvinia biloba* a diferentes concentraciones de cobre, así como la aplicación de *Stenotrophomonas rhizophila* en la remoción del metal y en la salud de la planta. Se realizaron ensayos en los que *S. biloba* fue expuesta a 0, 1, 5, 10, 15 y 20 ppm de cobre, observándose que a 5 ppm la planta no mostró signos evidentes de estrés, pero no pudo crecer, mientras que a 10 ppm hubo signos de clorosis y necrosis. Por otro lado, se evaluó la tolerancia de *S. rhizophila* a cobre en medio LB, determinándose que la bacteria pudo crecer en todas las concentraciones analizadas. Además, se cuantificó la capacidad de la bacteria para remover cobre, encontrando un 43,85 % de remoción en 5 ppm y un 59,04 % en 10 ppm. Para evaluar la interacción entre *S. biloba* y *S. rhizophila*, se usó una dosis bacteriana de 4×10^8 UFC/ml, encontrando un efecto positivo sobre el crecimiento vegetal. En los ensayos de fitorremediación asistida, se observó que en sistemas con 5 ppm de cobre la inoculación con *S. rhizophila* promovió una leve mejora en los parámetros morfológicos de la planta, reflejándose en un aumento del 8,89 % en la remoción de cobre por gramo de biomasa vegetal final a los 14 días, medida como cobre removido de la solución de crecimiento en relación con el peso fresco de la planta. En los sistemas con 10 ppm de cobre, se encontró una disminución del 1,41 % en la remoción de cobre por gramo de biomasa vegetal final, posiblemente debido a mecanismos de defensa activados por la planta ante el estrés provocado por la elevada concentración del metal y a la muerte de los tejidos.

En conclusión, *S. rhizophila* ejerció un efecto beneficioso en *S. biloba*, mejorando su capacidad para la remoción de cobre en concentraciones moderadas. Cuando la concentración de metal es elevada, los mecanismos de defensa de la planta pueden afectar la eficiencia del proceso. Este estudio contribuye al desarrollo de estrategias de fitorremediación asistida por microorganismos y destaca la importancia de considerar la concentración de metales contaminantes en la planificación y optimización de estos sistemas para su aplicación en el tratamiento de aguas contaminadas.

TMB19

Mejora del crecimiento vegetal y remoción de cobre en *Salvinia biloba* mediante la inoculación con *Serratia nematodiphila*

Rennes, B.¹; Palumbo, C.¹; Charif, S.E.^{2,3}; Bernabeu, P.R.^{2,3}

¹ Facultad de Ingeniería y Ciencias Exactas (FAIN). Universidad Argentina de la Empresa (UADE). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. ² Instituto de Tecnología (INTEC). Universidad Argentina de la Empresa (UADE). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. ³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

pbernabeu@uade.edu.ar

La contaminación por metales pesados como el cobre constituye un problema ambiental creciente en cuerpos de agua dulce, afectando la biodiversidad y los servicios ecosistémicos. El cobre, aunque esencial en bajas concentraciones, se vuelve tóxico para las plantas acuáticas a niveles elevados. La fitorremediación es una estrategia sostenible, aunque limitada por la sensibilidad de muchas especies a concentraciones elevadas de metales. La inoculación con bacterias promotoras del crecimiento vegetal puede mejorar la eficiencia de estos sistemas contaminados. En este trabajo se evaluó el efecto de la inoculación con *Serratia nematodiphila*, una bacteria PGPB, sobre *Salvinia biloba*, planta acuática macrófita nativa de la Ecorregión del Delta e Islas del Paraná cultivada en condiciones controladas. Para evaluar la promoción del crecimiento vegetal, las plantas creciendo en solución nutritiva se inocularon con 4.10^8 UFC/ml de la PGPB y se evaluaron parámetros morfológicos de la planta (número de hojas, peso fresco y longitud de la raíz) a tiempo inicial y final (14 días) con el fin de determinar si la inoculación mejoraba alguno de ellos. Por otro lado, las plantas se expusieron a 10 ppm de cobre y se analizó la exposición al metal durante 14 días en ausencia y presencia de inoculación con el microorganismo en estudio. Se analizaron los cambios morfológicos de las plantas en estos sistemas, y se midió la cantidad de cobre en la solución de crecimiento a tiempo inicial y final mediante espectroscopía de absorción atómica, con el fin de comparar la remoción del metal en ambos tratamientos. Al evaluar la promoción del crecimiento vegetal, las plantas inoculadas mostraron un aumento significativo en el número de hojas respecto al control no inoculado, lo que indica un efecto positivo de la bacteria sobre el desarrollo foliar. Sin embargo, no se observaron diferencias significativas en el peso ni en la longitud radicular al ser comparadas con las plantas no inoculadas, lo que sugiere que la promoción de crecimiento fue específica a nivel aéreo. Cuando se expusieron a 10 ppm de cobre, las plantas no inoculadas no desarrollan hojas nuevas, mientras que las inoculadas lograron crecer, evidenciando un efecto atenuador del estrés por cobre al ser inoculadas. Además, se observó una remoción significativa del metal en los tratamientos inoculados con respecto a los no inoculados, siendo esta un 18 % mayor en los primeros. Los resultados indican que *S. nematodiphila* mejora la tolerancia de *S. biloba* al cobre, promueve su crecimiento foliar bajo estrés y contribuye significativamente a la remoción del contaminante. Se propone que esta interacción planta-microorganismo puede constituir una estrategia eficiente de fitorremediación asistida en cuerpos de agua contaminados con cobre.

TMB20

Biorremediación de suelo contaminado con hidrocarburos mediante la adición de *Undaria pinnatifida* en distintas proporciones.

Mendes Rosa, M.^{1,2,3}; Herrero, O.M.^{3,4}; Marchiaro, A.B.³

¹CONICET. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

²Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud, UNPSJB. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

³Facultad de Ingeniería, UNPSJB. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

⁴Instituto de Biociencias de la Patagonia (CONICET). Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

mendes.maximiliano464@gmail.com

La cuenca del Golfo San Jorge, en la Patagonia Argentina, sufre una fuerte contaminación por hidrocarburos (HC) debido a intensa actividad petrolera. Esto afecta a los suelos áridos de la región, que presentan baja fertilidad, escasa humedad y deficiencia de nutrientes, dificultando su recuperación natural. Al mismo tiempo, el litoral patagónico enfrenta la invasión del alga *U. pinnatifida*, que altera los ecosistemas marinos locales. Esta alga posee un alto contenido de nitrógeno, fósforo y compuestos bioactivos que podrían aprovecharse con fines ambientales. En este contexto, *U. pinnatifida* puede convertirse en un recurso valioso que, al incorporarse al suelo, aporta nutrientes que estimulan la actividad microbiana necesaria para la degradación de contaminantes. El objetivo de la investigación consistió en evaluar el empleo de esta alga en el proceso de biorremediación de suelos contaminados con HC cuando se añade en distintas proporciones en peso. A tal fin, se confeccionaron por triplicado microcosmos de cierre hermético conteniendo 1 kg de suelo contaminado con HC, previamente homogeneizado, a los cuales se les añadió *U. pinnatifida* en proporciones de 5, 10 y 15% p/p, la cual a priori fue lavada, secada y triturada. A todos los sistemas se les adicionó agua destilada estéril en una cantidad equivalente al 50% de la capacidad de retención hídrica del suelo. Contrastados con biosistemas control (C) de iguales características, pero sin la adición de alga, se determinó la producción diaria de CO₂ y la variación mensual de hidrocarburos totales del petróleo (TPH), nitratos (N) y fosfatos (P) en 280 días de ensayo. Tanto en la producción acumulada de CO₂ como también en el porcentaje de biodegradación de TPH se observó que la proporción de alga del 5% ($p < 0,05$) presentó la mayor efectividad, comprobándose un nivel de reducción de HC del 94% en contraste con C, cuyo valor fue de 34%. Esto resalta que mayores cantidades de alga añadida no necesariamente prolongan ni favorecen la biodegradación. El uso del alga invasora como enmienda orgánica permite enfrentar dos problemas simultáneamente: mitigar la contaminación por HC y reducir el impacto ambiental de una especie invasora, a través de una estrategia circular, económica y adaptada a las condiciones de la región. Dado que la originalidad del presente trabajo radica precisamente en la aplicación de *U. pinnatifida* en la biorremediación de suelos patagónicos contaminados con HC, se proyecta su evaluación a mayor escala.

TMB21**Evaluación de calidad de agua en el arroyo Valcheta: indicadores fisicoquímicos y microbiológicos como señales de impacto ambiental**Solari, C.A.¹; Coniglio S.J.¹; Baggio R.B.^{1,2}; Hünicken L.¹¹Universidad Nacional de Río Negro, Viedma, Río Negro, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.sconiglio@unrn.edu.ar

El arroyo Valcheta, en Río Negro, se destaca entre los escasos valles húmedos de la región por su importancia ecológica y socioeconómica. Los diferentes usos del arroyo y su ribera modifican este ecosistema, impactando potencialmente en la biodiversidad y la salud humana. El objetivo de este trabajo es evaluar la calidad de agua del arroyo Valcheta mediante parámetros fisicoquímicos y microbiológicos en cuatro sitios diferenciados por el uso: Control (S1), Agrícola (S2), Urbano (S3), Vertedero (S4). Se midieron parámetros fisicoquímicos (T° , CE, pH, velocidad, caudal) y se recolectaron muestras para análisis de nutrientes, clorofila *a*, sólidos suspendidos y bacterias indicadoras de contaminación fecal (BICF: *Escherichia coli* (ISO 9308) y *Enterococcus spp.* (ISO 7899)). Se realizó un Análisis de Componentes Principales para identificar patrones y gradientes ambientales incluyendo todas las variables. La CE varió entre 495 $\mu\text{S}/\text{cm}$ (S1) y 1504 $\mu\text{S}/\text{cm}$ (S4). El amonio presentó valores extremos de 0,022 mg/L (S2) y 3,59 mg/L (S4). La clorofila *a* mostró concentraciones elevadas en el S4 (816,4 $\mu\text{g}/\text{L}$) comparado con otros sitios (0,4-1,8 $\mu\text{g}/\text{L}$). Las BICF evidenciaron el mayor impacto en el S4: *E. coli* alcanzó 363 UFC/100mL y enterococos 170 UFC/100mL, contrastando con S1 y S3 que presentaron concentraciones menores (1-16 UFC/100mL para *E. coli* y 1-4 UFC/100mL para enterococos). Los sólidos suspendidos totales fueron máximos en S4 (5,35 mg/L) en contraste con los otros sitios (0,15-0,36 mg/L). El primer componente (CP1) explicó el 78,9% de la varianza, relacionándose con enterococos, CE, sólidos suspendidos inorgánicos, *E. coli*, amonio, clorofila *a* y coliformes totales, por lo que distingue al S4 debido a los mayores valores en estas variables. El segundo componente (CP2) explicó el 12,7% de la varianza y se asocia a la T° , velocidad de corriente y caudal, diferenciando muestras de los sitios S1, S2 y S3. Los resultados sugieren dos gradientes ambientales: hidrológico y de contaminación. El CP1 representa el gradiente de contaminación, donde la distinción del S4 evidencia el impacto de vertidos cloacales sobre la calidad del agua al alterar significativamente características fisicoquímicas y microbiológicas. El CP2 define el gradiente hidrológico caracterizado por la velocidad de corriente y el caudal que, junto con la temperatura, permite separar el S3 de los sitios S1 y S2. Los aportes contaminantes y las características hidrológicas influyen en la distribución espacial de las variables, siendo el impacto antrópico del efluente cloacal el factor de mayor peso en la variabilidad ambiental observada.

TMB22**Electrobiorremediación de Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos de las cuencas Neuquina y del Golfo San Jorge**

Díaz, R.A.^{1,3}; Gutiérrez, M.²; Acuña, A.³; Pucci, G.²

¹ Instituto Multidisciplinario para la Investigación y el Desarrollo Productivo y Social de la Cuenca Golfo San Jorge (IIDEPyS-GSJ-CONICET). Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

² CEIMA, Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco. Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

³ Grupo de Estudios Ambientales, UTN-Regional Santa Cruz. Río Gallegos, Santa Cruz, Argentina.

rominaanabeldiaz91@gmail.com

La demanda de productos petrolíferos ha incrementado la exposición del ambiente a la contaminación por hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAPs). Este estudio evaluó las interacciones de la fracción de HAPs de los hidrocarburos totales de petróleo (HTP) durante un proceso de electrobiorremediación (EB). Los fenómenos electrocinéticos mejoran la biodisponibilidad de los hidrocarburos, favoreciendo su degradación por bacterias autóctonas. La aplicación del campo eléctrico favorece los fenómenos electrocinéticos y estos la biodisponibilidad del hidrocarburo para ser degradado por las bacterias autóctonas del suelo. El tratamiento se llevó a cabo durante 60 días, utilizando 1400 g de suelo provenientes de dos sitios impactados de la Cuenca del Golfo San Jorge (CGSJ) y la Cuenca Neuquina (CN). Los suelos fueron colocados en cubas de vidrio, con y sin la aplicación de un campo eléctrico constante ($0,5 \text{ V/cm}^{-1}$, con inversión de polaridad cada 4 días), y con o sin la adición de nutrientes específicos (urea y fosfato monopotásico en CGSJ en una relación C:N:P de 100:10:0,1). Se monitorearon pH, conductividad eléctrica, humedad, bacterias degradadoras de hidrocarburos (BDH) y concentración de HAPs (por HPLC). Los resultados mostraron que la aplicación del campo eléctrico mejoró la biodegradación de HAPs en ambos suelos, incluso sin la adición de nutrientes, alcanzando un 67,88% en CGSJ y 57,2% en CN, en contraste con el 38,59% observado en los controles donde no se aplicó corriente eléctrica. La mayor degradación se observó para los HAPs de 2 y 3 anillos aromáticos en el sedimento CGSJ, y de 3 y 4 anillos en CN, coincidiendo con un incremento en el número de BDH bacterias en los sistemas electroestimulados. El comportamiento de ambos suelos frente al tratamiento fue diferente. En CGSJ, la mayor degradación se observó en la cuba sin nutrientes, mientras que en CN, la mayor eficiencia (91,2%) se logró con la adición de nutrientes. En los sedimentos de CGSJ, la adición de estos nutrientes elevó el pH, afectando negativamente la actividad microbiana, efecto que no se observó en CN. Los recuentos de BDH de todos los sistemas se mantuvieron en valores óptimos para procesos de biodegradación. Estos resultados destacan el potencial de la electrobiorremediación como una estrategia efectiva para la recuperación de suelos contaminados con hidrocarburos.

TMB23**Aplicación de consorcios microbianos en fitorremediación de metales**

Sáenz, M.E.^{1,2}; Martínez, R.S..²; Di Marzio, W.D.^{1,2}; Alberdi, J.L.²; De la Vega, H.³; Pistorio, M.⁴; Toscani, A.M.⁴; Di Marzio, G.D.²

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) Argentina

²Programa de Investigación en Ecotoxicología (PRIET). Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján. Luján, Buenos Aires, Argentina.

³División Matemática, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján. Luján, Buenos Aires, Argentina.

⁴ Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM-CONICET), Laboratorio de Genómica y Ecología Molecular de Microorganismos, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

mesaenz@aae.org.ar

La liberación de metales al medio ambiente por medio del vertido de aguas residuales provenientes de diferentes actividades antrópicas, como cromados, curtiembres, aleaciones, baterías, galvanoplastias, metalúrgicas son fuentes de contaminación que afectan la calidad del agua, los organismos que allí viven, y la salud humana. La fitorremediación utilizando macrófitas acuáticas resulta en una tecnología de base biológica, de bajo costo que permite además el reciclado de metales fundamental en el contexto de la economía circular. El objetivo del presente trabajo fue optimizar el proceso de fitorremediación de metales utilizando un sistema multiespecífico de macrófitas acuáticas mediante la inoculación con consorcios microbianos, siendo resultados de un objetivo de un PICTO UNLu. La densidad de las macrófitas en el sistema multiespecífico fue seleccionada según estudios previos, en 15 grs/L de cada especie. El inóculo del consorcio microbiano utilizado provino de un biorreactor de una planta de depuración. Se realizó el análisis metagenómico de los consorcios mediante análisis de secuenciación de la región V3-V4 del gen ribosomal 16S rRNA, utilizando primers específicos. Los metales seleccionados fueron Cd, Zn y Ni, ya que se trata de los metales más frecuentes en el río Luján. Se realizaron experiencias con una solución multimetal y con el efluente de la planta depuradora de la ciudad de Luján que descarga al río del mismo nombre. El consorcio se agregó directamente en el sistema multimetal y multiespecífico. Se tomaron alícuotas de las soluciones y de las macrófitas para determinación de metales. La optimización del proceso debido a la inoculación con consorcios microbianos fue analizada según los siguientes criterios: tasa de remoción de metales, factores de bioacumulación, actividad de enzimas antioxidantes y ecotoxicidad total mediante la realización de bioensayos con el alga clorofita *P. subcapitata* y el cladóceros *D. magna*. Se identificaron 803 OTUS, identificando 194 familias y 216 géneros, relacionados a remoción y resistencia metales, degradación de compuestos orgánicos, remoción de compuestos nitrogenados, entre otros. La inoculación con consorcios microbianos demostró ser una excelente estrategia para mejorar la fitorremediación de metales presentes en aguas residuales.

TMB24

Identificación y caracterización de un cepario de bacterias endófitas de *Deschampsia antarctica*

Esteso, M.L.¹; Tassano, C.¹; Basile, C.¹; Thijs, S.³; Mac Cormack, W.^{1,2}; Ruberto, L.^{1,2}; Massot, F.^{1,2}

¹ Instituto de Nanobiotecnología (NANOBIOTEC, UBA-CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

² Instituto Antártico Argentino, Buenos Aires, Argentina.

³ Universidad de Hasselt, Hasselt, Bélgica.

marcos.esteso2@gmail.com

El uso de microorganismos promotores del crecimiento vegetal es una estrategia utilizada en numerosos campos de trabajo, entre los que se encuentra la fitorremediación asistida por microorganismos en climas polares. En este sentido, es fundamental encontrar nuevos microorganismos provenientes de estos ambientes para desarrollar procesos innovadores que atiendan las contaminaciones que ocurran en territorio antártico. En este trabajo se estudia un banco de 108 cepas bacterianas aisladas de la endosfera de ejemplares de la gramínea *Deschampsia antarctica* provenientes de Isla 25 de Mayo, ubicada al norte de la península antártica, durante la campaña antártica de verano 2023/2024. En primera instancia se llevó a cabo un análisis de redundancias mediante la técnica molecular colony BOX-PCR, la cual permitió eliminar un 28% de cepas redundantes. A continuación, con las 77 cepas únicas se realizaron ensayos de *screening* de características de promoción del crecimiento vegetal (producción de ácido indolacético, solubilización de fosfato, producción de sideróforos y fijación biológica de nitrógeno) y, por último, se realizó la identificación de las mismas por secuenciación del ADN ribosomal 16S usando un secuenciador Oxford Nanopore Technologies, de acuerdo al protocolo Ligation sequencing V14 - PCR barcoding. Los resultados obtenidos muestran un porcentaje de positividad para solubilización de fosfatos, producción de sideróforos y fijación biológica de nitrógeno de 15%, 49%, 34% y 5% respectivamente. La identificación entregó como familias más abundantes, Xanthobacteraceae, Shingomonadaceae y Shpingomonadaceae, entre otras. En base a un score de promoción de crecimiento generado a partir de los resultados positivos acumulados en la promoción de crecimiento vegetal e información bibliográfica del género, se seleccionaran microorganismos para plantear futuros ensayos de interacción planta-microorganismo para procesos de fitorremediación en *Deschampsia antarctica*.

TMB25**Cerdaza como materia precursora de biocarbón para la adsorción de antibióticos empleados en la industria porcina.**

Miranda-Valdés, J.R.¹; Marín-Cevada, V.¹; García-Díaz, E.²; Carreño López, R.¹; Alatorre Cruz, J.M.¹; Marín-Cevada, V.¹; García-Díaz, E.²; Carreño-López, R.¹; Alatorre-Cruz, J.M.¹

¹Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas. Instituto de Ciencias. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.

²Centro de Química. Instituto de Ciencias. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.

javier.miranda@alumno.buap.mx

La industria porcícola utiliza la mayor cantidad de antibióticos dentro del sector ganadero, de los cuales entre el 75 y 90% son excretados sin metabolizar y pueden permanecer en los biosólidos en concentraciones significativas ($>0.04 \text{ mg g}^{-1}$). La cerdaza, mezcla de rastrojo de maíz y estiércol porcino utilizada como fertilizante, puede contribuir a la contaminación ambiental y alterar la microbiota del suelo debido a la presencia de estos compuestos. El biocarbón, obtenido por pirólisis de material orgánico, posee propiedades de adsorción que podrían ayudar a retener antibióticos. Este trabajo tuvo como objetivo producir y caracterizar biocarbón a partir de cerdaza, y evaluar su capacidad para adsorber tres antibióticos de uso común y relevancia médica: enrofloxacin, lincomicina y oxitetraciclina. El biocarbón se produjo mediante pirólisis de cerdaza con activación física. Las propiedades texturales se caracterizaron mediante análisis de adsorción-desorción de nitrógeno y adsorción de azul de metileno, determinando así las áreas superficiales BET y Langmuir, respectivamente. La caracterización de química superficial incluyó el análisis de punto de carga cero (pH_{pzc}), la identificación de grupos funcionales y el análisis por espectroscopía infrarroja FT-IR. La capacidad de adsorción del biocarbón para enrofloxacin, lincomicina y tetraciclina se evaluó en sistemas mono-componente sólido-líquido (0.01 g mL^{-1}) a 23°C , cuantificando las concentraciones de equilibrio mediante HPLC. El biocarbón de cerdaza presentó baja porosidad, con áreas superficiales de $17.41 \text{ m}^2/\text{g}$ (BET) y $8.43 \text{ m}^2/\text{g}$ (Langmuir). A pesar de la ausencia de meso- y macroporos, el material mostró capacidad de adsorción, alcanzando más de 15 mg/g para enrofloxacin, 12 mg/g para lincomicina y 18 mg/g para oxitetraciclina. El biocarbón de cerdaza demostró capacidad para adsorber los tres antibióticos evaluados en concentraciones superiores a las reportadas en lagunas de lodos residuales, lo que sugiere su potencial como coadyuvante en la remoción de estos contaminantes. La oxitetraciclina se adsorbió principalmente en monocapa, mientras que la enrofloxacin y la lincomicina presentaron una adsorción multicapa, reflejando diferencias en los mecanismos de interacción con el material.

TMB26

Presencia de *Toxoplasma gondii* en material estabilizado de residuo porcino en granjas del partido de Tandil: impacto en Una Salud

Portela, G.R.¹; Mestelán, S.¹; Oliva, F.¹; Galbusera, M.²; Rivero, M.A.³; Moran, M.C.³; Codias, C.³; Gutiérrez, S.E.³; Rivero, G.¹; Estein, S.M.³

¹Facultad de Agronomía, Universidad Nacional del Centro de la Provincia. de Buenos Aires (UNCPBA), Azul, Buenos Aires, Argentina.

²Dpto. de Zoonosis Rurales de Azul, Azul, Buenos Aires, Argentina.

³Facultad de Cs. Veterinarias, UNCPBA. CIVETAN Tandil, Buenos Aires, Argentina.

gportela@azul.faa.unicen.edu.ar

El compostaje es una alternativa sostenible para la gestión de residuos, en granjas porcinas con manejo deficitario de los residuos sólidos, se ha reportado una seroprevalencia del 60% de toxoplasmosis. Los cerdos, otros animales y el hombre pueden infectarse con *Toxoplasma gondii* por la ingestión de ooquistes (formas de resistencia) eliminados al ambiente en la materia fecal de gatos infectados, o bien por el consumo de carne cruda/mal cocida conteniendo los quistes musculares. En el partido de Tandil, algunas granjas porcinas apilan el estiércol y el material de las camas para realizar compostaje. El objetivo de este trabajo fue evaluar la madurez e inocuidad del material estabilizado determinando el n° de coliformes fecales y, analizar la presencia y viabilidad de ooquistes de *T. gondii*. Además, se estudió la seropositividad a *T. gondii* en cerdos de esas producciones. Se tomaron muestras del material estabilizado en 3 establecimientos (A, B y C) en los cuales se realiza compostaje. El n° de c. fecales se determinó por número más probable (NMP). Para detectar la presencia de ooquistes se empleó la técnica de flotación y observación al microscopio. Se evaluó la viabilidad e infectividad de los ooquistes mediante un bioensayo en ratones. Se extrajeron muestras de sangre de 59 cerdos (A: n=8; B: n=15 y C: n=36). Los sueros se analizaron por ELISA *PrioCHECK™ Porcine Toxoplasma Ab Kit*. El NMP de c. fecales fue de < 1000/g en las muestras de los 3 establecimientos, cumpliendo con la normativa (SENASA). En A, el material recolectado presentó 2-4 ooquistes/campo; en B, se detectaron 5 ooquistes/campo y en C, sólo 2 ooquistes/campo, mientras que en suelo no se detectaron. Todos los ooquistes detectados fueron infectivos en ratones. No se detectaron cerdos seropositivos en A, sí en B (50%) y C (100%). Estos resultados ponen en evidencia un manejo deficitario de los residuos sólidos en las granjas que favorece la viabilidad de los ooquistes de *T. gondii*, tal vez por no alcanzar el tiempo y termofilia suficientes. La presencia de los ooquistes de *T. gondii* en el compost, que esporulan en condiciones favorables, constituye una fuente de contagio potencial y conlleva un riesgo sanitario para la salud pública asociado al uso del abono orgánico. A partir de la información generada se espera orientar a los productores en el manejo eficiente de los residuos y en la mejora del proceso de compostaje.

TMB27

Estudio de la capacidad de un consorcio de actinomicetotas para remover atrazina de diferentes matrices. Detección de genes asociados a la degradación del herbicida.

Bazán, L.A.¹; Pisa, J.H.^{1,2}; Cuozzo, S.A..^{1,3}; Benimeli, C.S..^{1,4}; Fuentes, M.S.¹

¹ Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI-CONICET), SM de Tucumán, Tucumán, Argentina.

² Universidad de San Pablo, San Pablo, Tucumán, Argentina.

³ FCNs e IML, Universidad Nacional de Tucumán, SM de Tucumán, Tucumán, Argentina.

⁴ FACEN, Universidad Nacional de Catamarca, SF del Valle de Catamarca, Catamarca, Argentina.

lucasarielbz@gmail.com

La atrazina (ATZ) es una triazina estable, usada mundialmente para combatir gramíneas y malezas. Está presente en agua, suelo y sedimento, y es capaz de generar efectos subletales en vertebrados e invertebrados, incluso en concentraciones inferiores a las permitidas. Por ello, es importante desarrollar herramientas ecoamigables capaces de sanear matrices impactadas con ATZ. En base a lo expuesto, el objetivo del trabajo fue evaluar la capacidad de un consorcio de actinomicetotas para remover ATZ de sistemas líquidos y suelos, determinar la fitotoxicidad de los sistemas resultantes y la presencia de genes asociados a la degradación del herbicida. Para ello, se trabajó con sistemas líquidos (30 mL de medio mínimo) y microcosmos de suelo (200 g), contaminados con 50 mg L⁻¹ de ATZ e inoculados con 2 g L⁻¹ o 2 g Kg⁻¹ del consorcio C (*Streptomyces* sp. A2-A5-A11-M7), durante 7 o 28 días, según corresponda. Los ensayos se realizaron por triplicado y se determinó crecimiento microbiano, ATZ residual (μ ECD-GC) y fitotoxicidad (semillas de tomate y trigo). También se realizaron extracciones de ADN genómico y reacciones de PCR con cebadores específicos. En sistemas líquidos con ATZ, el crecimiento de C fue menor y estadísticamente diferente ($p < 0,05$) al de sistemas inoculados sin contaminar. La remoción de ATZ detectada fue 74 %. En suelo no estéril (SNE) contaminado e inoculado, el crecimiento microbiano fue menor y estadísticamente diferente ($p < 0,05$) al de sistemas contaminados o no, sin inocular, al final del ensayo. La remoción de ATZ fue 28 %. Al evaluar fitotoxicidad en sistemas líquidos, el tomate fue el biomarcador más sensible, presentando un índice de vigor (IV) superior en sistemas contaminados e inoculados (30,4), en relación al de sistemas contaminados sin inocular (11,5). En SNE, ambos biomarcadores resultaron sensibles. Los mayores valores de IV se detectaron para SNE (39,6) y SNE+ATZ (188,8), y los menores para SNE+ATZ+C (11,3) y SN (104,2), en tomate y trigo, respectivamente. Al evaluar la presencia de genes asociados al catabolismo de ATZ, se detectaron *trzN*, *atzD*, *atzE* y *atzF*. Todas las cepas de C presentaron al menos dos de los genes mencionados. Los resultados demuestran la capacidad del consorcio C para remover ATZ de diferentes matrices, y la complementariedad de sus miembros, que en conjunto poseen distintos genes asociados a la vía de degradación de ATZ.

TMB29

Sustainable valorization of brewery wastewater: microalgae cultivation and effluent remediation

Salaün, G.¹; Mendiando, M.²; Areco, M.M.^{1;3}

¹ IIIA-UNSAM-CONICET, Instituto de Investigación e Ingeniería Ambiental, Escuela de Hábitat y Sostenibilidad (EHyS), Universidad Nacional de San Martín (UNSAM), Campus Miguelete, 25 de mayo y Francia, 1650-San Martín, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

² School of Biosciences, Division of Plant and Crop Sciences, The University of Nottingham, Leicestershire LE12 5RD, UK.

³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Godoy Cruz 2290 CP (1033), Buenos Aires, Argentina.

marareco@gmail.com

Microalgae have been increasingly studied for various purposes. Among these, metabolite production, therapeutic supplements, and biofertilizers can be cited. However, before addressing the cost-effectiveness of harvesting and processing microalgae, culture them can also be costly and energy-consuming since the usual media require fresh water and nutrient supplementation. Recently, the concept of a circular economy has been applied to microalgae cultivation, in which industrial effluents are increasingly being explored as alternative culture medium, enabling simultaneous biomass production and wastewater remediation. The aim of this study is to produce microalgae from brewery effluents and to study their remediation potential. In this circular approach, *Parachlorella kessleri* was cultivated in different dilutions of a must: 50:50, 75:25, and 100:0 (v/v, must water), to assess its performance across a gradient of nutrient-rich conditions; and in BBM (control). The growth kinetics were evaluated, as well as the chemical composition (pH, TOC, N-NH₄⁺ and turbidity) of the initial and final must. Microalgae did not grow when cultured in 100% must. However, at 75:25 and 50:50 dilutions, the growth specific rate (μ) and biomass productivity were much higher (2,46E-1 day⁻¹, 2,09E+5 cells mL⁻¹ day⁻¹, and 2,41E-1 day⁻¹, 2,33E+5 cells mL⁻¹ day⁻¹, respectively), compared with the control growth in BBM (1,19E-1 day⁻¹ and 7,55E+4 cells mL⁻¹ day⁻¹). The 75:25 dilution was the best dilution rate as it balances the use of fresh water and biomass productivity. Even though the turbidity of the must increase at the end of the experiments due to the presence of microalgae biomass, its nutrient load decreased, as indicated by the total N-NH₄⁺ consumption and a 50% drop in TOC concentration. The results demonstrate that must can be used as a culture medium for cultivating microalgae. It greatly increases the growth rate and productivity of biomass while reducing the contamination load of the effluent. In prospects, both the treated must and the resulting biomass will be tested together as a biofertilizer. This combination may have a synergetic effect, though each also has the potential for independent use in conventional agricultural applications.

TMB30

Bioaumentación en camas biológicas como estrategia de remoción de pesticidas persistentes

Luna, V.¹; Zacarías, S.M.²; Lescano, M.R.¹

¹Instituto de Desarrollo Tecnológico para la Industria Química, INTEC, Predio CONICET Santa Fe "Dr. Alberto Cassano", Ruta Nacional 168, km. 0 – Paraje "El Pozo", (3000), Santa Fe (Argentina)

²Instituto de Investigación y Desarrollo en Bioingeniería y Bioinformática, IBB, CONICET-UNER, Ruta provincial 11, km 10, Oro Verde (3100), Entre Ríos (Argentina).

mailescano@gmail.com

El aumento de la actividad agrícola ha intensificado el uso de pesticidas como atrazina, imidacloprid y tiametoxam, generando contaminación de suelos y aguas. Aunque algunos de estos compuestos están prohibidos en varios países, su aplicación sigue siendo extendida. Las camas biológicas, que degradan contaminantes mediante microorganismos en biomezclas de residuos lignocelulósicos y suelo, constituyen una tecnología eficaz y económica para remover pesticidas. En este estudio se evaluó la bioaumentación como estrategia para optimizar la remoción de estos pesticidas persistentes en camas construidas con residuos agrícolas locales. Se usaron biomezclas de cáscaras de maní (CM) y cascarilla de soja (CS) combinadas con suelo agrícola expuesto a atrazina (S), en proporciones 50:50 (CM+S y CS+S). La bioaumentación se realizó con consorcios bacterianos (BB) y fúngicos (BH) aislados de las mismas biomezclas, adaptados a altas concentraciones de pesticidas (atrazina, tiametoxam e imidacloprid). Tras 30 días de cultivo en medio mineral con pesticidas como única fuente de carbono y nitrógeno, se obtuvieron poblaciones de bacterias (9×10^7 UFC/mL) y hongos (2.6×10^5 UFC/mL) las cuales se usaron para inocular biomezclas contaminadas con 10 mg/kg de cada pesticida, simulando un derrame accidental. La degradación se monitoreó durante 60 días mediante HPLC-DAD junto con análisis microbiológicos (recuento en placa), biológicos (respirometría- CO_2 y actividad enzimática) y de fitotoxicidad. El inóculo bacteriano mejoró la degradación de atrazina, destacándose CS+S (BB) con la mayor tasa. Todas lograron un 100% de remoción de atrazina en 45 días. Para tiametoxam, la cama biológica CS+S (BB) logró la mayor remoción (73,3% en 60 días). Para imidacloprid los valores de remoción fueron menores al 50% en todos los casos. Al final se identificaron las bacterias presentes en las biomezclas de mayor rendimiento mediante MALDI-TOF, revelando predominio de *Bacillus*, especialmente *B. subtilis*. Las pruebas de fitotoxicidad confirmaron la inocuidad de las mezclas más eficientes, reforzando su potencial como tecnología segura. Estos resultados subrayan el valor de la bioaumentación con microorganismos locales y del uso de residuos agrícolas en camas biológicas destacando la importancia de la selección y compatibilidad de cepas para maximizar la remoción de pesticidas en diferentes contextos agrícolas.

TMB31**Efecto de distintas fuentes de carbono sobre la remoción de compuestos nitrogenados en sistemas biofloc para el cultivo intensivo de tilapias del Nilo (*Oreochromis niloticus*)**Vargas, J.J..¹; Cerdán, D..¹; Salomón, R..²; Rompato, K.³¹FRN Universidad Nacional de Formosa, Formosa, Argentina²Universidad San Carlos (USC), Departamento de Zootecnia, Asunción, Paraguay.³LIMA – FCS y FRN Universidad Nacional de Formosa, Formosa, Argentinakarinarompato@gmail.com

La intensificación de la acuicultura exige el desarrollo de sistemas sostenibles que minimicen la carga ambiental sin comprometer la productividad. En este contexto, el sistema biofloc (BFT, por sus siglas en inglés: *biofloc technology*) representa una estrategia microbiológica innovadora que promueve el reciclaje de nutrientes y mejora la calidad del agua a través de comunidades microbianas capaces de transformar compuestos nitrogenados tóxicos, mejorando así la calidad del agua en sistemas de cultivo intensivo. Se evaluó el efecto de tres fuentes de carbono: sacarosa (S), citrato (C) y acetato de sodio (A) sobre la formación de biofloc y su eficacia para reducir amonio (NH_4^+) y nitrito (NO_2^-) en sistemas de cultivo de tilapia del Nilo (*Oreochromis niloticus*). El ensayo se estructuró en cuatro fases secuenciales bajo condiciones controladas: i) estabilización del biofloc, ii) adherencia microbiana sobre soportes inertes, iii) pruebas de remoción de NH_4^+ y NO_2^- en biorreactores, y iv) validación del sistema en acuarios experimentales con tilapias juveniles. Los tratamientos experimentales consistieron en tres fuentes de carbono aplicadas en nueve biorreactores (tres réplicas por tratamiento). Se monitorearon parámetros fisicoquímicos clave (temperatura, oxígeno disuelto, pH, concentración de NH_4^+ , NO_2^- y sólidos sedimentables) y se ajustó semanalmente la relación C/N a 20:1. La actividad microbiana se evaluó mediante cultivos en medios selectivos específicos para bacterias nitrificantes y pruebas funcionales de remoción de compuestos nitrogenados, complementadas con seguimiento en acuarios experimentales. Se observaron diferencias significativas ($p < 0,05$) entre tratamientos en cuanto a la eficiencia de remoción de compuestos nitrogenados. El C promovió la formación de comunidades microbianas con mayor eficiencia en la remoción simultánea de NH_4^+ y NO_2^- , a niveles inferiores a 3 mg/L y 0,1 mg/L, respectivamente, en un periodo de 48 horas. La S presentó estabilidad en los parámetros fisicoquímicos, aunque mostró menor eficacia bajo condiciones de elevada carga nitrogenada. En contraste, el tratamiento con A evidenció una alta variabilidad en su desempeño. Todos los tratamientos mantuvieron niveles adecuados de oxígeno (5.85 a 8.2 ppm) y pH (5.8 y 8.4), registrándose una supervivencia del 100 % en tilapias juveniles durante la fase final del ensayo. El estudio concluye que la elección de la fuente de carbono influye significativamente en la composición funcional de las comunidades microbianas y en la eficiencia del sistema BFT para la remoción de compuestos nitrogenados. El citrato de sodio demostró ser la fuente más eficaz, promoviendo una mayor tasa de remoción de NH_4^+ y NO_2^- . Estos hallazgos respaldan el uso estratégico del BFT como herramienta microbiológica integrada, con potencial para mejorar la

eficiencia productiva, reducir la carga nitrogenada y fortalecer la sostenibilidad de los sistemas acuícolas sin recambio de agua.

TMB32

Uso de bioinsumos comerciales como estrategia para aumentar la tolerancia a estrés salino en plantas de frutilla

Benítez, D.A.^{1,3}; Jimenez, P.^{2,3}; Grignola, J.²; Furio, R.N.^{2,4}; Kirschbaum, D.S.^{2,3}; Salazar, S.M.^{2,3}

¹ CERGEN SRL®. Hurlingham, Buenos Aires. Argentina.

² Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, INTA. Famaillá, Tucumán. Argentina.

³ Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria, UNT. SM de Tucumán, Tucumán. Argentina.

⁴ CONICET, CCT NOA SUR, SM DE Tucumán, Tucumán. Argentina.

ingenierodiegb@gmail.com

El uso responsable de productos comerciales en la agricultura contribuye a mejorar la productividad y a promover prácticas más sostenibles, reduciendo el impacto ambiental y optimizando el uso de recursos. En el presente trabajo nos propusimos evaluar el uso de diferentes productos comerciales con el objetivo de mitigar los daños ocasionados por la salinidad en plantas de frutilla (*Fragaria ananassa* cv. Benicia). Para ello, plantas de 14 semanas de edad fueron sometidas a distintos tratamientos: (T1) AZOSNITRO®, (T2) NOCTIN TRICHO-GEN®, (T3) CERDANA-D®, (T4) BIOCLUCONOGEN®, (T5) BIOINTELLIGENT® y plantas control. Para ello, al cabo de 7 dpt se comenzó a realizar el riego de las plantas de frutilla con NaCl 100 mM cada 3 días. A los 40 días post-tratamientos se tomaron seis plantas/tratamiento y se analizaron las siguientes variables: índice de verdor (spad; SPAD Minolta 502), longitud aérea y radicular (cm), área foliar (cm²; Image J), superficie radicular (mg Ca(NO₃)₂, diámetro de corona (mm), contenido relativo de agua (%; mediante la determinación de pesos turgentes, frescos y secos de las hojas), peso seco de raíz y partes aéreas (g; en estufa a 60°C hasta peso constante). Observándose diferencias significativas en varios parámetros morfológicos en comparación con plantas control, no tratadas y sometidas a estrés. El peso fresco de las raíces fue mayor en respuesta a los tratamientos T1 y T4. Al evaluar el peso seco, el tratamiento T2 promovió un mayor peso seco de la parte aérea, mientras que T5 incrementó el peso seco radicular. Respecto a la longitud de las plantas, T1 y T3 indujeron un aumento en la longitud aérea, mientras que T2 y T3 lo hicieron en la longitud radicular. El diámetro de la corona sólo se incrementó en las plantas tratadas con T4, mientras que la superficie radicular fue mayor en aquellas tratadas con T1. El tratamiento con T1 también se destacó por inducir en las plantas un mayor número de hojas, mientras que T1 y T5 también dieron lugar a plantas con mayor área foliar. Por último, se observó que los tratamientos T1, T4 y T5 indujeron una menor producción de frutos en comparación con las plantas control sometidas a estrés. Estos resultados nos permiten comprobar que el tratamiento con bioinsumos comerciales produce mejora en varios parámetros morfofisiológicos de plantas de frutilla, confiriéndoles mayor tolerancia al estrés salino, por lo que su incorporación como herramientas biotecnológicas en el manejo agronómico podría contribuir a mitigar las pérdidas asociadas a la salinidad, favoreciendo una agricultura más resiliente y eficiente.

TMB33**Optimización del proceso de producción de biosurfactantes por *Pseudomonas* sp. AgHC**

Liporace, F.A.¹; Conde Molina, D.¹; Quevedo, C.V.^{1,2}

¹Grupo de Biotecnología y Nanotecnología Aplicada – Facultad Regional Delta (UTN). Campana, Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Godoy Cruz 2290, C1425FQB, CABA, República Argentina.

fliporace@frd.utn.edu.ar

Los biosurfactantes son metabolitos secundarios producidos por diversos microorganismos, con propiedades tensoactivas y emulsificantes. Se destacan por ser biodegradables, menos tóxicos que sus equivalentes sintéticos y efectivos en amplios rangos de temperatura, pH y salinidad. Estas cualidades los hacen atractivos para aplicaciones en sectores como la farmacéutica, la industria alimentaria, la cosmética y la biorremediación ambiental. No obstante, su producción a escala industrial enfrenta limitaciones, principalmente por los altos costos del medio de cultivo y las exigencias operativas del proceso. Para superar estas limitaciones y hacer viable la producción de biosurfactantes a escala industrial, es clave aplicar estrategias de optimización que aumenten el rendimiento del bioproceso. Uno de los aspectos más determinantes es el equilibrio entre los macronutrientes esenciales —carbono, nitrógeno y fósforo—, ya que su disponibilidad impacta directamente en el metabolismo celular y en la síntesis del biosurfactante. En el presente estudio se optimizó la producción de biosurfactantes por *Pseudomonas* sp. AgHC utilizando metodología de superficie de respuesta (RSM). Primero se evaluó el efecto combinado de la temperatura y la concentración de glicerol, y luego la influencia de las fuentes de nitrógeno (NaNO_3) y fósforo (KH_2PO_4), en proporción relativa al carbono. Se aplicaron diseños centrales compuestos que generaron modelos cuadráticos validados por ANOVA, con buen ajuste predictivo ($R^2 > 70\%$). A escala Erlenmeyer, se obtuvo una concentración máxima de 2,21 g/l de biosurfactante bajo condiciones centrales (25 °C y 7,5 % v/v de glicerol). La combinación óptima determinada por RSM fue 26,9 °C, 7,6 % v/v de glicerol, 6,825 g/l de NaNO_3 y 0,342 g/l de KH_2PO_4 , alcanzando 1,55 g/l. La validación en biorreactor de 2 l confirmó la capacidad de la cepa para crecer y sintetizar el biosurfactante bajo estas condiciones, con formación de espuma como indicador de actividad superficial. Se observó además que concentraciones elevadas de nitrógeno inhibieron tanto el crecimiento como la producción del compuesto. De esta manera, los resultados evidencian una estrecha relación entre el crecimiento celular y la biosíntesis del biosurfactante. La capacidad de *Pseudomonas* sp. AgHC para producir eficientemente estos tensioactivos bajo condiciones definidas, la convierte en una herramienta biotecnológica sólida para el desarrollo de procesos sustentables. Su potencial se extiende a aplicaciones en biorremediación, limpieza industrial y otros sectores donde se requieren agentes tensioactivos ecológicos y efectivos.

TMB34**Efecto del recubrimiento de semillas de *Secale cereale* L. con almidón y Cianobacterias, sobre la estructura y contenido de N en el crecimiento inicial de plántulas**

Bacha, E.F.¹; Lambrese, Y.S.^{1,2}; Lorenzo, S.¹; Olguin, M.¹; Gaitán, E.¹; Zitnik, D.¹; Goicoa, V.I.^{1,2}; Fernández Belmonte, C.¹

¹FICA – UNSL. ²INTI San Luis. Villa Mercedes, San Luis, Argentina.

efbacha@gmail.com

Las Cianobacterias se destacan como microorganismos promotores de crecimiento, mientras que los biopolímeros pueden actuar como soporte para generar la adhesión de recubrimientos en semillas. Esta combinación resultaría promisorio en ambientes con limitaciones, incrementando gradualmente su productividad desde tecnologías sustentables y simples. El centeno -*Secale cereale* L.- es uno de los cultivos forrajeros de mayor adaptación en ambientes semiáridos, por lo que se determinaron características estructurales y contenido de nitrógeno de plántulas de *S. cereale* L. durante el inicio de su crecimiento, para evaluar el efecto del recubrimiento de semillas con almidón y Cianobacterias (solas o combinadas). Se llevó a cabo un diseño aleatorizado en macetas, en condiciones controladas de luminosidad (12 h) y temperatura (24° C), con riego eventual y registro de variables cada 10 días en el primer mes de crecimiento, desde semilla recubiertas y un testigo -T-. La estructura se determinó mediante altura distal HD, número de hojas NH y macollaje, y el estado nutricional con el índice de clorofila -IC- utilizando un medidor SPAD 502. La altura presentó diferencias entre tratamientos sólo en la primera medición, siendo estadísticamente muy significativas y menores ($p < 0.05$) en los tratamientos con Cianobacterias respecto al testigo, mientras que las tratadas sólo con almidón ocupó una posición intermedia sin diferenciarse de ambos ($p > 0.05$). En fechas sucesivas no se registraron diferencias entre tratamientos, aunque se observa una tendencia a igualarse al día 20 y al mes aproximadamente las plantas provenientes de semillas recubiertas resultaron un 10% más altas. En cuanto a estructuras foliares, no se detectaron diferencias significativas en NH y macollaje ($p > 0.05$, mediana: 6 hojas, 1 a 2 macollos). El índice de verdor presentó diferencias significativas entre los distintos grupos, resultando superior en presencia de Cianobacterias para la primera semana. Posteriormente, no se diferenciaron estadísticamente ($p > 0.05$) aunque mostraron variaciones destacadas: mientras las T disminuyeron gradualmente, con recubrimientos hubo un descenso, pero al mes se elevó. El recubrimiento de semillas tendió a incrementar IC en 13% sólo con Cianobacterias, y 6% en presencia de almidón, posiblemente debido a una dilución del N como consecuencia de la elongación foliar desde los 20 días en las plántulas, manteniendo la cantidad de órganos vegetativos generados. Los recubrimientos utilizados presentaron un efecto promisorio en la altura y condición nutricional al mes de crecimiento, siendo necesario continuar con su evaluación.

TMB35

Influencia del recubrimiento de semillas de centeno con almidón y Cianobacterias sobre la emergencia de plántulas y partición de biomasa

Lorenzo, S.¹; Bacha, E.F.¹; Lambrese, Y.S.^{1,2}; Olguin, M.¹; Gaitán, E.¹; Zitnik, D.¹; Goicoa, V.I.^{1,2}; Fernández Belmonte, C.¹

¹FICA – UNSL. ²INTI San Luis. Villa Mercedes, San Luis, Argentina

efbacha@gmail.com

Las Cianobacterias son microorganismos con numerosos beneficios tanto sobre las condiciones edáficas como en la germinación de distintas especies cultivadas. Poseen la capacidad de secretar metabolitos promotores de crecimiento y protegen la clorofila de la oxidación, interviniendo en la captación de nutrientes, actividad fotosintética e induciendo respuestas protectoras reguladas por fitohormonas. El almidón es un polisacárido vegetal con propiedades adhesivas y filmógenas que mejora la adherencia de recubrimientos en semillas. *Secale cereale* L., centeno, es una gramínea anual de relevancia en ambientes semiáridos, utilizado como cultivo forrajero y de cobertura dada su rusticidad productiva. Con el objetivo de evaluar la influencia de recubrimientos de Cianobacterias y almidón en semillas de centeno, se evaluó la emergencia de plántulas en sustrato celulósico y tierra, y la biomasa vegetativa producida por las plantas resultantes. Se llevó a cabo un diseño aleatorizado, en condiciones controladas de temperatura y humedad, donde se determinó la energía germinativa -%EG- y Poder germinativo -%PG-, de semillas recubiertas con Cianobacterias y almidón (solos o combinados) y un testigo sin recubrir. Los conteos respectivos se realizaron siguiendo las normas ISTA, con sustrato 100% papel de celulosa (bandejas), y se validó la determinación en tierra (macetas). Transcurridos 50 días, se separó manualmente la fracción aérea de la subterránea previamente lavada, valorando el peso total (g) y %MS de las fracciones. EG y PG en bandejas no mostraron diferencias significativas ($p < 0.10$) con los tratamientos, mientras que sembradas en tierra se diferencia la utilización de almidón respecto a las demás ($p < 0.10$): el almidón solo disminuye la cantidad de plántulas emergidas en los dos momentos de conteo, y en combinación con Cianobacterias estimula una mayor emergencia de plántulas. Por su parte, la utilización de Cianobacterias no se diferencia del testigo. La acumulación de biomasa total en planta en dicho periodo de evaluación, no presento diferencias significativas ($p < 0.10$) con los distintos recubrimientos, aunque fueron un 42% mayores con cualquiera de estos. Respecto a la partición de biomasa, la inoculación con Cianobacterias solas aumenta ($p < 0.10$) la proporción de crecimiento aéreo en detrimento de la fracción radicular. Esta respuesta posiblemente sea por la intervención de los microorganismos sobre la fijación de N y consecuentemente una estimulación del crecimiento aéreo. Esta experiencia exploratoria señala la influencia de los recubrimientos utilizados, que amerita continuar con su evaluación.

Otras temáticas de la microbiología agrícola y ambiental

OT1**Influencia de la hifósfera micorrícica arbuscular en la descomposición de hojarasca y emisiones de CO₂**

Patiño, E.M.¹; Utge Perri, S.Y.^{1,2}; Crescio, S.^{1,3}; Fernández Valerga, M.V.^{1,2}; Schilman, P.E.^{1,2}; Calzada, P.¹; Colombo, R.P.^{1,2}; Godeas, A.M.^{1,2}; Silvani, V.A.^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Buenos Aires, Argentina.

²CONICET – Universidad de Buenos Aires, Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada (IBBEA), Buenos Aires, Argentina

³Instituto Andino Patagónico de Tecnologías Biológicas y Geoambientales, CONICET-UNComahue, San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina.

estebanpati03@gmail.com

La reducción de emisiones de CO₂ y la retención de materia orgánica en el suelo (MOS) son estrategias claves para mitigar el cambio climático. La descomposición de la hojarasca, impulsada principalmente por microorganismos del suelo, contribuye a la liberación de CO₂ y a la formación de MOS. Los hongos micorrícicos arbusculares (HMA) pueden colonizar la hojarasca y modular estos procesos. Sin embargo, los mecanismos implicados son poco conocidos. Se evaluó la influencia de la hifósfera de *Rhizophagus intraradices* sobre la descomposición de la hojarasca de *Fraxinus pennsylvanica* con relación C:N alta (F1) y baja (F2), las emisiones de CO₂ usando un respirómetro, la acumulación de MOS por ignición, y la abundancia microbiana por método de dilución en placa, en un experimento controlado en mesocosmo por 4 meses. Este consistió en contenedores con sustrato estéril, *Medicago sativa* como planta hospedante de HMA, y bolsitas de descomposición conteniendo la hojarasca. Se realizaron los tratamientos control pertinentes (sin inóculo de HMA y sin hojarasca, n=4). La hojarasca F2 colonizada por HMA presentó bajas emisiones de CO₂ (44.3 ± 5.9 µl seco g h⁻¹), menor abundancia bacteriana, y un leve incremento en la descomposición y en MOS. En cambio, F2 sin HMA registró altas tasas de respiración (63.5 ± 12.7 µl seco g h⁻¹) y una mayor abundancia microbiana. Asimismo, la hojarasca F1 colonizada por HMA se descompuso en menor medida, detectando menor abundancia bacteriana y respiración (35.5 ± 10.6 µl seco g h⁻¹), probablemente por tratarse de material recalcitrante. Estos resultados sugieren que la hifósfera de HMA puede modular la descomposición y reducir la liberación de CO₂ al influir en las comunidades microbianas especializadas, particularmente durante las primeras etapas de descomposición de la hojarasca.

OT2**Application of *Lacticaseibacillus paracasei* subsp. *Paracasei* CRL 207 in solid-state fermentation of plant proteins for nutritional and sustainable improvement**Pezuk, A.P.^{1,2,3}; Gasparre, N.^{2,3}; Zárate, G.¹; Rosell, C.^{2,3,4}; Garro, M.S.¹¹Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA)-CONICET-FECIC-FML, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.²Department of Food and Human Nutritional Sciences, University of Manitoba, Winnipeg, Manitoba, Canada.³Richardson Centre for Food Technology and Research, University of Manitoba, Winnipeg, Canada.⁴Institute of Agrochemistry and Food Technology (IATA-CSIC), Paterna, Valencia, Spain.mgarro@cerela.org.ar

Lactic acid bacteria (LAB) are key tools in microbial biotechnology applied to sustainable food systems due to their ability to transform and valorize plant-based matrices. In this study, the growth performance of *Lacticaseibacillus paracasei* subsp. *Paracasei* CRL 207 in pea protein concentrate (PPC) was evaluated, along with microbiological and nutritional changes induced by solid-state fermentation (SSF). PPC:water mixtures (1:1) were prepared and subjected to three conditions: a non-fermented sample (NF) used as a control, a spontaneously fermented sample (SF), and a controlled fermentation (CF) sample inoculated with strain CRL 207 (10^7 CFU/g) and incubated at 37 °C for 24 h. The following parameters were assessed: pH, titratable acidity, microbial counts (LAB and yeasts), protein hydrolysis, in vitro digestibility, and proximate composition (soluble protein, lipids, and ash). Fermentation led to an increase in titratable acidity from 2.7 mL NaOH/g sample (NF) to 6.7 (SF) and 12.2 (CF), accompanied by a decrease in pH. The CRL 207 strain exhibited strong adaptability to the substrate, reaching counts above 10 log CFU/g. Yeasts developed in both fermented conditions, with populations of 3.2 log CFU/g in SF and 7.0 log CFU/g in CF. Protein hydrolysis reached 11.1%, 5.3%, and 4.2% in CF, SF, and NF, respectively. In vitro digestibility significantly improved from 75.5% (NF) to 83.3% (CF). Soluble protein content increased from 65.3 mg/g (NF) to 80.8 mg/g (CF), confirming the proteolytic effect of fermentation and improved protein bioaccessibility. CF samples also showed a higher lipid content (2.3%) compared to NF, while ash content remained unchanged. Overall, these findings highlight the potential of LAB to grow in plant-based substrates and improve their nutritional profile, supporting SSF as a sustainable biotechnological strategy for developing functional ingredients in line with the principles of the circular bioeconomy.

OT3**Evaluación de distintas herramientas bioinformáticas para el ensamble del genoma de *Streptomyces rimosus* ED65**

Olivares-Terrones, R.A.¹; Quiñones-Aguilar E.E.¹, Muñoz-Miranda, L.A.²; Figueroa-Yáñez, L.J.²; Siri-Tomás, M.I.³; Solís-Sánchez, G.A.¹; Santana-Rentería, V.C.¹; Rincón-Enríquez, G.¹

¹Laboratorio de Fitopatología, Unidad de Biotecnología Vegetal, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Zapopan, Jalisco, México.

²Unidad de Biotecnología Industrial, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Zapopan, Jalisco, México.

³Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

ruolivares_al@ciatej.edu.mx

La cepa ED65 de *S. rimosus*, aislada de un suelo agrícola de Tzintzio, Michoacán, México, en la sierra madre occidental, ha mostrado capacidad para inhibir el desarrollo de una amplia variedad de bacterias fitopatógenas, para comprender los mecanismos involucrados en su capacidad antimicrobiana y potencial para el control biológico de patógenos es de gran utilidad obtener su secuencia genómica con una alta calidad. Por esto el objetivo de este trabajo fue evaluar distintos métodos para ensamblar el genoma de ED65 con las lecturas obtenidas con la tecnología de Illumina (lecturas cortas) y de Oxford NanoPore (ONT, lecturas largas). Después de limpiar las lecturas se ensambló el genoma usando solo las lecturas cortas de Illumina con SPAdes, solo las lecturas largas de ONT con flye y Unicycler, y con ensambles híbridos usando SPAdes y Unicycler. Se evaluó la calidad mediante parámetros estadísticos con QUAST y biológicos con BUSCO. El ensamble con menor calidad en los parámetros estadísticos fue el obtenido únicamente con las lecturas cortas con SPAdes, con 151 contigs, N50 de 106,660, 9 genes marcadores de BUSCO (BUSCOs) fragmentados y 4 faltantes. El ensamble de Flye con las lecturas ONT generó dos contigs de 9274266 y 130827 pb y al analizar el grafo se apreció que la región de menor tamaño correspondió con los telómeros y ningún plásmido, también se identificaron 8 BUSCOs fragmentados y 5 faltantes. El ensamble obtenido por Unicycler con lecturas ONT tuvo la mayor longitud total (9477289 pb), 12 contigs y N50 de 2371667, pero tuvo las peores estadísticas biológicas con 9 BUSCOs fragmentados y 10 faltantes. De los ensambles híbridos el de SPAdes tuvo 20 contigs y N50 de 660049, mientras que los de Unicycler fueron 9 y 2309530, ambos con 7 BUSCOs fragmentados y 4 faltantes. El ensamble de mejor calidad en los parámetros estadísticos fue el que se obtuvo con flye, pero se perdió una parte de la información generada que los otros se pudo recuperar con otros ensambles en especial los híbridos, es por esto que es recomendable combinar el uso de diferentes herramientas bioinformáticas para resolver genomas que permiten llegar a conclusiones con relevancia biológica y que impactan en tecnología biotecnológica.

OT4

Alternaria y Fusarium en cebada cervecera cultivada en Argentina

Manno, C.¹; Poo, J.I.²; Castañares, E.¹; Stengelin, S.A.¹

¹ Instituto de Biología Funcional y Biotecnología. Facultad de Agronomía, UNCPBA. Azul, Buenos Aires, Argentina.

² Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible, INTA. Balcarce, Buenos Aires, Argentina.

caromanno1997@gmail.com

Alternaria y *Fusarium* son patógenos fúngicos que afectan el cultivo de cebada y tienen la capacidad de producir micotoxinas dañinas para la salud humana y animal que pueden ser transferidas a la malta y la cerveza. El objetivo de este trabajo fue evaluar la incidencia de *Alternaria*, *Fusarium* y sus micotoxinas en granos de cebada cervecera de las principales regiones productoras de Argentina durante las campañas 2020 y 2021, así como su relación con las condiciones climáticas. Se obtuvieron datos de temperatura media, humedad relativa y precipitaciones acumuladas para las localidades analizadas. Se aislaron e identificaron morfológica y molecularmente cultivos monospóricos de *Alternaria* y *Fusarium* a partir de 100 granos de cada muestra y se cuantificaron micotoxinas a partir de 25 g mediante UHPLC-MS/MS. La incidencia de *Alternaria* spp. excedió la de *Fusarium* spp. en todas las muestras de cebada. El género *Alternaria* se encontró en el 100 % de las muestras infectando entre el 18 y 84 % de los granos, sin diferir entre campañas. *Fusarium* se encontró en el 52 % de las muestras del 2020 y en el 92 % del 2021, con una incidencia que varió entre 1 y 8 %. *A. tenuissima* sp.-grp. fue la especie de mayor incidencia (promedio de 37,3 %), seguida de *A. infectoria* sp.-grp. (15,2 %), *A. alternata* sp.-grp. (4,5 %), *A. arborescens* sp.-grp. (3 %), *F. proliferatum* (2,8 %), *F. incarnatum-equiseti* (2,1 %), *F. poae* (1,6 %), *F. graminearum* s.s. (1,4 %), *F. cerealis*, *F. sporotrichioides*, *F. acuminatum*, *F. tricinctum*, *F. chlamydosporum*, *F. verticillioides* y *F. subglutinans* (1 %). Se observó una influencia de la temperatura media sobre la incidencia de *A. tenuissima* sp.-grp. ($r = 0,82$; $p < 0,05$) y *A. infectoria* sp.-grp. ($r = -0,64$; $p < 0,05$), pero no se observaron correlaciones estadísticamente significativas entre las variables climáticas evaluadas y la incidencia de *Fusarium* spp. Se detectaron micotoxinas producidas por el género *Fusarium* en el 94 % de las muestras. DON fue detectada en el 88 % de las muestras con una concentración promedio de 35,5 ppb y NIV en el 22 % con una concentración promedio de 97,2 ppb. Además se detectaron las toxinas 3-DON, 15-DON, DAS, T2, FUM B1 y B2. Por otra parte, entre las toxinas producidas por el género *Alternaria*, solo se detectó AME en el 8 % de las muestras, con una concentración promedio de 1,5 ppb. Los resultados obtenidos alertan sobre la necesidad de establecer medidas de manejo, seguimiento y control para asegurar la inocuidad alimentaria y evitar daños en la salud del consumidor.

OT5**Beneficios de integrar cultivos de servicio para potenciar las actividades enzimáticas del suelo**

Ducci, A.^{1,2}; Abán, C.L.^{1,2}; Verdenelli, R.⁴; Sabaté, D.^{1,2,3}; Vargas-Gil, S.³; Acreche, M.^{1,2}; Meriles, J.M.⁴ y Pérez-Brandan, C.^{1,2,3}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Salta, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA Salta. Cerrillos, Salta, Argentina.

³Universidad Nacional de Salta. Facultad de Ingeniería. Salta, Argentina.

⁴Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, Universidad Nacional de Córdoba, CONICET. Córdoba, Argentina.

⁵Instituto de Patología Vegetal (IPAVE), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), INTA. Córdoba, Argentina.

perez.carolina@inta.gob.ar

Los cultivos de servicio ofrecen diversos servicios ecosistémicos que contribuyen a mejorar la salud del suelo y promover la sostenibilidad agrícola. Desempeñan un papel clave en la conservación de la biodiversidad microbiana, ya que proporcionan hábitats y recursos alimenticios que estimulan la actividad de los microorganismos en el suelo y la disponibilidad de nutrientes para las plantas. Este estudio tuvo como objetivo analizar el efecto a corto plazo de la inclusión de diferentes cultivos de servicio en la dinámica de la actividad microbiana de enzimas de suelo en un sistema degradado de monocultivo de poroto. Para ello, medimos las actividades de las enzimas: Glucuronidasa, Glucosidasa y Fosfatasa ácida mediante sustratos múltiples de 4-Metilumbeliferona (MUF) y la actividad biológica global que fue medida a través de la hidrólisis de diacetato de fluoresceína (FDA). Además, se midió el rendimiento del cultivo de renta durante los ciclos agrícolas 2020/2021 y 2021/2022. Se analizaron muestras de suelo a profundidades de 0 a 10 cm en: 1) avena = *Avena sativa*/poroto; 2) trigo = *Triticale*/poroto; 3) vicia = *Vicia villosa*/poroto; 4) melilotus = *Melilotus alba*/poroto; 5) monocultivo de poroto = barbecho químico/poroto; 6) suelos prístinos con vegetación nativa. Los resultados indicaron que la actividad de la glucuronidasa aumentó un 40% en vicia comparada con el monocultivo de poroto. Por otro lado, la actividad de la glucosidasa fue un 20% tras la siembra de avena. En cuanto a la actividad de la fosfatasa ácida, se observó un incremento del 10% en triticale. Además, la actividad biológica global se incrementó en leguminosas como vicia y melilotus en comparación con el monocultivo de poroto. En general, el rendimiento de todos los cultivos aumentó un 50% en comparación con el monocultivo de poroto. En particular, la incorporación de vicia en sistemas de monocultivo degradados tuvo un impacto significativo en la actividad enzimática del suelo y en el rendimiento posterior del cultivo comercial, generando mejoras múltiples en el agroecosistema. Esto facilita no solo la restauración de suelos degradados, sino también el restablecimiento de los servicios ecosistémicos, produciendo efectos positivos en el sistema agrícola en su conjunto.

OT6

Biotecnología de algas: biocombustibles, fitorremediación y biofertilizantes

Sáenz, M.E.^{1,2}; Martínez, R.S.²; Di Marzio, W.D.^{1,2}; Alberdi, J.L.²; Di Marzio, G.D.²

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) Argentina

²Programa de Investigación en Ecotoxicología (PRIET). Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján. Luján, Buenos Aires, Argentina.

mesaenz@aae.org.ar

Las microalgas presentan una plasticidad fisiológica y bioquímica que les permite desarrollar diferentes estrategias para sobrevivir a fluctuaciones y cambios de condiciones ambientales. Diferentes factores promueven la acumulación de sustancias de interés biotecnológico. El objetivo del presente trabajo es presentar los resultados obtenidos en el laboratorio en el área de la Biotecnología de algas relacionados a la utilización de 1) estresores físicos, químicos y nutricionales como una estrategia en la obtención de biocombustibles, 2) usos en biorremediación de metales (fitorremediación), 3) utilización de biomasa de algas como biofertilizantes y 4) factores de estrés físicos en la obtención de sustancias bioactivas. Se utilizaron diferentes especies de microalgas: *C. vulgaris*, *S. acutus*, *S. quadricauda*, *N. oculata*, *D. tertiolecta*, *C. reinhardtii*. En cuanto a las experiencias del punto 1) los estresores para obtención de biodiesel fueron deficiencia de nitrógeno y presencia de Cr⁺⁶ a una concentración de 0,43 mg/l. La presencia del cromo indujo el aumento de la producción de PUFAS y MUFAS vinculado al estrés oxidativo confirmado por la determinación de la actividad de enzimas antioxidantes. Para bioetanol a partir de almidón, cultivos mantenidos bajo luz continua incrementaron su contenido en almidón significativamente, en comparación con aquellos cultivados en fotoperíodo. Para la obtención de biohidrógeno microalgas en condiciones de deficiencia en azufre, se obtuvo biohidrógeno en una tasa de 2,3 ml/L⁻¹ h⁻¹. Se estudió el daño oxidativo bajo estas condiciones y la actividad de kinasas celulares relacionadas a la alteración del ciclo celular. Las experiencias del punto 2) realizadas con Cr, la utilización de cepas preadaptadas a concentraciones subletales del metal presentaron mayor tolerancia. Concentraciones de Ni mayores a 0,3 mg/l produjeron efectos adversos sobre el ciclo celular, sin embargo, en base a las experiencias para el Cr, podría ampliarse el rango de fitorremediación de Ni. En las experiencias del punto 3) se realizaron ensayos de vigor vegetativo con plántulas de *Glycine max*, aplicando biomasa algal de dos especies en dos dosis de aplicación, en el estadio V3. Al final de la experiencia se registró una diferencia significativa en longitud del tallo, longitud de la raíz, peso de hojas y raíz. En las experiencias 4) se utilizó estrés salino observando un aumento significativo en la producción de β-carotenos. Estas experiencias demuestran el potencial de las microalgas, en la producción de sustancias de interés biotecnológico.

OT7

***Cellulomonas* sp. B6 como fuente de enzimas con actividad α -galactosidasa**

Hracek, V.¹; Topalian, J.¹; Ontañón, O.¹; Navas, L.¹; Accoroni, C.²; Wirth, S.³; Campos, E.¹

¹. Laboratorio de Enzimas para Bioprocesos Agroindustriales, Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), INTA-CONICET. Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

². Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Oliveros. Oliveros, Santa Fe, Argentina.

³. Laboratorio de Agrobiotecnología, Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad autónoma de Buenos Aires, Argentina.

hracek.victoria@inta.gob.ar

Los galactooligosacáridos de la familia de la rafinosa (RFOs) son compuestos abundantes en plantas leguminosas, especialmente en legumbres como la soja y la arveja. Estos oligosacáridos no pueden ser digeridos por animales monogástricos y son fermentados por bacterias intestinales. Aunque se consideran prebióticos, su presencia en productos como los concentrados proteicos de soja puede provocar molestias digestivas y dificultar la absorción de nutrientes. El género bacteriano *Cellulomonas* se caracteriza por producir múltiples enzimas activas sobre carbohidratos (CAZymas), algunas de las cuales se secretan de forma diferencial según la fuente de carbono disponible para el crecimiento. Estas características la convierten en una candidata interesante para aplicaciones biotecnológicas, como la eliminación de RFOs en ingredientes de origen vegetal. En este estudio se investigó la actividad α -galactosidasa (EC 3.2.1.22) presente en los sobrenadantes de cultivos de *Cellulomonas* sp. B6, con el objetivo de identificar las enzimas responsables de esta actividad. Se realizaron cultivos en medio mínimo utilizando salvado de trigo o soja molida como fuente de carbono. Los extractos extracelulares (EE) obtenidos bajo estas condiciones mostraron actividad α -galactosidasa frente al sustrato *p*-nitrofenil- α -D-galactopiranosido (*p*NP- α Gal). El EE del cultivo en poroto de soja, presentó la mayor actividad, con un máximo a pH 6 y 45 °C, y conservando más del 60% de actividad entre pH 5 y 7, y en temperaturas comprendidas entre 30 y 45 °C. Además, se evaluó su estabilidad en distintas condiciones de almacenamiento, observándose que la actividad enzimática se mantiene por sobre el 75% hasta una semana a 4 °C y hasta cuatro semanas a -20 °C y -80 °C. Al analizar las proteínas presentes en los extractos enzimáticos por espectrometría de masas, se identificó únicamente una enzima extracelular de la familia GH27, la cual probablemente sea la principal responsable de la actividad observada. Estos resultados respaldan el potencial de *Cellulomonas* sp. B6 como un recurso biotecnológico prometedor para la degradación selectiva de RFOs antinutricionales.

OT8**Compostaje de residuos del comedor y áreas verdes de un campus universitario. Calidad del producto y su efecto en el cultivo de lechuga**

Romero, A.M.E.¹; Borda, A.J.¹; Campoz, F.B.¹; Krynski, M.A.¹; Vasquez, S.¹; Iglesias, M.C.¹

¹Cátedra de Microbiología agrícola, FCA-UNNE. Sargento Cabral 2131-CP 3400. Corrientes, Argentina.

eugennia.romero@gmail.com

En Argentina se generan en promedio 1,15 kg de residuos per cápita, de los cuales casi el 50% es orgánico. La valorización de estos últimos puede ser mediante el compostaje, definido como la biotransformación de residuos orgánicos en un ambiente controlado para la obtención de compost. Este debe tener determinadas características para considerarlo estable, maduro y de calidad. El objetivo del trabajo fue evaluar el compostaje de residuos del comedor y áreas verdes del campus universitario Sargento Cabral de la Universidad Nacional del Nordeste, determinar la calidad del producto final en base a parámetros de la normativa del SENASA y evaluar su uso en el rendimiento de lechuga. Se trabajó con una compostera con tiempo de carga de residuos de 60 días. El volumen de hojas y pasto seco fue de 900 l y el de restos del comedor de 450 l. Se registró temperatura y se realizaron los volteos necesarios. Al finalizar se determinó estabilidad por producción de CO₂ y madurez mediante índice de germinación (IG) en dos especies y relación amonio/nitrato, además del análisis físico-químico. Con el compost obtenido se efectuó un ensayo en macetas con un suelo arenoso de la zona (pH: 6.5, CE: 0.06 dS.m⁻¹, COT: 0.35%, NT: 0.03%), en un cultivo de lechuga (Var. Gran Rapid). Las dosis de compost aplicadas fueron de 0 tn.ha⁻¹ (Control), 30 tn.ha⁻¹ (T1) y 60 tn.ha⁻¹ (T2) con 5 repeticiones por tratamiento. A los 35 días se determinó peso fresco por planta y se realizó ANAVA y Test de Tukey (p>0.01). En cuanto a los resultados obtenidos, el proceso de compostaje tuvo una duración de 150 días, con un período termófilo de 42 días con 51°C(±5.5). El volumen final de compost fue de 58 l post-tamizado. La estabilidad en el compost resultó en 36.6 mg CO₂.kgcompost⁻¹.hora⁻¹. En cuanto a la madurez, el IG de rabanito fue de 105 y en lechuga de 106 y la relación amonio/nitrato de 0.04. En el análisis físico químico se obtuvo un pH de 6.3, CE 4 dS.m⁻¹, Humedad 58%, MO 50%, una relación de C/N de 13 y contenido de amonio de 51.3 ppm. La producción promedio por planta de lechuga fue para el control de 93.4 g, T1 159.6 g y T2 con 226.4 g, resultando significativamente mayor el T2 frente al control. Tanto los parámetros de producción de CO₂, relación amonio/nitrato e IG estuvieron dentro de los parámetros permitidos según la normativa del SENASA. En cuanto a los parámetros de calidad las variables de pH, % de Humedad, CE, relación C/N y materia orgánica se corresponden a un compost de clase A. La aplicación del compost tuvo efectos positivos en el rendimiento en lechuga, sobre todo la dosis mayor aplicada.

OT9**Cultivos de cobertura y reducción en las precipitaciones: efecto sobre variables biológicas del suelo**

Restovich, S.B.¹; Frasier, I.^{1,2}; Posse, G.¹; Portela, S.I.¹; Beribe, M.J.¹; Giannini, A.P.¹; Dalpiaz, M.J.¹; Torti, M.J.¹; Garcia, L.¹

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires (Argentina).

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

restovich.silvina@inta.gob.ar

El uso de cultivos de cobertura en secuencias agrícolas influye en el aumento de las reservas de carbono orgánico del suelo (COS). Sin embargo, en un contexto de cambio climático con mayor riesgo de eventos extremos, todavía no está claro cómo la variabilidad en las precipitaciones y el uso de cultivos de cobertura pueden modular las variables biológicas más dinámicas y los flujos de carbono. El objetivo fue evaluar el efecto de la reducción en las precipitaciones en una rotación agrícola con 19 años de efecto acumulado de uso de cultivos de cobertura sobre variables biológicas y diferentes fracciones del COS. Para ello, instalamos durante un año (octubre 2023-octubre 2024) refugios de lluvias (exclusión del 50% de las precipitaciones) en parcelas experimentales de larga duración, iniciadas en 2005, ubicadas en INTA Pergamino. El ensayo tiene una rotación soja-maíz con y sin cultivos de cobertura (vicia, avena+vicia, control) bajo siembra directa con tres repeticiones por tratamiento. Dentro de cada parcela se instalaron las áreas con y sin refugios de lluvia. Se cuantificó el carbono de la biomasa microbiana (CBM) y el carbono orgánico soluble (COD) mensualmente durante un año. Además, en octubre de 2024, al finalizar el año de estudio, se determinaron las fracciones de carbono orgánico particulado (COP), carbono orgánico asociado a la fracción mineral (CAM) y el COS. Los muestreos de suelo se realizaron a 0-10 cm de profundidad. Luego de 19 años, el COS y el CAM aumentaron ~32% en los tratamientos vicia y avena+vicia en comparación con el control sin cultivo de cobertura (COS: 23,1-22,6 vs 17,2 g kg⁻¹; CAM: 19,0-18,8 vs. 17,2 g kg⁻¹). En dichos tratamientos, el COP también mostró aumentos (4,2-3,6 vs 2,9 g kg⁻¹) con respecto al control. En relación a las variables biológicas más dinámicas, el CBM estuvo influenciado principalmente por la presencia de cultivos de cobertura (vicia: 0,34 g kg⁻¹; avena+vicia: 0,37 g kg⁻¹; control: 0,29 g kg⁻¹) y modulado por la fecha de muestreo (estacionalidad). Estos resultados se asocian a que los cultivos de cobertura aportan C y que sus residuos en superficie modulan la humedad y temperatura, afectando la actividad biológica. En cambio, la reducción de las precipitaciones y la fecha de muestreo fueron los factores que explicaron las variaciones en el COD, lo que estuvo vinculado con la actividad biológica y con procesos físicos-químicos que modulan el C soluble en el suelo (sorción, adsorción, lixiviación). Este estudio demostró que los eventos extremos asociados a las precipitaciones y el uso prolongado de cultivos de cobertura regulan la dinámica de la fracción más activa del C (CBM y COD), impactando en el aumento del COS y su fracción más estable en el suelo. Estos hallazgos tienen implicaciones importantes para mejorar el manejo de las reservas de C en el largo plazo mientras que se abordan las condiciones de precipitaciones variables.

OT10**Del océano al polímero: caracterización de *Alteromonas* sp. IER1 como nueva fuente de bioplásticos**

Redersdorff, I.E.^{*1}; Rimoli, C.B.^{*1}; Prado, M.¹; Herrera Seitz, M.K.¹

* Ambos autores comparten la primera autoría.

¹Instituto de Investigaciones Biológicas, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.

ingridemeline02@gmail.com

La persistencia de los plásticos derivados de hidrocarburos representa un desafío ambiental creciente, lo que ha impulsado el interés en polímeros biodegradables como los polihidroxialcanoatos (PHAs). Estos poliésteres intracelulares, sintetizados por diversos procariotas como reserva de carbono y energía, destacan por su biodegradabilidad, biocompatibilidad y propiedades físico-químicas similares a los plásticos convencionales. Sin embargo, sus altos costos de producción limitan su aplicación, motivando la búsqueda de nuevas cepas productoras y procesos más eficientes. En este trabajo se caracterizó el potencial de una cepa marina del género *Alteromonas*, aislada de Mar del Plata, Argentina, como productora de PHAs. Ensayos preliminares demostraron su capacidad para acumular biopolímeros utilizando distintas fuentes de carbono. El análisis del polímero acumulado mediante resonancia magnética nuclear (RMN) confirmó que se trataba de polihidroxibutirato (PHB), uno de los PHA más estudiados por sus propiedades físico-químicas y sus posibles aplicaciones industriales. A partir de estos resultados, se secuenció el genoma de *Alteromonas* sp. IER1 con el objetivo de identificar genes y rutas metabólicas involucradas en la síntesis y degradación de PHAs. El análisis genómico sugirió que esta cepa podría representar una nueva especie, según los valores obtenidos de hibridación ADN-ADN digital (dDDH). La anotación genómica realizada con los servidores IMG y RAST permitió identificar al menos 20 proteínas potencialmente implicadas en el metabolismo de PHAs, incluyendo una PHA sintasa (PhaC), dos depolimerasas (PhaZ) y una fasinasa (PhaP), entre otras. Además, se realizó un análisis *in silico* para evaluar la similitud de estas proteínas con otras previamente caracterizadas. Asimismo, se determinaron las condiciones óptimas de sal, temperatura y pH para el crecimiento de *Alteromonas* sp. IER1 y se evaluó la acumulación del polímero mediante ensayos turbidimétricos con hipoclorito sódico, determinación de peso seco y observación microscópica previa tinción con azul de Nilo. La cepa alcanzó hasta un 50% de acumulación de PHA utilizando glicerol o fenantreno como fuente de carbono, y cerca del 40% con glucosa. Estos hallazgos destacan la versatilidad metabólica de *Alteromonas* sp. IER1 y su potencial para la producción de PHA a partir de sustratos de distinta naturaleza, incluyendo contaminantes ambientales.

OT11***Trichoderma capillare* T66 como promotor de crecimiento de plantas (PGP)**

Moyano, P.H.¹; Costanzo, M.E.¹; Escalante M.R.¹; Anta G.G.¹

¹ Indrasa Biotecnología S.A. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

priscilamoyano19@gmail.com

No todos los nutrientes esenciales para las plantas se encuentran disponibles en el suelo para su utilización. De hecho, la mayoría se encuentran formando parte de minerales o materia orgánica y, solo una pequeña fracción está disponible para ser absorbida por la planta. En este aspecto, juegan un rol muy importante los microorganismos presentes en el suelo, principalmente los de la rizósfera, entre los que se encuentra el género *Trichoderma* spp. Los hongos de este género como, por ejemplo, *Trichoderma capillare*, están involucrados en la descomposición de la materia orgánica y el ciclo de los nutrientes, dada su actividad metabólica y capacidad de solubilizar nutrientes del suelo. El fósforo es uno de los nutrientes esenciales para el funcionamiento de las plantas, debido a que se encuentra involucrado en el desarrollo de la raíz y del grano, en la floración y, además, se encuentra constituyendo los fosfolípidos de las membranas celulares y el material genético; cumple funciones en el metabolismo energético celular y en procesos de fotosíntesis, glucólisis, respiración y síntesis de ácidos grasos. Por otro lado, el ácido indol-3-acético (AIA) es una hormona que contribuye a la promoción del crecimiento vegetal, mejorando el desarrollo de las plantas. El objetivo de este trabajo fue evaluar in vitro la capacidad de la cepa en estudio para solubilizar una fuente insoluble de fósforo a través de un análisis cualitativo, así como su capacidad para producir ácido indol-3-acético a partir de triptófano mediante un análisis cuantitativo. Metodología. Para evaluar la solubilización de fósforo inorgánico se empleó medio sólido SRS con $\text{Ca}_2(\text{PO}_4)_2$ como fuente insoluble de fósforo. Por otro lado, la determinación cuantitativa de la producción de AIA se llevó a cabo siguiendo la metodología de Gordon-Weber (Gordon & Weber, 1951), cultivando la cepa en medio de cultivo mínimo M9 líquido suplementado con el precursor L-triptófano 0,1% (p/v). *Trichoderma capillare* fue capaz de solubilizar fósforo cualitativamente y de producir AIA cuantitativamente, presentando un valor de 32,43 $\mu\text{g/ml}$ para esta última. En ambas pruebas, los resultados obtenidos fueron estadísticamente significativos respecto al control. *Trichoderma capillare* demostró su capacidad in vitro para solubilizar una fuente insoluble de fósforo y producir ácido indolacético (AIA), dos características clave asociadas a la promoción del crecimiento vegetal.

OT12***E. coli* como indicador de calidad microbiológica en la Nordpatagonia. Estudio de caso: río Nahueve-río Neuquén**Schlenker, M.I.¹; Pezzullo, S. D.¹; Lara, K.¹

¹ Facultad de Ciencias del Ambiente y la Salud-Universidad Nacional del Comahue (FaCiAS-UNCo). Neuquén capital, Prov. Neuquén, Argentina.

marcela.schlenker@facias.uncoma.edu.ar

El medio acuático y particularmente las aguas superficiales participan en la dispersión de agentes patógenos o patógenos oportunistas y, por ende, en la transmisión de enfermedades causadas por el uso de agua (OPS, 2024). Estos agentes llegan a ellas, la mayoría de las veces, por las descargas cloacales. Por ello es fundamental evaluar la calidad microbiológica de las aguas superficiales utilizadas con fines recreativos y/o de consumo. En Nordpatagonia, los ríos Nahueve y Neuquén, son utilizados en extensos tramos de su recorrido de forma recreativa, como fuente de agua potable y para regadío. Este estudio se propuso, relevar la calidad microbiológica de las aguas de los ríos en estudio y determinar la presencia de *E. coli* resistente al antimicrobiano (ATB) Meropenem (MEM). La metodología incluyó 2 campañas de muestreo, con puntos situados aguas arriba y aguas abajo de descargas de líquidos cloacales, en cercanía a una captación de agua para consumo humano y en zona de uso recreacional y captación de agua para riego. En cada campaña, se recolectaron 5 muestras durante un período de 30 días, en cada uno de los sitios. El procedimiento de toma de muestras y los análisis microbiológicos de recuento, aislamiento e identificación de miembros del grupo coliforme en muestras de agua a través de la técnica del NMP, se realizaron acorde con los Métodos Normalizados para el Análisis de Aguas Potables y Residuales (APHA, 1992). En una etapa posterior, se realizó el ensayo de resistencia a ATB mediante la técnica de la Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI, 2018). En todos los sitios de muestreo de la primera campaña se hallaron coliformes fecales, en tanto que en la segunda campaña de muestreo sólo se evidenció su presencia en 3 sitios. En la primera campaña, de un total de 26 aislamientos, 10 (40%) resultaron ser *E. coli*, mientras que en la segunda, de un total de 18 aislamientos, 14 (78%) resultaron ser *E. coli*. En cuanto al ensayo de resistencia a MEM de *E. coli*, 19 cepas (80%) resultaron resistentes y 5 cepas (20%) sensibles. La determinación de la calidad microbiológica permitió por un lado, evidenciar que las aguas de los ríos Nahueve y Neuquén, actúan como reservorios de microorganismos patógenos, por lo que se deben revisar los usos que actualmente poseen. Por otro lado, la resistencia de *E. coli* a MEM es un problema creciente de salud pública, ya que diversos autores coinciden en que ha dejado de ser una amenaza para convertirse en una realidad, por su gran diseminación en el ambiente. Por ello, estos resultados se consideran de importancia en la planificación y la frecuencia de programas de monitoreo de calidad del agua.

OT13**Levaduras autóctonas con potencial biotecnológico para la valorización del orujo de uva en procesos sostenibles de producción de bioetanol**

Rojo, N.¹; Lerena, M.C.^{2,3}; Talia, P.M.⁴; Mon, M.L.⁴; Mercado, L.A.²; Combina, M.^{2,3}; Rojo, M.C.^{2,3}

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo. Mendoza, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Mendoza, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Mendoza, Argentina.

⁴Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), UEDD INTA-CONICET.

rojo.cecilia@inta.gov.ar

La creciente necesidad de desarrollar procesos sostenibles ha impulsado el uso de biomasa lignocelulósica para la producción de bioetanol. Entre los subproductos con alto potencial de revalorización se encuentra el orujo de uva, un residuo agroindustrial generado en grandes cantidades en la industria vitivinícola argentina. Su aprovechamiento como sustrato para la producción de bioetanol requiere la selección de levaduras capaces de tolerar condiciones adversas generadas durante el pretratamiento de la biomasa, incluyendo la presencia de inhibidores como furfural, HMF, compuestos fenólicos y ácido acético, así como temperaturas elevadas compatibles con procesos de sacarificación y fermentación simultánea. El objetivo fue identificar levaduras autóctonas capaces de tolerar inhibidores del crecimiento y altas temperaturas, con potencial aplicación en la producción de bioetanol a partir de orujo de uva. Para ello, se evaluó su tolerancia a inhibidores individuales y combinados, su crecimiento a distintas temperaturas y se seleccionaron las cepas más prometedoras para estudios futuros. Se evaluaron 31 cepas de levaduras aisladas de orujos. Se realizaron ensayos de crecimiento en medios suplementados con inhibidores (ácido acético, furfural, HMF y compuestos fenólicos) a distintas concentraciones, así como pruebas de crecimiento a 28 °C, 35 °C y 40 °C. También se evaluaron combinaciones de dichos inhibidores a 28 °C y 35 °C. Se utilizaron técnicas de *replica plate* y medición de densidad óptica, y los datos fueron analizados estadísticamente mediante el test de Kruskal-Wallis. La mayoría de las levaduras mostró tolerancia a HMF y furfural incluso en altas concentraciones, mientras que el ácido acético y los compuestos fenólicos resultaron ser más inhibitorios, en especial cuando se combinaron. A 35 °C, se observó una disminución significativa en el crecimiento, y ninguna levadura fue capaz de crecer a 40 °C. Nueve cepas demostraron ser tolerantes a inhibidores individuales y combinados, destacándose algunas aún no identificadas y otras pertenecientes a las especies *S. cerevisiae*, *D. bruxellensis*, *D. vanrijiae* y *W. anomalus*. La condición más restrictiva combinó altas concentraciones de ácido acético y compuestos fenólicos. Estos hallazgos permiten seleccionar levaduras autóctonas con características deseables para procesos de producción de bioetanol a partir de orujo de uva, destacándose su tolerancia a inhibidores y su crecimiento a temperaturas compatibles con procesos industriales. La selección de estas cepas resulta fundamental para optimizar procesos biotecnológicos sostenibles orientados al aprovechamiento de residuos agroindustriales, en el contexto de una economía circular.

OT14**Endófitos fúngicos promotores del crecimiento vegetal asociados a las raíces de cacao**

Cecchi, O.¹; Valerga Fernández, M.V.^{1,2}; Haedo Rey, G.M.¹; Silvani, V.^{1,2}; Colombo, R.P.^{1,2}; Calzada, P.¹; Izaguirre-Mayoral, M.L.³; Godeas, A.M.^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Buenos Aires, Argentina.

²CONICET - Universidad de Buenos Aires, Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada (IBBEA), Buenos Aires, Argentina.

³Facultad de Ingeniería Agrícola, Universidad Técnica de Manabí, Manabí, Ecuador.

roxanacolombo@bg.fcen.uba.ar

El suelo retiene fuertemente diferentes elementos químicos contaminantes, como los metales pesados, aumentando el riesgo ambiental, amenazando la salud de los organismos que habitan en y sobre él e ingresando a la cadena trófica. En este contexto, los endófitos fúngicos de raíz, colonizadores no patogénicos de diversas especies vegetales, pueden disminuir el estrés a sus hospedantes y promover su crecimiento. Una sola raíz puede ser colonizada por múltiples endófitos. Este estudio, enmarcado en el proyecto FONTAGRO: "Bioproceso reductor de la solubilidad del cadmio rizosférico", se propuso aislar e identificar hongos endófitos de raíces de plantas de cacao, provenientes de plantaciones de Ecuador creciendo sobre suelos contaminados naturalmente con Cd, y evaluar sus características promotoras de crecimiento vegetal (PCV) bajo condiciones *in vitro*. A las 8 cepas de hongos aislados se les evaluó la capacidad para solubilizar fósforo (mediante el medio NBRIP) y de degradar lignina y celulosa (medio con Azure B o CMC como fuente carbonada, respectivamente), así como la producción de amilasas (medio con almidón soluble). Todas las cepas lograron crecer en los medios evaluados y demostraron tener la capacidad de degradar almidón soluble en el ensayo de producción de amilasas con un poder amilolítico mayor a 100%. Lo mismo sucedió con la producción de enzimas celulolíticas y la capacidad de degradar la carboximetilcelulosa (CMC). En cuanto a la producción de ligninasas, las cepas *Fusarium* sp.1, *Fusarium* sp.2 presentaron un poder de degradación del colorante igual o menor a 100% (halo de degradación igual o por detrás del crecimiento de la colonia). Las cepas con mayor poder de degradación del colorante fueron L3C, L5Bb (micelio estéril sin determinar), poder ligninolítico mayor al 100%. Para *Penicillium* sp. (cepa Ch3A), *Eppicocum* sp. (cepa Ch3C) *Trichoderma* sp.1 (cepa L1A) y *Trichoderma* sp.2 (cepa Ch2C) no se detectó degradación del colorante por lo que no serían cepas ligninolíticas. Ninguna de los hongos fue capaz de solubilizar fósforo inorgánico. Se concluye que las cepas testeadas, además de tener la capacidad de crecer en suelos que contienen Cd, tienen características PCV, y podrían ser aplicadas para su evaluación en otras condiciones de crecimiento y en plantas de cacao.

OT15**Estudio de resistencia a antibióticos en *E. coli* en un lago de la Nordpatagonia**Pezzullo, S.D.¹; Schlenker, M.I.¹; Pagella, G.A.¹

¹ Facultad de Ciencias del Ambiente y la Salud, Universidad Nacional del Comahue. Neuquén, Prov. del Neuquén, Argentina.

marcela.schlenker@facias.uncoma.edu.ar

La calidad del agua de uso recreativo es un problema global. En la Patagonia Norte, debido a la ubicación geográfica, los ríos y lagos son altamente concurridos durante todo el año para uso recreativo. El Lago Pellegrini, es un espejo de agua artificial sin efluentes ubicado en Cinco Saltos, Río Negro. Es un sitio turístico que no cuenta con un sistema de red cloacal. Cada año, la provincia realiza estudios microbiológicos en costas habilitadas para uso recreativo, y determina la presencia de *Escherichia coli* (*E. coli*). La utilización de bacterias indicadoras de contaminación fecal proporciona información del estado microbiológico del agua. En el año 2024, la OMS estableció la resistencia de enterobacterias a carbapenémicos y cefalosporinas como resistencias de prioridad crítica. Por ello, este estudio tuvo como objetivo evaluar la presencia de *E. coli* y su resistencia a antibióticos (ATB) de la clase carbapenems, Imipenem (IMP) y Meropenem (MEM). La selección de estos ATB responde a lo indicado por la OMS y a estudios previos en la zona de estudio, que han identificado cepas de *E. coli* con resistencia a ellos. En cuanto a la metodología se analizaron 4 sitios de muestreo en dos campañas diferentes del año. El procedimiento de análisis estuvo acorde con la metodología de APHA (1992). Se aplicó la técnica del NMP para el grupo de los coliformes. Para el aislamiento de las cepas recuperadas se utilizará el medio agarizado EMB. En cuanto a la identificación de enterobacterias, se estableció de acuerdo a lo propuesto por Koneman (1992). Finalmente se realizó el ensayo de sensibilidad a ATB según la técnica del CLSI (2018). En relación a los resultados, se pudo evidenciar la presencia de *E.coli* en todos los sitios de muestreo, con valores de recuento de hasta 43 *E.coli*/100ml. En cuanto a la evaluación de susceptibilidad a ATB, en el caso de MEM, 10 cepas fueron resistentes (30%) y 25 cepas fueron sensibles (70%), mientras que en el caso de IMP, todas las cepas ensayadas (35) presentaron sensibilidad (100%). Teniendo en cuenta que el área de estudio es ampliamente utilizada para uso recreativo en la región y que estudios previos han demostrado contaminación con aguas residuales, esta investigación aporta información relevante sobre la situación actual del curso de agua a nivel académico. Asimismo, los resultados actualizan la información sobre la situación ambiental del curso de agua y la multiresistencia en patógenos prioritarios para la OMS, que pueden contribuir no sólo en la definición de la frecuencia de monitoreo, sino en la inclusión de la evaluación de susceptibilidad a ATB como parte del protocolo a utilizar de aquí en adelante en estudios de calidad del agua recreacional.

OT16**Evaluación de propiedades mecánicas y desintegración en compost de materiales obtenidos a partir de micelio de *Aspergillus niger***

Sanchez Diaz, M.R.^{1,2}; Rodriguez, Y.A.¹; Peltzer, M.A.^{1,2}; Moavro, A.¹; Ludemann, V.¹

¹Universidad Nacional de Quilmes. Bernal, Quilmes/Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. CABA/Buenos Aires, Argentina.

macasanchezdiaz@gmail.com

El micelio de hongos filamentosos es un material polimérico natural que posee propiedades prometedoras en el campo de los biomateriales. La pared celular de sus hifas es una red resistente formada por una matriz interna de quitina-glucano altamente entrecruzada seguida de una capa rica en proteínas que le aporta características mecánicas y estructurales deseables para la ciencia de los materiales sostenibles. Este trabajo tuvo como objetivo obtener materiales de micelio de *Aspergillus niger* (AN), mediante dispersiones filmogénicas por casting y discos de micelio intacto prensados, y caracterizarlos en sus propiedades mecánicas y de desintegración en compost. Para la obtención del micelio destinado a dispersiones, se cultivó AN en caldo Sabouraud por 7 días (37 °C, 135 rpm), y para los discos se incubó en dichas condiciones por 1 día y luego 6 días sin agitación. Posteriormente, ambos cultivos se esterilizaron por autoclave y se recuperó la biomasa. Se prepararon las dispersiones filmogénicas (3% p/p b.s), se sometieron a un tratamiento de ruptura celular mediante ultrasonido (15 min) y se obtuvieron películas por casting (37 °C, 14-18h), utilizando glicerol (25% b.s.) como plastificante. Por otro lado, los discos de micelio se plastificaron por inmersión en glicerol al 25% y 50% (p/p) durante 3h. Los discos se prensaron (6,4 g/cm²) durante 72h a temperatura y humedad ambiente. Se evaluaron las propiedades mecánicas mediante ensayos de tracción uniaxial, determinando resistencia máxima, módulo de Young y elongación a la ruptura. Se evaluó la desintegración de los materiales en compost a 22°C. Las películas obtenidas fueron homogéneas, marrones, parcialmente transparentes, con un espesor promedio de 0,12 mm. Los discos de micelio resultaron de color blanco, flotantes en el medio y tuvieron un espesor de 0,25 mm luego del prensado. Los controles sin plastificar resultaron quebradizos y susceptibles a contaminación, mientras que las muestras plastificadas resultaron más flexibles y sin contaminaciones. Se observaron diferencias en las propiedades mecánicas entre los discos control y plastificados, sin diferencias notables entre los niveles de glicerol. Las películas mostraron los mayores valores de resistencia y rigidez (módulo de Young), mientras que los discos plastificados exhibieron mayor elongación. Se pudo demostrar satisfactoriamente la desintegración de los materiales en las condiciones ensayadas. Los materiales obtenidos muestran gran potencial como alternativas sostenibles en el desarrollo de nuevos materiales.

OT17

Evaluación de microorganismos patógenos de la cría masiva *Anastrepha fraterculus* (Diptera: Tephritidae)

Miño, M.¹; Garbalena, M.S.¹; Turinetto, B.²; Arce Vélez, M.L.¹; Rodríguez, L.²; Ramírez, S.²; Segura, D.F.¹; Nussenbaum, A.L.¹

¹ Laboratorio de Comportamiento y Ecología Química de Insectos, Instituto de Genética gv. IABIMO, INTA-CONICET, Buenos Aires, Argentina.

² ISCAMEN "Instituto de Sanidad y Calidad Agropecuaria de Mendoza", Mendoza, Argentina
nussenbaum.ana@inta.gob.ar

Anastrepha fraterculus es una plaga frutícola de gran impacto económico en Argentina. La Técnica del Insecto Estéril (TIE) se desea emplear para su control y requiere la cría masiva en bioplanta. La cría en estas condiciones puede favorecer la proliferación de bacterias patógenas que comprometen la calidad de los insectos liberados. Este trabajo tuvo como objetivo aislar, identificar y evaluar bacterias cultivables presentes en distintos estadios de desarrollo de *A. fraterculus* y componentes del entorno de cría, así como analizar su potencial patogénico. Se colectaron muestras en condiciones asépticas e incluyeron huevos, larvas, adultos, dieta larval y agua. Se realizaron diluciones seriadas y siembras en medios LB y MacConkey. Se seleccionaron colonias según morfología, se aplicaron pruebas bioquímicas (fermentación de lactosa y desaminación de fenilalanina), y se extrajo ADN para amplificación del gen 16S ARNr. Las secuencias obtenidas se compararon con bases de datos (GenBank, SILVA). Los resultados revelaron una gran diversidad bacteriana, donde se identificaron géneros como *Providencia*, *Morganella*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Pseudomonas* y *Aeromonas*. Algunas de estas cepas fueron seleccionadas y utilizadas en bioensayos de patogenicidad, con ese objetivo, dieta artificial utilizada para la cría se inoculó con 1×10^7 UFC/ml de las cepas seleccionadas y se colocaron 100 huevos por cada réplica (10 réplicas por cepa evaluada y un control donde se inoculó solo NaCl 0,9%). Se registró el número de pupas obtenidas, el peso de las pupas y adultos emergidos. Los resultados revelaron una elevada carga bacteriana y mostraron efectos negativos significativos (menor número de pupas, peso pupal y adultos emergidos respecto al control), con algunas de las cepas evaluadas, mientras que otras no tuvieron efecto sobre el desarrollo. En conclusión, la cría masiva de *A. fraterculus* favorece la proliferación de bacterias oportunistas con potencial patogénico. La identificación de estos microorganismos resulta fundamental para mantener la calidad biológica de los insectos criados. Este estudio contribuye a fortalecer programas de control de insectos plaga como la TIE, proponiendo medidas de bioseguridad y control microbiológico que aseguren la eficacia de estas estrategias.

OT18**Evaluación del Carbono Orgánico Soluble como Indicador de Calidad del Suelo bajo diferentes Prácticas de Manejo**

Sterren, M.A.¹; Fontana, M.¹; Rondan, G.¹; Uhrich, W.¹; Benintende, S.¹

¹ Cátedra de Microbiología Agrícola. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Entre Ríos. Oro verde. Entre Ríos, Argentina. PID UNER 2239.

maria.sterren@uner.edu.ar

El monitoreo de la calidad de suelo (CS) es un factor primordial en la sostenibilidad de los sistemas agropecuarios. La CS puede ser evaluada por variables físicas, químicas y biológicas. Los indicadores biológicos reflejan la microbiota del suelo y, debido a su sensibilidad, pueden mostrar en el corto plazo el impacto de las prácticas de manejo (PM). Investigaciones previas han señalado que el nitrógeno mineralizable por incubaciones anaeróbicas (NAN) y el carbono de la biomasa microbiana (CBM) son las variables biológicas que mejor reflejan el impacto de las PM en sistemas agropecuarios. La utilización de enmiendas orgánicas en estos sistemas ha tomado impulso en los últimos años con el fin de reducir el uso de fertilizantes químicos y contribuir a sistemas productivos más sostenibles y/o producciones orgánicas. Los efluentes de origen pecuario (Efl.) generados en establecimientos de producción láctea y/o porcina, constituyen uno de estos tipos de enmiendas aplicadas al suelo. Una de las variables que podría mostrar mejor el impacto de estas enmiendas podría ser el Carbono Orgánico Soluble (COS) ya que puede representar entre 30% y 60% del Carbono Orgánico Total del efluente. El objetivo fue evaluar si el COS junto a las variables CBM y NAN pueden discriminar los efectos de las PM de rotaciones agrícolas (A) y aplicación de Efl. con respecto a situaciones de suelo inalteradas (I). Para ello se muestrearon suelos Molisoles y Vertisoles en situaciones I y suelos con PM de rotaciones de cultivos (Agrícola: A) y aplicaciones de Efl. de origen porcino, a los cuales se les determinó CBM, NAN y COS. Los resultados mostraron que los suelos con aplicación de Efl. tuvieron en promedio un 50% más de COS que los suelos A. Del análisis de componentes principales realizado con todos los suelos se encontró que los suelos I presentaron una mejor calidad biológica con los valores más altos de las variables, diferenciándose de los suelos A y Efl. Cuando se trabajó solamente con suelos I y Efl., la principal diferencia entre ambos grupos se eplicó por CP1, que estuvo altamente influenciado por CBM y NAN. El COS tuvo en CP2 una fuerte influencia (0,92) en la separación vertical de los grupos de suelos tratados con Efl. que presentaron los mayores contenidos de COS. Como consideración final podemos decir que, para el monitoreo de la calidad de suelos, las variables CBM y NAN lograron discriminar las PM de I, sin embargo el COS jugó un rol clave y complementario para la interpretación de resultados asociados a enmiendas con Efl.

OT19**Liberación de amonio y su relación con la utilización de enmiendas orgánicas**Cossoli, M.R.¹; Romero, A.M.E.¹; González, D.¹; Ferreira, M.¹; Iglesias, M.C.¹

¹Cátedra de Microbiología Agrícola. FCA – UNNE. Sargento Cabral 2131 - CP 3400, Corrientes, Corrientes, Argentina

eugennia.romero@gmail.com

El nitrógeno es un nutriente esencial, clave para mantener la fertilidad de los agroecosistemas. Una de sus formas minerales más frecuentes en los suelos es el ión amonio, que puede tener origen a partir de la amonificación, su determinación permite inferir sobre el efecto de las enmiendas orgánicas aplicadas al suelo en diferentes dosis. El objetivo de este trabajo fue medir a través de la cuantificación del amonio liberado, el efecto de la incorporación de diferentes enmiendas orgánicas en un suelo arenoso. Se trabajó con muestras de un ensayo instalado en la localidad de Santa Ana (Prov. de Ctes). Los tratamientos corresponden a la aplicación de compost de diferentes orígenes: Biosólidos (Bio), Feedlot (CF), Cama de gallina (CG), Residuos sólidos urbanos (Rou) y de mezclas de estos, Rou con CF y Rou con CG, las incorporaciones se realizaron en dosis de 20 y 40 tn.ha⁻¹ y se sumaron un tratamiento control (Ctrol) y un tratamiento con fertilización inorgánica (Fi). Resultando 14 tratamientos: Ctrol, Fi, Bio 20, Bio 40, CF 20, CF 40, CG 20, CG 40, Rou 20, Rou 40, Rou-CF 20, Rou CF 40, Rou-CG 20 y Rou-CG 40. Cada uno fue aplicado en parcelas de 1 x 1 m replicadas en tres bloques, 42 parcelas en total en octubre de 2011. Se realizaron 4 muestreos: Diciembre de 2011, Junio de 2012 y 2013 y Diciembre de 2013, se muestrearon 2 profundidades, 0-10 cm (Sup) y 50-60 cm (Prof). Se determinó la cantidad de amonio liberado (ppm.100 g suelo-1) a partir del proceso de amonificación, mediante espectrofotometría con reactivo de Nessler, para lo cual las muestras fueron humedecidas e incubadas durante siete días en dispositivos que contenían ácido sulfúrico. Los datos fueron analizados mediante ANAVA con Tukey ($p \leq 0,05$). Analizando el comportamiento de todos los tratamientos, tanto en superficie como en profundidad en los diferentes muestreos, se vió diferencia significativa entre Rou-CG 20 y Rou-CG 40, en el primer muestreo, aun así se puede ver una cierta tendencia, los datos de Sup son menores y parecen aumentar con los muestreos y los datos de Prof parecen disminuir con los muestreos. Cuando el análisis se hace dentro de cada tratamiento, considerando profundidad de muestreo y fecha, hubo más diferencia para los tratamientos con 20 tn, Para Rou 20, las ppm fueron significativamente mayor en Prof que en Sup en Junio 12, la misma situación se da para CG 20 y Bio 20, la otra diferencia se da en Rou 40 siendo mayor la liberación de amonio en superficie para el muestreo de Junio 13. De esta forma, se pudo evidenciar en algunos casos diferencias en la liberación de amonio ligadas a la utilización de enmiendas orgánicas de diferente procedencia.

OT20**Microorganismos como Bioindicadores de la Efectividad de la Bioingeniería en la Recuperación de Suelos Erosionados**Romero, M.P.¹; Santamaría, D.M.¹; Zafra-Mejía, C.A.¹¹Grupo de Investigación en Ingeniería Ambiental—GIIAUD, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá E-111711, Colombia.czafra@udistrital.edu.co

La degradación del suelo y la desertificación, intensificadas por prácticas insostenibles, ponen en riesgo la biodiversidad y la seguridad alimentaria mundial. La bioingeniería se presenta como una estrategia clave para la restauración ecológica. Los microorganismos del suelo, fundamentales para la función ecosistémica, se proponen como bioindicadores sensibles para evaluar la efectividad a largo plazo de las intervenciones de bioingeniería en la recuperación de suelos degradados. La presente investigación se centra en la evaluación de la efectividad de las obras de bioingeniería implementadas en el sector de Piedras de Chivo Negro, Bojacá (Colombia), un área afectada por procesos de erosión. Se analizan la abundancia microbiológica total, pH y conductividad eléctrica en tres estratos de erosión contrastantes: cárcavas (erosión severa), áreas colonizadas por líquenes (erosión moderada) y banquetas (técnicas de bioingeniería). La hipótesis plantea que la bioingeniería genera una composición microbiana y condiciones edáficas más favorables en áreas erosionadas, evaluándose la calidad del suelo con la guía USDA adaptada. La abundancia microbiana viable se cuantifica por UFC en medios selectivos con dilución seriada. El pH y conductividad eléctrica se miden directamente en muestras de los diferentes estratos de erosión considerados. Se aplican análisis estadístico para identificar diferencias entre las variables estudiadas en los estratos. Los resultados de esta investigación revelan diferencias significativas en la abundancia microbiológica (83×10^2 – 1.15×10^5 UFC/g), pH (5,15 – 7,16) y conductividad eléctrica (64,7 – 407 $\mu\text{S/cm}$) entre los estratos de erosión. Se observa una tendencia hacia una mayor abundancia microbiana ($1,15 \times 10^5$ UFC/g) y valores de pH más neutros (7,16) en las banquetas intervenidas con bioingeniería en comparación con las cárcavas (83×10^2 UFC/g; pH: 5,15), lo que sugiere un efecto positivo de estas técnicas en la mejora de las condiciones del suelo. La relación observada entre la abundancia microbiológica y pH ($r = 0,808$) subraya la importancia de las condiciones químicas del suelo en el establecimiento y la actividad de las comunidades microbianas. Los parámetros microbiológicos y fisicoquímicos del suelo emergen como indicadores sensibles y tempranos de la efectividad de la bioingeniería en la recuperación de suelos erosionados. Estos hallazgos son relevantes para optimizar las estrategias de restauración ecológica y desarrollar indicadores de sustentabilidad en proyectos de bioingeniería, además de profundizar en los mecanismos microbianos de la recuperación del suelo.

OT21**Monitoreo de la calidad microbiológica del agua en diques de la provincia de La Rioja**

Nieto, M.J.¹; Valls, J.¹; Albrecht, C.¹; Córdoba, J.L.¹; Urquiza, G.V.¹; Nieto, M.; Rojas, H.J.¹

¹ Instituto Regional de Planificación, Control y Servicios Ambientales, La Rioja, Argentina.

majonieto2@gmail.com

El agua es un recurso esencial para el desarrollo humano, especialmente en regiones áridas como la provincia de La Rioja, donde los diques cumplen funciones claves en el suministro para riego agrícola, consumo humano y actividades recreativas. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la calidad microbiológica del agua en ocho diques provinciales: Los Sauces, Chañarmuyo, Chamical, Olta, Cisco, Anzulón, Portezuelo y Saladillo. Se realizaron muestreos mensuales y bimestrales en puntos estratégicos de cada dique desde marzo de 2022 a marzo de 2025, analizando los siguientes indicadores microbiológicos: coliformes totales, coliformes fecales, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* y aerobios mesófilos. Los resultados evidenciaron variabilidad en los niveles de coliformes totales y fecales a lo largo del tiempo, observándose un aumento de coliformes fecales y *Escherichia coli* durante los meses de marzo y junio, coincidiendo con el periodo de mayores precipitaciones. Los diques Los Sauces, Chañarmuyo y Olta presentaron niveles bajos de coliformes fecales en varios meses, lo que sugiere una mejor calidad del agua, en contraste con los diques de Chamical, Anzulón, Cisco, Portezuelo y Saladillo que superaron los 1000 NMP/100 ml en distintos momentos del año. Con respecto a la presencia de microorganismos patógenos como *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*, fue persistente en la mayoría de los diques, con excepción de Chañarmuyo, que presentó varios muestreos con ausencia de estos aislamientos. En base a los resultados obtenidos, los diques que cumplen con los parámetros microbiológicos para uso en riego agrícola fueron Los Sauces, Olta, Chañarmuyo y Saladillo. En contraste, los diques de Chamical, Anzulón, Cisco y Portezuelo requieren precauciones para este uso. En cuanto al consumo humano, ninguno de los cuerpos de agua evaluados resultó apto sin un proceso completo de potabilización. Para uso recreativo, solo los diques Los Sauces, Olta, Chañarmuyo y Saladillo fueron considerados aptos con restricciones necesarias (monitoreo sanitario y control de exposición). Por el contrario, el resto de los diques que no cumplieron con las condiciones mínimas de calidad microbiológica para actividades recreativas. La información obtenida en este monitoreo puede ser utilizada como base para la elaboración de nuevas políticas públicas orientadas a la protección y conservación de los recursos hídricos de La Rioja, que garanticen la seguridad del agua para su uso en riego agrícola, consumo humano y actividades recreativas.

OT22

Optimización de la Deshidratación de Cultivos de *Lactiplantibacillus plantarum*, Crecidas en Subproductos de la Industria Alimenticia, Mediante Lecho Fluidizado.

Navarro, M.E.¹; Brizuela, N.S.¹; Morales, M.^{2,3}; Reyes-Urrutia, A.^{2,4}; Vicente, F.³; Caballero, A.^{2,3}; Bravo-Ferrada, B.M.¹; Tymczynszyn, E.E.

¹Laboratorio de Microbiología Molecular – Departamento de Ciencia y Tecnología – Universidad Nacional de Quilmes, Bernal, Buenos Aires - Argentina.

²Instituto de Investigación y Desarrollo en Ingeniería de Procesos, Biotecnología y Energías Alternativas (PROBIEN)- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)- Universidad Nacional del Comahue (UNCo).

³Facultad de Ciencias y Tecnología de los Alimentos (FACTA)- UNCo, Villa Regina- Rio Negro - Argentina.

⁴Facultad de Ingeniería (FI)-UNCo, Neuquén- Neuquén - Argentina.

marina.edith.navarro@gmail.com

En este trabajo se estudió la deshidratación de una cepa enológica de *Lactiplantibacillus plantarum*-UNQLp11 crecida en medios sustentables; permeado de suero (PS) y bagazo de manzana (BM)-utilizando lecho fluidizado. El aprovechamiento de estos subproductos de la industria alimentaria ofrece una alternativa económica y sostenible para la producción de biomasa y disminuye el impacto ambiental asociado con la disposición final. El secado en lecho fluidizado es una técnica rápida y de bajo costo ampliamente utilizada en la industria de alimentos. UNQLp11 fue inoculado al 1% en medios de cultivo a base de PS y BM suplementado con extracto de levadura y sales, a pH inicial de 4,5 y 6,0 e incubado a 28°C durante 48 hs. La biomasa se deshidrató en lecho fluido a 45 o 60 °C, utilizando almidón de mandioca como vehículo, durante 35 minutos. Se determinó la humedad y la a_w durante la cinética de deshidratación y se analizó la isoterma de desorción. La viabilidad de los cultivos se evaluó mediante recuento de viables en placas MRS antes y después del secado, así como después de un año de almacenamiento. Como resultado de estos ensayos, se observó una alta supervivencia celular después del proceso de secado ($\sim 10^8$ UFC/g) cuando la humedad fue entre el 6 y 8%. También, se vio un alto mantenimiento de la viabilidad después de 12 meses almacenamiento a 4°C y en vacío. El secado a 45°C resultó ser la mejor condición para preservar la viabilidad celular ($\sim 10^8$ UFC/g) cuando la a_w de la muestra estuvo entre 0.2 y 0.3. Nuestros resultados indican que PS y BM son alternativa sostenible y sustentable para la producción y deshidratación de bacterias lácticas. Además, el secado el lecho fluidizado es una alternativa sustentable a la liofilización (menores tiempos y costo energético) para la obtención de iniciadores de fermentación.

OT23**Screening *in vitro* del antagonismo de levaduras aisladas de sorgo sobre cepas fitopatógenas de *Epicoccum sorghinum***Gortari, C.^{1,2}; Vio, S.^{1,3}; Luna, F.^{1,2}, Astoreca, A.^{1,3}¹ Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (CINDEFI); Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, Bs. As., Argentina.² Comisión de Investigaciones Científicas (CIC-PBA), La Plata, Bs. As., Argentina.³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.astoreca@biotec.quimica.unlp.edu.ar

El sorgo, un cereal de importancia mundial, tiene un papel fundamental en la cadena agroindustrial argentina. En este cultivo se encontraron especies fúngicas del género *Epicoccum* productoras de ácido tenuazónico con alto impacto agroeconómico. Una alternativa a dicha contaminación en los granos es el uso de bioinsumos como agentes de control fúngico. El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial antagónico de 4 levaduras (pertenecientes a los géneros *Hannaella*, *Papiliotrema* y *Meyerozyma*) sobre *E. sorghinum*. En primer lugar, se realizó un screening de la capacidad antagónica enfrentando cada uno de los hongos a los 4 aislamientos de levaduras en placa de agar papa glucosado (APG) por triplicado. La prueba se consideró positiva cuando la levadura detuvo el crecimiento fúngico. Con las levaduras antagónicas se realizó un cultivo dual bajo las mismas condiciones de incubación y se calculó el porcentaje de inhibición del crecimiento radial (PICR). Por otro lado, se evaluó la capacidad de las levaduras para producir enzimas líticas y compuestos volátiles. La producción enzimática se realizó en medio mínimo sólido con el agregado de sustratos inductores para detectar actividad quitinolítica, amilolítica, proteolítica y lipolítica. La detección de quitinasa, amilasas y proteasas se evidenció con la formación de un halo transparente mientras que la actividad lipolítica se detectó por la presencia de un halo de opacidad debido a la precipitación de sales cálcicas. Los cambios en los medios de cultivo fueron observados a simple vista y confirmados con el uso de microscopio estereoscópico. Para la producción de compuestos volátiles se diseñó un dispositivo específico en el que se enfrentaron hongos y levaduras. En los primeros enfrentamientos se observó antagonismo con *Meyerozyma caribbica*, sin embargo, dicha inhibición no se manifestó en los cultivos duales. Solo se registró actividad lipolítica para *Hannaella luteola*, y las dos cepas de *Papiliotrema flavescens*. La producción de compuestos volátiles se manifestó, en algunos casos, con reducción de tamaño y cambios fenotípicos de la colonia. Los resultados observados evidencian un estado de estrés del patógeno frente a las levaduras. Aunque estos son insuficientes para caracterizar a alguna de las levaduras ensayadas como antagonistas, son la base para ampliar y profundizar los estudios sobre antagonismo entre los microorganismos estudiados.

OT24

Rasgos funcionales de hongos descomponedores de broza expuesta a la radiación solar en agroecosistemas de la Pampa Interior

Simoes, F.¹; Cabrera, F.²; Vivanco, L.¹

¹ Cátedra de Ecología, Instituto de Fisiología y Ecología vinculado a la Agricultura (IFEVA), Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, CONICET, Buenos Aires, Argentina.

² Departamento de Métodos Cuantitativos, Instituto de Fisiología y Ecología vinculado a la Agricultura (IFEVA), Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, CONICET, Buenos Aires, Argentina.

Fsimoes@agro.uba.ar

La descomposición de la broza es clave para la dinámica del carbono en ecosistemas agrícolas. Los hongos descomponedores de broza cumplen un rol importante, y su actividad está modulada principalmente por la calidad de la broza y las condiciones ambientales. En sistemas de siembra directa, la broza permanece en la superficie del suelo, expuesta a la radiación solar por períodos prolongados, lo que podría afectar la actividad de los hongos. Este trabajo estudió cómo la radiación solar altera la calidad de la broza de maíz en la Región Pampeana y su impacto sobre los hongos descomponedores. Se aislaron diez cepas de hongos filamentosos de broza de maíz y se caracterizaron rasgos funcionales vinculados al crecimiento, obtención de recursos, tolerancia al estrés y reproducción. Los resultados mostraron compromisos entre rasgos que permitieron identificar dos estrategias principales. Los hongos densos presentaron crecimiento lento, alta biomasa y elevada concentración de melanina, lo que sugiere una estrategia conservadora enfocada en la resistencia al estrés. En cambio, los hongos exploradores mostraron alta tasa de extensión de micelio y producción de esporas, reflejando una estrategia orientada a la rápida colonización y dispersión. La fotodegradación favoreció el crecimiento denso y una menor extensión de micelio, posiblemente por la mayor disponibilidad de compuestos fácilmente asimilables liberados por la radiación solar. Esta respuesta fue consistente tanto a nivel de cepas individuales como agrupadas por estrategia ecológica. El trabajo ofrece una visión novedosa sobre los hongos descomponedores de broza y su rol en el reciclaje de carbono en cultivos agrícolas.

OT25**Orujo de uva como fuente potencial para estimular la producción de β glucanos de pared celular de levaduras**Masante, B.¹; Anelo, L.¹; Astoreca, A.²; Esterelles, G.³; Asurmendi, P.¹; Pereyra C.¹¹Departamento de Microbiología e Inmunología. Facultad de Ciencias Exactas Físico-químicas y Naturales. Universidad Nacional de Río Cuarto. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.²Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales. Universidad Nacional de La Plata. La Plata, Buenos Aires, Argentina.³Instituto Nacional de Tecnología Industrial. Departamento de Cuero y Calzado. Laboratorio Químico, La Plata, Buenos Aires, Argentina.astoreca@biotec.quimica.unlp.edu.ar

El orujo de uva (OU) es el principal subproducto generado durante la producción de vino, y es considerado un residuo con un impacto negativo hacia el medio ambiente. El aprovechamiento de éste residuo constituye una alternativa para convertir una fuente de contaminación ambiental en materiales biofuncionales, que podrían ser utilizados en la industria alimentaria. Desde un punto de vista biotecnológico los componentes de la pared celular (PC) de levaduras tienen propiedades benéficas para su aprovechamiento. A partir de la biomasa de levaduras o de componentes de la PC se pueden obtener material con alto porcentaje de β -glucanos con potencial actividad antioxidante. El objetivo fue estudiar la influencia de un medio de cultivo a base de extracto de OU sobre la composición de la PC, principalmente de β -glucanos y su relación con la quitina. Se seleccionaron 3 cepas de levaduras, identificadas morfológicamente como *Brettanomyces* sp. y *Debaryomyces* sp. Para la producción de biomasa las cepas fueron inoculadas en 3 medios líquidos (YPD, YPD con ácido tánico y medio a base de extracto de OU). Un ml de cultivo fue usado para determinar la interacción de los β glucanos en la PC con rojo congo 0,1% a través de la intensidad de color en microscopio óptico. El resto de cultivo fue centrifugado y las células secadas en estufa. La biomasa seca se usó para la extracción de la PC y para el análisis de la composición por espectroscopía infrarroja (IR). La intensidad del rojo congo en la PC fue variable para los 3 medios de cultivos. Hubo diferencias en la producción de biomasa (gr/100 ml) para los 3 medios estudiados. Los espectros de IR de los 9 tratamientos mostraron 3 regiones correspondientes a carbohidratos (950-1185 cm^{-1}), proteínas (1480-1700 cm^{-1}) y lípidos (2840-3000 cm^{-1}) típicos de la PC de levaduras. Al realizar el estudio de la composición con IR se observó que, dependiendo de la cepa, los 3 medios de cultivos pudieron estimular la producción de β glucanos. La selección de levaduras no convencionales para la producción de PC con alto contenido de β glucanos es una técnica prometedora para la generación de materiales con propiedades biofuncionales. El OU representa un residuo con alto contenido en ácido tánico que no sólo estimula la producción de β glucanos, sino también la producción de biomasa.

OT26**Caracterización de un Lodo Granular Metanogénico de un Digestor de Laguna**

Miranda, L.S.¹; Sarmiento, P.L.²; González, M.D.¹; Fernández-Velasco, J.G.³

¹Universidad Nacional de Luján. Ciudad de Luján, Prov. de Buenos Aires, Argentina.

²Universidad Nacional de La Plata. Ciudad de La Plata, Prov. de Buenos Aires, Argentina.

³Universidad de Belgrano. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

lsmiranda@unlu.edu.ar

En la producción de biogás, una comunidad microbiana de anaerobios estrictos y facultativos degrada biomasa en monómeros, los fermenta y finalmente produce metano. El biogás resultante es un biocombustible compuesto principalmente por metano, seguido de dióxido de carbono y trazas de otros gases. Este es el primer informe que describe la formación espontánea de lodo granular en un digestor anaeróbico de la laguna, donde normalmente no se generan tales estructuras. Este digestor trata efluentes líquidos de una planta de faena avícola. En cambio, los lodos granulares son típicos de sistemas del tipo *Upflow Anaerobic Sludge Blanket* (UASB), donde son esenciales para el funcionamiento. Un gránulo es un agregado denso de microorganismos que está conformado por toda la comunidad microbiana productora de biogás. El objetivo de este trabajo fue caracterizar, mediante diversas microscopías, el lodo granular hallado en el digestor de la laguna. Se empleó microscopía óptica, de epifluorescencia, confocal (*spinning disk*), electrónica de barrido (MEB) y MEB con espectroscopía de energía dispersiva (EDS). Los gránulos observados son similares a los generados en digestores UASB: un gránulo recién formado exhibe un agregado esferoide de microorganismos y, a medida que crece, adopta una forma lenticular. Su longitud máxima varía entre 0,5 y 13 mm. Su superficie presenta poros y una compleja disposición de microorganismos: células individuales, agregados y filamentos, tanto externa como internamente. En el interior se identifican patrones de capas concéntricas de crecimiento microbiano, lo que evidencia una organización estructural progresiva. En el centro de los gránulos se observan estructuras de origen biológico o inorgánico, como tejido leñoso o cristales (incluida pirita framboidal), lo que sugiere un papel nucleante. El análisis EDS mostró que estos cristales contienen C, O, Fe, S y/o Si. La vitalidad celular es alta en gránulos de hasta 1 mm, disminuyendo hacia el centro en los de mayor tamaño. Por tanto, es probable que la metanogénesis ocurra principalmente en la periferia, donde se detectan cavidades recubiertas densamente por microorganismos. Los microorganismos filamentosos y la matriz extracelular rica en polisacáridos contribuirían a la notable estabilidad estructural y funcional del gránulo. Estos hallazgos amplían las posibilidades de granulación microbiana más allá de los digestores UASB y abren nuevas vías para optimizar el tratamiento de aguas residuales.

OT27

Efecto de la irradiación con micro-dosis de luz UV-C en la calidad microbiológica de vegetales mínimamente procesados

Torres Palazzolo, C.^{1,2,3}; Aguilera, A.³; Ferreyra, S.^{1,2}; Riveira, E.^{1,2}; Kuhn, Y.¹; Becerra, L.^{1,2,3}; Combina, M.^{1,2}; Gimenez, A.³; Ponsone, L.^{1,2,4}

¹ Estación Experimental Agropecuaria Mendoza, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (EEA Mendoza INTA). San Martín 3853, Mayor Drummond, Mendoza, Argentina.

² Centro Regional Mendoza, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CCT Mendoza CONICET). Avenida Ruiz Leal s/n, Parque General San Martín, Mendoza, Argentina.

³ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo (FCA UNCuyo). Almirante Brown 500, Chacras de Coria, Mendoza, Argentina.

⁴ Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo (FCEN UNCuyo). Padre Jorge Contreras 1300, Parque General San Martín, Mendoza, Argentina.

combina.mariana@inta.gob.ar

El consumo de vegetales mínimamente procesados (VMP) ha aumentado en los últimos años. Extender la vida útil de los VMP es un desafío técnico que puede ser abordado mediante el uso de tecnologías alternativas. Este trabajo propone evaluar el efecto de la irradiación con micro-dosis de luz UV-C en la calidad microbiológica de VMP. Los ingredientes eran bastones de zanahorias, bastones de calabacín e inflorescencias de brócoli, situados en bandejas de poliestireno selladas con lámina de PVC. Inicialmente, se calculó la absorción de luz UV-C del envase con un medidor digital (UVC light meter UV512C). Se estableció que la cantidad de luz UV-C que permeaba al interior de la bandeja era del 75 %. Teniendo en cuenta este dato se establecieron los tiempos de irradiación 300, 180, 60 y 0 segundos. Las bandejas se irradiaron por triplicado en un túnel con lámparas de UV-C con una potencia de 3000 $\mu W/cm^2$ y se conservaron a 4 °C durante 10 días. Se realizó la inspección visual diaria de las bandejas. A partir del tercer día se observaron leves signos de deshidratación y cambio de color que al quinto día se acentuaban. Al séptimo día ya se observaban síntomas de podredumbre. El tratamiento de 180 segundos fue el que más demoró este deterioro, por lo cual se seleccionó para evaluar su efecto en la calidad microbiológica de los VMP. Para este ensayo las bandejas de VMP fueron irradiadas y se almacenaron junto a las bandejas control durante 3 días a 4 °C. Luego, se realizaron los recuentos de mesófilos totales, psicrófilos totales y hongos y levaduras. Los mayores recuentos se encontraron en el calabacín, seguido por la zanahoria y finalmente el brócoli. El tratamiento con luz UV-C disminuyó significativamente el recuento de mesófilos y psicrófilos totales en el calabacín y la zanahoria, además de disminuir el recuento de mohos y levaduras en todos los vegetales. Según estos resultados se concluyó que la irradiación con micro-dosis de luz UV-C mejora la calidad microbiológica de los VMP, lo cual podría prolongar su vida útil.

OT28

Evaluación molecular de *Xylella fastidiosa* en plantas de ciruelo japonés *Prunus salicina* L. y naranjos *Citrus × sinensis* L. del noreste argentino

Tolocka, P.A.¹; Cerrillo, T.²; Fernández, M.²; Hochmaier, V.E.³; Bruno, A.³; Tito, B.³; Guzmán, F.A.⁴; Haelterman, R.M.¹

¹IPAVE INTA; UFYMA INTA-CONICET. Córdoba Capital, Córdoba, Argentina.

²INTA-EEA Delta del Paraná. Buenos Aires, Campana, Argentina.

³INTA EEA Concordia. Concordia, Entre Ríos, Argentina.

⁴AER Villa Dolores – EEA Manfredi INTA. Villa Dolores, Córdoba, Argentina.

tolocka.patricia@inta.gob.ar

En Argentina, *Xylella fastidiosa* es la bacteria causante de la clorosis variegada de los cítricos (CVC), del síndrome del declinamiento rápido del olivo (SiDRO) y de la escaldadura de la hoja del almendro (ALS). Entre las décadas 40-50 se conoció una enfermedad en ciruelo japonés del Delta del Paraná llamada escaldadura del borde de la hoja del ciruelo (Plum Leaf Scald-PLS), considerada en ese momento que era causada por un virus. Posteriormente, se comprobó que era una bacteria, más tarde denominada *X. fastidiosa*. Esta enfermedad fue declarada plaga de la agricultura debido a que causó la muerte de más de 500.000 ejemplares. Después de la década de los 80, la producción frutícola de la zona se redujo drásticamente y no se volvió a observar el PLS. En cambio, el CVC se observa en nuestro país desde el año 1984, en cítricos del noreste argentino. Esta patología fluctúa con los años, afectando el rendimiento de diferentes variedades de naranjo, especialmente en la zona mencionada. Debido a los antecedentes de la bacteria en la zona del Delta, se planteó evaluar plantas de variedades por inscribir del banco de germoplasma de ciruelo de la EEA-Delta INTA con sintomatología sospechosa y también plantas de tres variedades de naranjo dulce presentes en el campo experimental de la EEA Concordia INTA con síntomas de CVC, mediante la técnica de PCR en tiempo real (qPCR). A las trece muestras (6 ciruelos y 7 naranjos) se le realizó la extracción de ADN total con CTAB, empleando cebadores diseñados por Harper, específicos para la bacteria, y utilizando un control interno COX (gen citocromo oxidasa de plantas). Las seis muestras de ciruelo resultaron negativas para la bacteria. Respecto a los cítricos, todas las muestras fueron positivas a *X. fastidiosa*, con rangos que van desde Ct=20,62 hasta Ct=31,10. Con estas muestras se realizará la caracterización molecular del patógeno a través del sistema de tipificación *Multilocus Sequence Typing-MLST* para definir la subespecie y el grupo genético a la que pertenece, por la importancia en la búsqueda de otras subespecies de la bacteria que podrían ser amenaza para otros cultivos por ejemplo las vides. Se continúa con los estudios de relevamientos de ciruelos en la zona del Delta del Paraná analizando diferentes variedades para asegurarnos que no esté la bacteria en esta región.

OT29**Efecto de la quema prescrita sobre atributos físicos, químicos y biológicos del suelo en la Ecorregión del Chaco Seco**

Delgado, J.L.¹; Vasquez, M.J.¹; Anriquez, A.L.¹; Ledesma, R.R.²; Coria, R.D.²

¹Universidad Nacional de Santiago del Estero. Facultad de Agronomía y Agroindustrias. Departamento de Ciencias Biológicas Aplicadas. Cátedras de Ecología y Microbiología Agrícola. Santiago del Estero, Argentina.

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Santiago del Estero. Argentina.

analianriquez@gmail.com

En el Chaco Seco, los fuegos de vegetación han modelado el paisaje y participado en la dinámica de establecimiento y crecimiento de las comunidades vegetales. Las quemaduras prescritas se utilizan para reducir la densidad y cobertura de plantas leñosas principalmente arbustos que dificultan la actividad ganadera, mejorar la calidad nutritiva de las pasturas, eliminar residuos leñosos, rastrojos, plagas y enfermedades. Esta disciplina posibilita utilizar los fuegos de vegetación de manera planificada y con beneficios para la salud de los ecosistemas y los intereses productivos. Si bien, en la región existe información de los efectos del fuego sobre la calidad del suelo, aún son escasos los estudios de las propiedades biológicas del mismo. El objetivo del trabajo fue evaluar los efectos de la quema prescrita sobre propiedades físicas, químicas y biológicas del suelo. El estudio se realizó en la EEA-INTA Santiago del Estero en un sitio ecológico de media loma, arbustificado, de la Subregión Chaco Semiárido. Los sistemas de manejo fueron: quema prescrita (Q) y testigo sin quema (T). El muestreo se realizó a 0-5 cm de profundidad a 18 días posquema y se evaluaron atributos físicos: densidad aparente (Dap), humedad (H); químicos: pH, conductividad eléctrica (CE), carbono total del suelo (COS); y biológicos: actividad deshidrogenasa (AD), microorganismos heterótrofos totales (MHT) y solubilizadores de fosfato (SP). Los resultados mostraron que Q no modificó Dap ni H con respecto a T, mientras que aumentó pH y CE, probablemente por el aporte de cenizas. COS no presentó diferencias significativas entre Q y T. Por otro lado, Q disminuyó AD, sin embargo, no modificó MHT y SP, esto podría atribuirse a que las altas temperaturas desnaturalizaron las enzimas relacionadas a la oxidación de la materia orgánica del suelo, reduciendo su actividad sin eliminar completamente las poblaciones microbianas o bien, especies resistentes al fuego reemplazaron a otras más sensibles, manteniendo el número de microorganismos con menor actividad enzimática. Estos resultados preliminares indican que la quema prescrita no modificó de manera significativa los indicadores evaluados. Es relevante realizar un monitoreo en el tiempo para obtener resultados más contundentes. Un correcto manejo posquema es imprescindible para conservar la calidad del suelo y evitar su degradación, como así también el desarrollo de las buenas prácticas agrícolas para lograr agroecosistemas sustentables.

OT30**Análisis de proteasas extracelulares de *Bacillus* sp. cultivado en salvado de trigo**Navas, L.E.¹; Topalian, J.¹; Coronel, C.¹; Hracek, V.¹; Ontañón, O.M.¹; Wirth, S.²; Campos, E.¹¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.²Laboratorio de Agrobiotecnología, Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada (IBBEA), Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Argentina.navas.laura@inta.gob.ar

Las proteasas bacterianas son enzimas que catalizan la degradación de proteínas en péptidos y aminoácidos. Debido a su diversidad de especificidad, estabilidad en distintas condiciones y bajo costo de producción, estas enzimas se han convertido en herramientas clave en diversas industrias, como la alimentaria, farmacéutica, de detergentes, curtido de cuero y manejo de residuos, promoviendo alternativas más ecológicas al disminuir el uso de productos químicos agresivos y reducir el consumo energético. El objetivo de este trabajo es determinar la condición de cultivo de un aislamiento de *Bacillus* sp. que maximice la actividad proteolítica, e identificar las enzimas responsables de dicha actividad para su futura utilización en procesos industriales. Para ello, se estudió la actividad proteasa del sobrenadante de cultivo de *Bacillus* sp., cultivado en medio mínimo salino suplementado con diferentes fuentes de carbono: 1% glucosa, 1% leche descremada, y 1% salvado de trigo, en comparación con caldo comercial triptona-caseína de soja (3,6% TSB) (cultivos de 20 hs). La actividad proteolítica del sobrenadante de cultivo se evaluó utilizando azocaseína al 1% como sustrato (con 5 mM de CaCl₂). Si bien el mayor crecimiento fue observado en TSB, la mayor actividad proteolítica (1,13 U/ml) se observó en el sobrenadante del cultivo en salvado de trigo (P_{ST}). Dicho sobrenadante fue posteriormente liofilizado, logrando la concentración de la actividad enzimática hasta 25 veces. Para determinar el requerimiento de co-factores, se evaluó el efecto de la adición de CoCl₂ o ZnSO₄ (1 mM) sobre la actividad enzimática, sin observar diferencias significativas respecto al control. Además, el extracto enzimático mostró actividad contra sustratos proteicos puros como la caseína. El análisis por espectrometría de masas de P_{ST} permitió identificar tres proteasas potencialmente responsables de la actividad observada: una metaloproteasa (1,64% de abundancia relativa), una serin-proteasa AprX (1,57%) y una subtilisina E (1,0%). El análisis *in silico* de dichas secuencias predijo pesos moleculares de 66, 48 y 40 KDa (proteínas completas), respectivamente, y se identificó péptido señal solo para la subtilisina E. Mediante fraccionamiento con (NH₄)₂SO₄, se obtuvieron fracciones enriquecidas en actividad proteasa. En conclusión, el cultivo de *Bacillus* sp. en salvado de trigo indujo la expresión de tres proteasas distintas, las cuales representan un 4,2% del total de proteínas secretadas por la bacteria en esa condición. Actualmente se continúa con la purificación y caracterización de los parámetros óptimos de actividad, con vistas a su aplicación en procesos industriales.

OT31**El Centeno como cultivo de cobertura favorece el aumento del carbono orgánico y la eficiencia metabólica de la biota de suelos del Chaco Semiárido**Godoy, A.S.¹; Anriquez, A.L.²; Vasquez M.J.²; Delgado J.L.²; Prieto Angueira, S.^{2,3}¹UNSE. Facultad de Ciencias Forestales. Cátedra Microbiología. Santiago del Estero, Argentina.²UNSE. Facultad de Agronomía y Agroindustrias. Dpto. de Cienc. Biol.Apl. Cátedras de Ecol. y Microbiol. Agr. Sgo. del Estero, Argentina.³INTA-Santiago del Estero.analianriquez@gmail.com

Los suelos de Santiago del Estero, enfrentan problemas de degradación por la pérdida C orgánico (COS), afectando su calidad y la sustentabilidad de los agroecosistemas. Para revertir esto, se promueve la siembra directa (SD), cultivos de cobertura (CC) y rotación de cultivos, que contribuyen a mejorar la productividad conservando el suelo. Los CC favorecen el crecimiento y la diversidad de los microorganismos del suelo, el secuestro de C y la calidad del suelo. Estudios realizados en la provincia muestran que la inclusión de un año de CC en la secuencia soja-maíz mejora la actividad microbiana del suelo y mantiene el COS en el corto plazo, sin embargo no hay estudios sobre el efecto de más de un ciclo de CC sobre la biota del suelo y la calidad de éste. El objetivo fue evaluar los efectos, de dos años de inclusión de centeno (*Secale cereale*), en la secuencia soja-maíz, bajo SD, sobre el COS e indicadores biológicos de calidad del suelo. El ensayo se realizó en Isca Yacu, Santiago del Estero, subregión Chaco Semiárido. Las secuencias de cultivos durante un período de tres años fueron: i) con CC (soja/centeno-maíz; siembra del centeno después de soja y barbecho después de maíz) y ii) sin CC (soja-maíz). Se muestreó en diciembre a 0-5 cm y 5-20 cm de profundidad y se determinó: C de la biomasa microbiana (Cbm), respiración del suelo (RE), cociente metabólico (qcCO₂), C orgánico del suelo total (COS), particulado (COP) y asociado a minerales (COA). En general, se registraron mayores valores a 0-5 cm debido a la estratificación por la SD que estimula la actividad microbiana. La secuencia con CC, en ambas profundidades, registró mayor COS y COP que la secuencia sin CC. La secuencia sin CC a 5-20 cm, presentó el mayor valor de RE, mientras que no se encontraron diferencias significativas en Cbm entre las dos secuencias. A 5-20 cm, la secuencia con CC registró menor qcCO₂ que la secuencia sin CC, lo que indicaría una mayor eficiencia metabólica, ya que los microorganismos destinan menor energía para el mantenimiento y mayor energía para formar biomasa microbiana. Esta mayor eficiencia microbiana junto con la rizodeposición del CC podrían haber favorecido el aumento de C asociado a la materia orgánica más estable (COA), registrado en la secuencia con CC a 5-20 cm. Se evidencia la importancia del centeno como CC sobre la calidad del suelo, sin embargo es necesario continuar la evaluación a largo plazo junto a otros indicadores para mayor comprensión de los procesos involucrados.

OT32**Caracterización de comunidades bacterianas en procesos de fermentación de bioetanol**

Lomanto, C.^{1,2*}; Balaban, C.L.^{1,2*}; Casagrande, A.B.²; Tondo, M.L.^{1,2}

* Ambos autores comparten la primera autoría.

¹INGEBIO-UCA, CONICET. Rosario, Santa Fe, Argentina.

²FBioyF, UNR. Rosario, Santa Fe, Argentina.

camilalomanto@gmail.com

En la industria del bioetanol el control microbiológico es un aspecto crítico ya que la falta de asepsia durante la producción permite la proliferación de bacterias contaminantes que afectan el rendimiento de la fermentación alcohólica al competir con las levaduras por los nutrientes y producir metabolitos inhibitorios. Es por esto que el conocimiento detallado de las comunidades bacterianas contaminantes es clave para diseñar estrategias eficaces que optimicen la fermentación. Con este objetivo, y en el marco de un convenio con una cooperativa industrial argentina dedicada a la producción de bioetanol, se realizó un estudio pionero de caracterización molecular de las comunidades bacterianas presentes en diferentes etapas del proceso de fermentación industrial. Se analizaron 12 muestras provenientes de tres lotes de producción, abarcando los siguientes puntos del proceso: licuefacción, propagación de levaduras, y fermentación (24 y 60 h). El ADN genómico fue extraído y amplificado utilizando cebadores específicos para la región V3–V4 del gen ARNr 16S, y posteriormente secuenciado mediante la plataforma Illumina NovaSeq 6000. La obtención de más de 2.4 millones de secuencias de alta calidad (~200.000 por muestra) permitió alcanzar profundidades de secuenciación adecuadas, según curvas de rarefacción. Los datos obtenidos fueron procesados en QIIME 2™ 2024.10 y la asignación taxonómica se realizó a partir de la base de datos SILVA v138. Los análisis de diversidad y de composición de las comunidades bacterianas revelaron diferencias según la etapa del proceso. En muestras provenientes de los tanques propagadores predominaron miembros del filo Proteobacteria, destacándose géneros como *Gluconobacter*, *Acetobacter* y *Klebsiella*, mientras que en los mostos provenientes de licuefacción y fermentación predominaron bacterias ácido lácticas (BALs), principalmente los géneros *Levilactobacillus*, *Limosilactobacillus* y *Lactiplantibacillus*. El análisis de componentes principales (PCA) evidenció una alta variabilidad en la estructura de la comunidad microbiana entre los propagadores y una notable estabilidad en los fermentadores, independientemente del tiempo y el lote. Esta notable selección de ciertas BALs durante la fermentación podría asociarse a condiciones propias del proceso como el uso de antibióticos y la acumulación de etanol. Los perfiles taxonómicos obtenidos fueron consistentes con aislamientos previos de la misma biorefinería, confirmando la solidez de los resultados. En conclusión, este estudio constituye un aporte significativo al conocimiento de las comunidades bacterianas presentes en biorefinerías de nuestro país, con implicancias en el desarrollo de estrategias de control más eficaces.

OT33

Síntesis microbiana de vitamina B12 usando subproductos lácteos y cepas GRAS de propionibacterias

Perello, A.^{1,2}; Ribas, L.E.^{1,2}; Addona, S.²; Savino, G.¹; Hein, G.J.^{1,2}; Zárate, G.^{3,4}; Baravalle, M.E.^{1,2}

¹ Centro de Innovación, Transferencia y Estudio para el Desarrollo de Alimentos (CITEDA CUG-UNL) - Universidad Nacional del Litoral, Gálvez, Santa Fe, Argentina.

² Centro de Medicina Comparada, Instituto de Ciencias Veterinarias del Litoral (ICIVET Litoral). UNL-CONICET. Esperanza, Santa Fe, Argentina.

³ Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET). San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

⁴ Universidad de San Pablo Tucumán, Av. Solano Vera y Camino a Villa Nougues, Tucumán, Argentina.

adrianaperello97@gmail.com

La vitamina B12 (vitB12) es un micronutriente esencial para la síntesis de ADN, formación de eritrocitos y mantenimiento neurológico. Su deficiencia causa anemia megaloblástica y alteraciones neurológicas. El uso biotecnológico de bacterias GRAS como las propionibacterias, se alinea con el enfoque "Una Salud", promoviendo estrategias sostenibles para la nutrición humana y la valorización de subproductos de la industria alimentaria. El objetivo fue obtener vitB12 por fermentación de suero de quesería utilizando *Acidipropionibacterium acidipropionici* CRL 2233 y *Propionibacterium freudenreichii* CRL 2234. Las cepas ($\sim 10^7$ UFC/mL) se incubaron a 37°C durante 72 h en anaerobiosis, en suero suplementado con cloruro de cobalto. Luego se adicionó 5,6-dimetilbenzimidazol y se continuó la incubación en condiciones anaeróbicas (AN/AN) y aeróbicas (AN/AE). Se registró y ajustó el pH a 7, y se evaluó el crecimiento en placas a 0, 72 h y al finalizar la fermentación (96, 120 y 144 h). La vitB12 fue extraída con columnas C18, concentrada al vacío y analizada por UPLC-ESI-MS/MS. En AN/AN, *P. freudenreichii* alcanzó $1,82 \times 10^{10}$, $8,27 \times 10^8$ y $1,69 \times 10^{10}$ UFC/mL a las 96, 120 y 144 h, con producciones de vitB12 de $5,36 \pm 1,75$; $1,78 \pm 1,23$ y $14,31 \pm 6,91$ mg/L. En AN/AE: $2,37 \times 10^{10}$, $6,27 \times 10^9$ y $1,34 \times 10^{10}$ UFC/mL, con $5,64 \pm 1,33$; $3,16 \pm 3,51$ y $15,63 \pm 2,30$ mg/L. *A. acidipropionici*, en AN/AN, produjo $2,77 \times 10^{10}$, $1,35 \times 10^{10}$ y $1,56 \times 10^{10}$ UFC/mL, con $8,26 \pm 0,25$; $8,39 \pm 2,01$ y $21,57 \pm 4,65$ mg/L; y en AN/AE: $2,84 \times 10^{10}$, $8,47 \times 10^9$ y $1,63 \times 10^{10}$ UFC/mL, con $5,12 \pm 2,55$; $6,49 \pm 1,63$ y $21,63 \pm 5,45$ mg/L. La producción de vitB12 aumentó significativamente con el tiempo de incubación ($p < 0,05$), alcanzando su valor máximo a las 144 h en ambas cepas sin observarse diferencias significativas entre condiciones de incubación. *A. acidipropionici* produjo mayor cantidad de vitB12 al final de la fermentación pero no se observaron diferencias entre cepas en etapas tempranas ($p > 0,05$). La viabilidad celular se mantuvo elevada hasta las 144 h y se correlacionó con los valores de vitB12. Estos resultados respaldan el uso del suero como sustrato de bajo costo y de las propionibacterias como candidatos prometedores para el desarrollo de alimentos funcionales bioenriquecidos.

OT34**Comparación de dos medios de cultivo selectivos en la tasa de aislamiento de *Salmonella* spp. en cama de aves**Soria, M.A.¹; Bueno, D.J.^{1,2}¹ INTA EEA Concepción del Uruguay, Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina.² Facultad de Ciencia y Tecnología, sede Basavilbaso, UADER, Basavilbaso, Entre Ríos, Argentina.bueno.dante@inta.gob.ar

La cama constituye uno de los residuos más significativos generados en la producción intensiva de aves y puede contener *Salmonella* spp. Esta bacteria puede provocar enfermedades agudas y crónicas en las aves, lo que lleva a considerables pérdidas económicas, además de ser responsable de enfermedades transmitidas por alimento. Los métodos de cultivo se utilizan para la detección de *Salmonella* spp. en los Programas Nacionales de Salud Avícola de diversos países. En este caso, la marcha bacteriológica consta de 5 pasos: pre-enriquecimiento, enriquecimiento selectivo, siembra en medios selectivos-diferenciales, caracterización bioquímica y tipificación serológica. El uso de distintos medios de cultivo en alguno de estos pasos puede alterar la tasa de aislamiento de esta bacteria. Por ello, en este trabajo se comparó la tasa de aislamiento de *Salmonella* spp. en la cama de aves de producción intensiva contaminada naturalmente utilizando dos medios de cultivos diferentes en la etapa de enriquecimiento selectivo. Se utilizaron 100 muestras de hisopado de cama de galpón de aves. Cada muestra fue colocada en una bolsa estéril, donde posteriormente se agregó agua peptona bufferada (APB) como medio de preenriquecimiento. Se incubó a 37°C durante 18-24 h y luego se tomó 1 ml de la solución y se agregó a 10 ml de caldo para enriquecimiento de enterobacterias Mossel como medio de enriquecimiento selectivo. Se mezcló y se incubó a 37°C durante 18-24 h (Marcha EE). A la par, se sembró, a partir del APB incubada, 30 µl en medio Rappaport-Vassiliadis semisólido modificado con el agregado de novobiocina y se incubó a 41,5°C durante 18-24 h (Marcha MSRV). Luego de la incubación, se sembró en agar xilosa-lisina-desoxicolato y agar cromogénico Harlequin[®] para *Salmonella* esterasa a partir de ambos medios de enriquecimiento selectivo. Las placas se incubaron a 37°C durante 18-24 h. Posteriormente, se tomaron hasta 5 bacterias compatibles con *Salmonella* de cada placa y se confirmaron por pruebas bioquímicas y tipificación serológica. Se estudió la concordancia de los resultados de aislamiento de *Salmonella* spp. utilizando el test de Mc Nemar. Una muestra fue positiva a *Salmonella* spp. utilizando la marcha EE, aislándose *S. ser. Mbandaka*. Por otra parte, veintiocho muestras fueron positivas a *Salmonella* spp. utilizando la marcha MSRV, aislándose 14 serovares, predominando *S. ser. Enteritidis*, *S. ser. Mbandaka*, *S. ser. Derby*, *S. ser. Anatum*, y *S. ser. Rissen*. No se encontró concordancia en la tasa de aislamiento de *Salmonella* spp. entre ambas marchas. Por ello, la marcha MSRV es más adecuada para el aislamiento de *Salmonella* spp. en cama de aves que la marcha EE.

OT35**Secado spray del rizobio *Ensifer meliloti*: análisis de la viabilidad a lo largo del tiempo y caracterización morfológica por SEM**Alvarez Strazzi, F.B.¹; Perez, V.¹; Carezzano, E.¹; Bogino, P.¹; Giordano, W.¹

¹Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS), CONICET, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

veronicaceperez@gmail.com

La agricultura moderna enfrenta desafíos críticos como el crecimiento poblacional acelerado, el cambio climático y la degradación del suelo, lo que compromete la sostenibilidad a futuro. El uso intensivo de pesticidas y fertilizantes químicos para mejorar la productividad de los cultivos es una práctica extendida, aunque con consecuencias negativas sobre la salud humana y el ambiente. En este escenario, los biofertilizantes o inoculantes microbianos basados en rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal representan una alternativa sustentable, siendo los rizobios fijadores de nitrógeno simbiotes de plantas leguminosas los más utilizados. Un aspecto crucial para el éxito de estos productos es la formulación, que es el proceso de incorporación de las cepas microbianas en una matriz portadora, de manera que garantice viabilidad, estabilidad y facilidad de aplicación. Los inoculantes líquidos tradicionales presentan limitaciones como vida útil reducida, problemas de transporte y escasa estabilidad. En consecuencia, desarrollar formulaciones en otros formatos como polvos se posiciona como una estrategia innovadora y prometedora. El secado por aspersión (spray drying) es una técnica ampliamente usada en la industria alimentaria para encapsular microorganismos y protegerlos de condiciones adversas. Entre sus ventajas se destacan la alta velocidad de procesamiento, reproducibilidad, escalabilidad y bajo costo. Sin embargo, el uso de altas temperaturas puede comprometer la viabilidad bacteriana. El objetivo de este trabajo fue optimizar, a escala de laboratorio, el secado por aspersión del rizobio simbiote de alfalfa *Ensifer meliloti* mediante el diseño de distintas formulaciones, su caracterización mediante microscopía electrónica de barrido (SEM) y la evaluación de su estabilidad en el tiempo. Se utilizó un Mini Spray Dryer B-290 (BUCHI, Labortechnik AG), probando seis formulaciones conteniendo diferentes proporciones de alginato, maltodextrina, goma arábiga y proteínas de soja. La viabilidad se evaluó mediante recuento de colonias (UFC/g) cada 4 semanas durante 16 semanas, bajo condiciones de almacenamiento a temperatura ambiente en frascos herméticos. Todos los análisis se realizaron por triplicado. Los productos fueron observados por SEM para caracterizar su morfología antes y después de una hidratación rápida. Los resultados indicaron que la formulación F4 (1:14, alginato:goma arábiga) permitió una conservación superior de la viabilidad bacteriana tanto post-secado como a lo largo del almacenamiento. Las imágenes SEM mostraron polvos homogéneos, sin aglomerados y con partículas esféricas. En los formulados F3 (goma arábiga 15%) y F4, las bacterias encapsuladas conservaron su morfología bacilar (aproximadamente 2 µm) tras la rehidratación.

OT36**Hacia una detección rápida de *Brettanomyces bruxellensis* en la industria vitivinícola: citometría de flujo y FISH como alternativas innovadoras**

Sturm, M.E.²; Luna, A.B.²; Chimeno, S.V.²; Rojo, M.C.^{1,2}; Mercado, L.²; Combina, M.^{1,2}, Lerena, M.C.^{1,2}

¹ Centro Regional Mendoza, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CCT Mendoza CONICET). Avenida Ruiz Leal s/n, Parque General San Martín, Mendoza, Argentina. ² Estación Experimental Agropecuaria Mendoza, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (EEA Mendoza INTA). San Martín 3853, Mayor Drummond, Mendoza, Argentina.

lerena.cecilia@inta.gob.ar

Brettanomyces bruxellensis es la principal levadura contaminante de vinos tintos. Su metabolismo genera defectos que afectan negativamente la calidad organoléptica de los vinos. Este tipo de alteraciones microbiológicas causan importantes pérdidas económicas en la industria del vino. Es por ello, que las bodegas realizan monitoreos microbiológicos permanentes para controlar esta levadura. Actualmente la detección de *B. bruxellensis* se realiza mediante siembra y cultivo en medios selectivos, cuya principal desventaja es el elevado tiempo para la obtención del resultado (días) lo que dificulta la toma de decisión en momentos críticos. Los métodos rápidos de detección de *B. bruxellensis* surgen como una alternativa que proporciona resultados precisos en pocas horas, acelerando las acciones necesarias para prevenir los posibles desvíos asociados a sus productos. La citometría de flujo (CF) es una técnica analítica con enorme potencial para analizar un gran número de células en pocos minutos, es sencilla, sensible y específica. La complementación de CF con marcadores fluorescentes específicos aumenta notablemente el potencial de la técnica. FISH (Fluorescence In Situ Hybridization) es un método de detección independiente de cultivo, que permite la identificación específica de especies microbianas usando sondas fluorescentes. El objetivo de este trabajo fue la puesta a punto de un método de detección de *B. bruxellensis* mediante FISH acoplado a CF. Para ello se utilizó una sonda de ADN (Dkb271) capaz de hibridar específicamente con una secuencia conservada de ARN ribosomal 26S de *B. bruxellensis*. Se evaluaron dos fluoróforos (Cy5.5 y FAM) acoplados a la sonda Dkb271. Los resultados con la sonda FAM fueron los más promisorios. Se observó una elevada eficiencia para la detección en dos cepas de *B. bruxellensis*: CH29 y CH30. El uso de formamida es necesario para ajustar las condiciones de hibridación, sin embargo, es un compuesto altamente tóxico. En este sentido, se evaluaron diferentes porcentajes de formamida incluido el buffer de hibridación, logrando muy buenos resultados aun usando 5% de formamida. Finalmente, se evaluó la detección de *B. bruxellensis* tanto en medio de cultivo como en vino tinto, obteniendo elevados porcentajes de detección en ambas matrices. En conclusión, la implementación de esta metodología propone una innovadora solución para la detección de *B. bruxellensis* en vino, la cual puede ofrecerse como un servicio rápido que permita acciones preventivas a las bodegas, minimizando la aparición de defectos asociados a esta levadura.

OT37

Degradación de oxitetraciclina por una comunidad bacteriana con capacidad de degradar xenobioticos

Gutierrez, M.¹; Acuña, A.²; Pucci, G.¹

¹ CEIMA- Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud - Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco, Comodoro Rivadavia, Chubut, Argentina.

² UTN – Río Gallegos, Santa Cruz, Argentina.

gutierrez.me@hotmail.com

La oxitetraciclina (OTC) es un miembro importante de las tetraciclinas, ampliamente utilizado. Desde hace décadas se considera a los antibióticos como contaminantes emergentes. El objetivo de la investigación fue investigar la cinética de degradación de la OTC en medio líquido con la utilización de bacterias provenientes de suelos contaminados con hidrocarburos en condiciones aeróbicas de laboratorio. La comunidad bacteriana se obtuvo de suelo de la cuenca del Golfo San Jorge, con exposición crónica a hidrocarburos. El ensayo se realizó en medio mineral líquido con OTC (20 ppm) a 28 °C con agitación constante durante 7 días. El seguimiento se realizó por mediciones a 600 nm en espectro UV y la degradación de OTC mediante HPLC - fluorescencia con excitación a 382 nm y emisión a 524 nm, también se realizaron recuento de bacterias aerobias totales, capacidad hemolítica, índice de emulsificación, aislamiento e identificación de bacterias por FAMES y se evaluó la capacidad de estas aisladas para crecer a expensas del OTC. Se buscó mediante PCR la presencia del gen *tetx* asociado a monoxigenasas dependientes de flavina específicas de tetraciclinas. Los resultados confirmaron la presencia de una comunidad capaz de degradar OTC en un 58,04 % con un incremento de $1,18 \times 10^8$ a $3,02 \times 10^9$ UFC/ml en 7 días. Se aislaron e identificaron 7 cepas: *Ochrobactrum anthropi*, *Microbacterium chocolatum*, *Achromobacter xylosoxidans*, *Bacillus cereus* subgrupo A y tres *Pseudomonas aeruginosa*. Individualmente, *P. aeruginosa* degradó entre 21,16 % - 26,37 %, *O. anthropi* 25,62 %, *M. chocolatum* 31,67 %, 6,88 %, mientras que *B. cereus* no mostró degradación de OTC. El perfil de ácidos grasos indicó marcadores Gram negativos (cy17:0 y 18:1w7c) en 35,19 %; Gram positivos (5:0, a15:0, i15:0, 16:0, a17:0, i17:0) en 20,22 % y presencia fúngica (18:2w6c) en 0,26 %. La capacidad de producir emulsificantes solo estuvo presente en las cepas de *P. aeruginosa*, con la actividad hemolítica y bajos índices de emulsificación (11,43 %, 5,71 % y 5,71 %) y en *M. chocolatum* 10,05 %. El gen *tetx* fue detectado en todas las cepas y en la comunidad. La comunidad bacteriana demostró que puede degradar OTC y emplearla como única fuente de carbono y energía. El *M. chocolatum* presentó la mayor degradación de OTC (31,67 %). La actividad hemolítica y producción de espuma observada en *P. aeruginosa* podría relacionarse a la producción de rhamnolipidos biosurfactantes que favorecerían la degradación de OTC. Los ensayos moleculares confirmaron en la comunidad la presencia de la monoxigenasa dependiente de flavina *tetx*.

OT38**Micobiota asociada a silajes de maíz destinados al ganado lechero**Castellari, C.C.¹; Poo, J.I.^{1,2}; Fernández, M.¹; Marcos Valle, F.J.^{1,3}¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina.²EEA Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Balcarce, Buenos Aires, Argentina.³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina.fzmacarena@gmail.com

El silaje de maíz constituye la fuente de fibra y energía más importante de las raciones destinadas al ganado lechero a nivel mundial, ya que puede ser almacenado por largo tiempo manteniendo su calidad. La principal desventaja se asocia con la presencia de levaduras y hongos potencialmente micotoxigénicos, como *Fusarium* sp. y *Aspergillus* sp., que contaminan el maíz durante el cultivo ocasionando la reducción del valor nutritivo y la producción de micotoxinas, aún en el almacenamiento, con efectos negativos para el ganado. Si bien se conoce que el picado y compactado del forraje favorecen la reducción del O₂ y la fermentación láctica limitando el desarrollo fúngico, es relevante determinar la abundancia y composición de la micobiota en el silaje estabilizado, estudio que constituyó el objetivo del trabajo. Se analizaron 55 muestras de silajes de planta entera de maíz, confeccionados en el año 2024, ubicados en las provincias de Córdoba, Santa Fe, La Pampa y Buenos Aires. Se determinó el pH de cada muestra (relación 2:1) y la abundancia (UFC/g) y frecuencia de aislamiento (%) de hongos filamentosos (HF) y levaduras (L), con la técnica de recuento directo en medio de cultivo agar papa glucosa (2%), e incubación a 28 °C. A los tres y cinco días se registró el número de UFC/g de HF y L y la frecuencia de aislamiento. La identificación de los HF se realizó con taxonomía convencional. Se evaluó la relación entre el pH y la abundancia de la micobiota, (log₁₀ UFC/g), con el coeficiente de *Spearman*. El 93% de las muestras presentaron HF. *Fusarium* sp. se aisló en el 25,45% de las muestras y *Aspergillus* sp. en el 1,8%. La Pampa registró los recuentos de HF más elevados (1,22×10⁸ UFC/g), seguida por Buenos Aires (1,08×10⁷ UFC/g) y Santa Fe (8,70×10⁴ UFC/g). En Córdoba no se detectaron HF. Respecto de las L, la abundancia fue similar entre provincias, con recuentos del orden de 10⁷ UFC/g. Se identificaron correlaciones positivas entre el pH y la abundancia de L en Buenos Aires (r = 0,66; p = 0,0004) y La Pampa (r = 0,90; p = 0,0079). A pH ≤ 4, los recuentos de L fueron bajos o nulos (log₁₀ UFC/g ≈ 0) y a pH > 4,5 dichos recuentos se incrementaron a 8 log₁₀ UFC/g. Los resultados sugieren prevenir el crecimiento de HF en maíces a ensilar, ya que persisten en ambientes desfavorables y, con altos recuentos, limitan la aptitud de estos forrajes para ser destinados al consumo de animales de alta producción.

OT39**Aptitud bacteriológica de aguas de pozo en el sudeste bonaerense: ¿consumo seguro?**

Marcos Valle, F.J.^{1,2}; Castellari, C.C.¹; Fernández, M.¹; Colavita, A.¹

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Balcarce, Buenos Aires, Argentina.

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

fmarcosvalle@mdp.edu.ar

En la región Pampeana, la fuente de agua más frecuente es la subterránea y, a través de esta se pueden transmitir microorganismos potencialmente patógenos, por lo cual, resulta de especial importancia conocer su aptitud para consumo humano. El objetivo de la presente investigación fue determinar la aptitud bacteriológica de aguas de pozo para consumo humano en el sudeste bonaerense. Durante diferentes estaciones climáticas del período 2021-2025, se obtuvieron 172 muestras de agua de pozo, correspondientes a 30 sitios pertenecientes a los partidos bonaerenses de Balcarce, Lobería, Tres Arroyos y General Pueyrredón. Se analizaron los parámetros bacteriológicos que establece el Código Alimentario Argentino (CAA) para determinar la aptitud bacteriológica del agua para consumo humano: cuantificación de Coliformes Totales (CT), ausencia de *Pseudomonas aeruginosa*, ausencia de *Escherichia coli* y recuento de bacterias aerobias mesófilas totales (BAMT), según la metodología establecida por el Artículo 982, Cap. XII del CAA (Res. 22/2021). En general, durante el período analizado, predominaron las muestras bacteriológicamente no aptas para consumo (máximo en 2022 con 66,70%), con excepción del 2021, donde la distribución entre aptas y no aptas fue equilibrada. De un total de 99 muestras clasificadas como no aptas durante el período evaluado, el 96% superó el límite establecido para CT, posicionando a este parámetro como el principal indicador de no aptitud bacteriológica del agua. Dentro de este grupo, el 14% correspondió a Coliformes Termotolerantes o Fecales (CF), indicación de contaminación fecal reciente. El parámetro BAMT condicionó la no aptitud de las muestras no aptas en el 22% de los casos; *E. coli* en el 8%; y *P. aeruginosa* en el 7%. Al agrupar los resultados por estación climática, en la primavera se evidenció el mayor porcentaje de muestras aptas para consumo (65,60%), mientras que en el verano la mayoría de las muestras resultaron no aptas para consumo (76,90%), lo que podría asociarse con las mayores temperaturas del ambiente que favorecen el crecimiento bacteriano. Las estaciones de otoño e invierno exhibieron porcentajes similares de aptitud, con un 38,70 % y 38,20 %, respectivamente. Estos resultados indican que la contaminación bacteriológica general, evidenciada por la alta frecuencia de CT por encima de los límites permitidos por el CAA, fue la principal causa de no aptitud para consumo humano. Los resultados determinados por estación climática destacan la importancia de intensificar el monitoreo de calidad bacteriológica de las aguas durante el verano.

OT40**Análisis de comunidades microbianas en sistemas de cama compost y su asociación con enfermedades mamarias**

Caminati, M.F.¹; Cerioli, M.F.¹; Sambucetti, N.²; Raviolo, J.M.²; Caminati, M.B.¹; Monge, J.L.³; Moliva, M.¹; García, M.J.¹; Reinoso, E.¹

¹INBIAS -CONICET UNRC. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

²Fac AyV UNRC. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

³UNVM/IAPCBA UNVM. Villa María, Córdoba, Argentina.

mcaminati@exa.unrc.edu.ar

La lechería es una actividad productiva central. En este contexto, los sistemas de cama compost como el *compost barn* con cama caliente (CC) y su variante de cama fría (CF) ofrecen un entorno que puede influir en la salud mamaria del ganado. La mastitis bovina está vinculada a bacterias provenientes del ambiente. En este estudio se analizaron los microorganismos presentes en cama compost de distintos sistemas y su posible relación con la mastitis bovina, comparándolas con los microorganismos aislados de leche de tanque. Se tomaron muestras en dos tambos en el periodo estival 2024: uno con sistema de CC con cáscara de maní como sustrato y otro con CF sin sustrato adicional. En cada uno, se tomó una muestra compuesta mediante un pool de seis puntos representativos y una muestra de leche de tanque. Las muestras se analizaron mediante microbiología convencional. En el tambo CC, se aisló *Acinetobacter* spp., una bacteria ambiental termorresistente y oportunista. También se detectaron *Aeromonas* spp. en menor frecuencia. En la muestra de leche de tanque se aislaron posibles *Pseudomonas* spp. y enterobacterias compatibles con *Klebsiella* spp., patógenos ambientales, posiblemente contaminantes del sistema de ordeño. En el tambo CF, las bacterias predominantes fueron *Bacillus* spp., que se comportan como patógenos oportunistas. Además, se aislaron *Staphylococcus coagulasa-negativos*, *Streptococcus* alfa-hemolíticos y levaduras, productores de mastitis subclínicas. En la leche de tanque, se aislaron mayormente *Streptococcus* spp. y levaduras en menor proporción. Los resultados preliminares sugieren que el tipo de cama compost utilizado en los sistemas de alojamiento lechero influye en la composición microbiana del ambiente y, potencialmente, en la salud mamaria del rodeo. En el sistema de CC, se aislaron bacterias ambientales oportunistas como *Acinetobacter* spp., *Aeromonas* spp. y patógenos típicos de contaminación ambiental. En el sistema CF, predominaron bacterias benéficas como *Bacillus* spp., además de microorganismos asociados a mastitis subclínica, como *Staphylococcus coagulasa-negativos* y *Streptococcus* spp. Los resultados destacan la importancia de monitorear las comunidades microbianas de las camas compost para comprender su posible vínculo con la incidencia de mastitis bovina y mejorar las estrategias de control.

OT41**Preservación por liofilización de cepas psicrótrofas nativas patagónicas para optimizar su viabilidad en microvinificaciones a bajas temperaturas**

Flores, E.F.¹; Navarro, M.²; Semorile, L.¹; Valdes La Hens, D.¹

¹CIC. La Plata, Bs. As., Argentina.

²CONICET. CABA, Bs. As., Argentina.

naiflores9007@gmail.com

La vinificación en la región Patagónica ocurre a temperaturas bajas (entre 8 y 18 °C), afectando la viabilidad de las bacterias ácido lácticas (BAL), responsables de liderar la fermentación maloláctica (FML). Por lo que, las bodegas deben calentar el ambiente de fermentación incrementando los costos de producción. En Argentina los iniciadores malolácticos (IM) comerciales son formulados con BAL foráneas, lo que atenta contra la tipicidad regional. Una solución sustentable a esta problemática es el diseño de un IM con BAL nativas psicrótrofas con demostrado potencial para conducir fermentaciones a bajas temperaturas. Los IM se comercializan en formato deshidratado para evitar contaminación y mejorar la preservación, sin embargo, este proceso produce la pérdida de viabilidad celular. Como objetivo se plantea optimizar la preservación por liofilización de BAL psicrótrofas nativas para conducir la FML en vino sintético a bajas temperaturas. Se utilizaron cepas de *Oenococcus oeni* (UNQOe19) y de *Lentilactobacillus hilgardii* (UNQLh1.1), estas se sometieron a aclimatación (cultivo en medio de aclimatación incubado a 21 °C por 48 hs) y no aclimatación para evaluar su tolerancia a la preservación por liofilización. Para liofilizar, las cepas se centrifugaron (5000 rpm, 10 min), se resuspendieron en solución fisiológica y se fraccionaron alícuotas de 1 ml. Se centrifugaron una vez más y fueron resuspendidas en 200 µl del agente protector: maltodextrina (MD) y trehalosa (TR), al 20 %. Se congelaron a -80 °C por 72 horas y se deshidrataron por liofilización (BIOBASE freeze dryer system/BK-FD10P, Shandong, China) durante 24 hs (temperatura del condensador: -60 °C; presión de la cámara: 10 Pa). La rehidratación se realizó con caldo MLO o MRS según corresponda por 24 hs a temperatura ambiente. Las muestras aclimatadas y liofilizadas en MD y TR fueron inoculadas al 1% en vino sintético (pH: 3,6 y 12 % etanol) e incubadas a 10 °C y 21 °C. Se monitoreó la viabilidad por recuento de viables y el consumo de ácido málico mediante kit (*L-Malic Acid Enology Enzymatic kit*, BioSystems SA, Barcelona, España) a diferentes tiempos (0, 5, 8, 12 y 15 días). Los resultados mostraron que las cepas se preservaron más eficientemente en los tratamientos aclimatados, consumieron ácido L-málico, y se mantuvieron viables al ser inoculadas en vino sintético a ambas temperaturas. Esto sugiere la posibilidad de emplear iniciadores malolácticos en formato deshidratado (sólido) para optimizar su preservación a largo plazo. La formulación de IM con cepas nativas seleccionadas por su potencial tecnológico resulta una estrategia de gran impacto sobre el sector vitivinícola y las economías regionales.

OT42**Aplicación de un cóctel enzimático enriquecido en β -glucosidasa de *Schizophyllum commune* en la valorización de residuos cítricos**

Barua, R.C.^{1,2}; Coniglio, R.O.^{1,2}; Zapata, P.D.^{1,2}; Fonseca, M.I.^{1,2}

¹Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones. Laboratorio de Biotecnología Molecular. Posadas/Misiones, Argentina.

²CONICET. Buenos Aires, Argentina.

baruaceleste@gmail.com

La industria citrícola genera grandes volúmenes de residuos cuyo manejo inadecuado puede representar un problema ambiental. En este contexto, la valorización biotecnológica de estos subproductos mediante microorganismos capaces de producir β -glucosidasas (BGLs) —enzimas involucradas en la liberación de fenoles— constituye una estrategia promisorio para la bioeconomía circular, por su potencial en la obtención de compuestos antioxidantes de interés en las industrias alimentaria, cosmética y de la salud. El objetivo de este trabajo fue evaluar la aplicación de un cóctel enzimático enriquecido en BGLs obtenido a partir del cultivo de *Schizophyllum commune* LBM026, para realizar una extracción de fenoles asistida por enzima (EAE) sobre cáscara de naranja como pretratamiento. Para la EAE se aplicaron 40 U de enzima (8 mL de cóctel) en buffer acetato de Na pH 4,8 (17 mL), sobre 5 g de cáscara de naranja seca (1:5 p/v), incubando 6 h a 55 °C y 130 rpm. El sobrenadante fue recuperado y el sólido tratado fue sometido a extracciones hidroalcohólicas sucesivas (etanol:agua 80:20, 60:40 y 40:60 v/v). Se realizaron controles con Viscozyme® (40 U), buffer y tratamiento convencional directo. Todos los ensayos se realizaron por duplicado. Se determinaron fenoles totales por el método de Folin-Ciocalteu (mg GAE/g), y capacidad antioxidante por ABTS (mg AAE/g) y DPPH (mg GAE/g). El análisis estadístico fue realizado mediante Two-way ANOVA y prueba de Tukey ($p < 0,05$). Durante el pretratamiento, la EAE con el cóctel mostró la mayor liberación de fenoles: 33,42 mg GAE/g de fenoles, 27,05 mg AAE/g por ABTS y 2,09 mg GAE/g por DPPH. Estos valores fueron superiores a Viscozyme (22,20 mg GAE/g; 24,30 mg AAE/g; 2,07 mg GAE/g; $p < 0,05$ excepto DPPH), buffer (16,75 mg GAE/g; 19,28 mg AAE/g; 1,47 mg GAE/g; $p < 0,05$) y extracción convencional directa (9,60 mg GAE/g; 4,08 mg AAE/g; 0,29 mg GAE/g; $p < 0,05$). La extracción convencional directa 80:20 mostró mayor concentración de fenoles (9,60 mg GAE/g; $p < 0,05$) frente a las extracciones hidroalcohólicas posteriores a los pretratamientos, sin embargo, estos extractos presentaron mayor capacidad antioxidante específica por ABTS $p < 0,05$ (Viscozyme: 12,12 mg AAE/g; EAE: 5,67 mg AAE/g; convencional: 4,08 mg AAE/g). En DPPH no hubo diferencias significativas. Estos resultados indican que la EAE con el cóctel enzimático de *S. commune* mejora la eficiencia de extracción de fenoles en fase acuosa y permite reducir el uso de solventes, constituyendo una estrategia sustentable para la valorización de residuos agroindustriales.

OT43**Producción optimizada de Xyl10E y evaluación de aplicaciones de xilo-oligosacáridos obtenidos mediante hidrólisis de bagazo de *Sorghum bicolor* pretratado**

Bruno Baron, C.A.¹; Mon, M.L.¹; Pereyra, C.²; Malito, J.P.²; Maldonado, N.³; Nader-Macías, F.³; Talia, P.M.¹

¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), IncuINTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

³Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

brunobaron.camila@inta.gob.ar

Las xilanasas presentan un gran interés industrial por su capacidad de degradar hemicelulosa, generando compuestos de valor agregado, como los xilo-oligosacáridos (XOs). En este trabajo se propuso optimizar la producción a mayor escala de una enzima bifuncional, con actividad β -1,4-endoxilanasas y β -glucanasa, perteneciente a la familia de glicosil hidrolasas 10, Xyl10E desarrollada y caracterizada previamente por nuestro grupo de trabajo y evaluar posibles aplicaciones funcionales (capacidad antioxidante y efecto prebiótico) de los XOs generados por hidrólisis de un extracto hemicelulósico de bagazo de *Sorghum bicolor* obtenido mediante pretratamiento con KOH 2N (BS-KOH). La producción de Xyl10E se optimizó aumentando el volumen de cultivo de 200 mL a 600 mL y evaluando los medios Luria-Bertani y Terrific Broth en matraces Erlenmeyer de 2 L con y sin deflectores. La expresión fue inducida con lactosa y la enzima, que contiene una etiqueta His en el extremo N-terminal, fue purificada por cromatografía de afinidad. La combinación más eficiente fue obtenida en medio TB con deflectores (rendimiento 135,66 mg/L). Asimismo, la enzima reveló una actividad específica de 43 U/mg sobre BS-KOH. Posteriormente, se incubaron 60 U de enzima con 10 % (p/v) de BS-KOH a 40 °C durante 6 h, en 10 mL. El hidrolizado fue centrifugado y el sobrenadante concentrado por filtración centrífuga (Sartorius, corte 5 kDa, 3700 g). Los XOs se cuantificaron mediante el método del ácido 3,5-dinitrosalicílico usando xilosa como estándar. El perfil de XOs se determinó por cromatografía en capa delgada, identificándose xilobiosa, xilotriosa, xilotetraosa y xilopentaosa, con un rendimiento total de 30 mg/mL. La capacidad antioxidante de los XOs fue evaluada mediante ensayos con radicales DPPH y ABTS respectivamente, usando Trolox como control positivo. Se observó una inhibición creciente de radicales con el aumento de la concentración de XOs. También fue evaluado el efecto prebiótico de los XOs en concentraciones de 3, 15 y 30 mg/mL, usando *Ligilactobacillus murinus* CRL1695 y *L. salivarius* CRL1702 (CERELA). Ensayos preliminares revelaron que ambas cepas presentaron mayor crecimiento a mayor concentración de XOs, lo que sugiere su potencial aplicación como prebióticos. Los resultados respaldan una estrategia eficiente de producción de Xyl10E y el valor funcional de los XOs.

OT44

Microorganismos multidrogorresistentes en agua del río El Tixcuco y de red de Colonia Prados de San Miguel, Municipio de San Miguel, El Salvador

Rodríguez-Beltrán, A.P.¹; Guevara-Franco, L.A.¹; Portillo-de-Pérez, A.G.¹; Morán-Rodríguez, A.E.²

¹Departamento de Biología Celular y Molecular, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Universidad de El Salvador. San Salvador.

²Laboratorio de Microbiología y Biotecnología, Centro de Investigación y Desarrollo en Salud, Universidad de El Salvador. San Salvador.

amy.moran@ues.edu.sv

La contaminación del agua tiene repercusión sobre la salud del medio ambiente y los seres humanos. En ella pueden encontrarse diversidad de patógenos, entre ellos bacterias multidrogresistentes como *Klebsiella* y *Pseudomonas* que son un problema de salud pública global. El río El Tixcuco ubicado en el Municipio de San Miguel, Departamento de San Miguel, atraviesa diversas colonias y fluye cerca del pozo que abastece la Colonia Prados. Por ello, en este estudio se evaluó la calidad microbiológica del agua del río El Tixcuco y la red de Colonia Prados, para determinar si era apta para los usos destinados, y de ahí identificar la presencia de microorganismos multidrogresistentes en ambas fuentes. Se colectaron 24 muestras de agua de río (8 puntos) y 24 de la red de agua (24 puntos). Se realizó el conteo de coliformes totales (CT), fecales (CF) y *Escherichia coli* para determinar el número más probable (NMP). A los aislados de *Klebsiella* y *Pseudomonas* obtenidos se les determinaron perfiles de susceptibilidad/resistencia por el método de Kirby Bauer. El 100% de las muestras de agua de río presentó altas concentraciones de CF y *Escherichia coli* (2×10^6 – 1.6×10^9 NMP/100mL). El 45.83% y 29.16% del agua de red presentaron concentraciones superiores de CT y CF respectivamente, con respecto a los límites permitidos por la normativa salvadoreña (<1.1 NMP/100mL). Se obtuvieron 11 aislados de *Klebsiella* (2 especies *K.oxytoca* y 9 de *K.pneumoniae*) que presentaron resistencia a amoxicilina/clavulánico, penicilina, fosfomicina y cefalotina. Se obtuvieron 16 aislados de *Pseudomonas* con resistencia a tetraciclina, amikacina, imipenem, ciprofloxacina, cefepime, amoxicilina/clavulánico, gentamicina y fosfomicina. De los aislados evaluados, el 18.75% y 6.25% presentaron resistencia a 3 y 4 familias respectivamente. En conclusión, el agua del río El Tixcuco no es apta para realizar actividades humanas, ya que sobrepasa los límites microbiológicos permitidos por el Ministerio de Medio Ambiente y Recursos Naturales (MARN). Además, un porcentaje de las muestras de agua de la red tampoco cumple con los parámetros microbiológicos establecidos en el RTS 13.02.01:14 y por lo tanto no es apta para el consumo humano. Por último, se demostró la circulación de bacterias resistentes en el agua del río El Tixcuco y la red de abastecimiento, lo cual representa un riesgo para la salud pública ya que dichas bacterias pueden distribuirse a diversas zonas y entre comunidades bacterianas.

OT45**Evaluación del crecimiento y esporulación de *Cylindrocladium* sp. en diferentes medios de cultivo**

Ortiz, N.L.^{1,2}; Dirchwolf, P.M.²; Duarte, M.J.^{1,2}; Sansberro, P.A.^{1,2}; Galdeano, E.^{1,2}

¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET – UNNE). Corrientes, Argentina.

²Facultad de Ciencias Agrarias – UNNE. Corrientes, Argentina.

nicolas.ortiz8875@gmail.com

Cylindrocladium (Cy.) es un género polífago causante de grandes pérdidas económicas en la producción agrícola y forestal de cultivos de regiones tropicales y subtropicales a nivel mundial. En nuestro país, al igual que en Brasil y Paraguay, ha sido reportado como agente causal de la mancha negra de la yerba mate (YM) enfermedad que produce defoliación severa, con la consecuente disminución del rendimiento. Con el objetivo de determinar las condiciones óptimas de crecimiento y producción de esporas para posteriormente estandarizar pruebas de patogenicidad, se evaluaron 8 medios de cultivo y seguidamente, seleccionando el medio que optimizó el desarrollo del patógeno, se analizó el efecto de 4 temperaturas de incubación. Discos de micelio de 4 mm de diámetro se sembraron en agar papa glucosado elaborado APGe (extracto de levadura 1 g, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0,5 g, sacarosa 10 g, puré de papas instantáneo 5 g, agar 15 g, H_2O 1L), APG comercial, extracto de malta (MAL), medio avena (AVE) (harina de avena 20 g, sacarosa 20 g, agar 15 g, H_2O 1L), medio hojas de YM (AHY) (hojas frescas de YM 200 g, sacarosa 20 g, agar 15 g, cloranfenicol 500 μl , H_2O 1L), medio YM elaborada (AYE) (YM elaborada 150 g, sacarosa 20 g, agar 15 g, cloranfenicol 500 μl , H_2O 1L), SNA (Synthetic nutrient-poor agar) y MSA (Minimal salt agar). Se evaluó el diámetro de colonia y la esporulación a los 15 días. Luego, se inoculó de igual manera en el medio que presentó mejor comportamiento, incubando a 6°C, 26°C, 30°C y 35°C, durante 15 días y se midió el diámetro de colonia. Se realizó un ANOVA, presentando diferencias significativas entre tratamientos ($p < 0,0001$). La prueba de Tukey ($\alpha = 0,05$) reveló que AVE presentó mayor crecimiento ($89,67 \pm 0,33$ mm), sin diferencias estadísticas con APGe, MAL, AHY y AYE. En cambio, fue significativamente superior a MSA y APG, cuyas medias fueron de $30 \pm 2,56$ mm y $58 \pm 0,33$ mm, respectivamente. AYE se destacó ampliamente en la producción de esporas sobre el resto, principalmente sobre APG donde no se observó esporulación alguna, pero si una gran cantidad de clamidosporas. La temperatura de 26 °C favoreció el crecimiento óptimo de Cy ($81,67 \pm 0,16$ mm). A 6 °C aún se registró desarrollo micelial, con $17,33 \pm 2,08$ mm, lo que indica tolerancia a bajas temperaturas. A 30 °C, el crecimiento se redujo significativamente ($6,83 \pm 0,29$ mm), mientras que a 35 °C no se observó crecimiento, lo que sugiere que esta constituye la temperatura máxima letal. Estos resultados son fundamentales para producir inóculo en abundancia, que luego se utilizará en experimentos controlados con plantas de yerba mate.

OT46**Selección de Levaduras Vínicas del Área de Angastaco – Valles Calchaquies, Salta**Poggio, F.¹; Sánchez, M.L.²; Barrio, A.¹¹ Universidad Nacional de Salta. Salta. Prov. de Salta. Argentina.² Universidad Nacional de Cuyo. Luján de Cuyo. Prov. de Mendoza. Argentina.francapoggioduivivier@gmail.com

La selección y el empleo de microorganismos autóctonos propios del *terroir* para conducir la vinificación, se presenta como un poderoso instrumento para mejorar las características organolépticas y sensoriales del vino producido en su propia región habilitando a certificaciones de calidad que agregan valor al producto. El objetivo del trabajo fue: Seleccionar levaduras *Saccharomyces cerevisiae*, con características favorables para vinificar. Las uvas se tomaron de un viñedo en Angastaco localidad del dpto de San Carlos, Prov. de Salta en Valles Calchaquíes a 1990 msnm, 25°41'34.584"S 66°10'35.472"O. Se obtuvieron 13 aislados de los cuales se analizaron 7 (M3.10, M7.1, M7.2A, M7.4, M7.5A, M7.6, M7.9) y una cepa *S. cerevisiae* comercial (LSA) como control. Los ensayos se realizaron por triplicado con cultivos en fase de crecimiento exponencial. Se aplicaron: Criterios de Diferenciación para clasificar en grupos *Saccharomyces* (S) y No *Saccharomyces* (NS) (forma celular, formación de esporas en agar Acetato, desarrollo en WL y en Lisina); Criterios Tecnológicos para establecer la eficiencia en el proceso de fermentación (tolerancia al etanol, poder (PF) y cinética de fermentación, resistencia al anhídrido sulfuroso, formación de sedimento, capacidad de fermentar glucosa y fructosa, producción de espuma, film o anillo) y Criterios Cualitativos, (actividad β -glucosidasa, formación de ác. acético y/o ác. sulfhídrico). El análisis de resultados se llevó a cabo utilizando el software InfoStat versión 2017. Resultados: de los 7 aislados, n=5 (M3.10, M7.2A, M7.5A, M7.6, M7.9) correspondieron al grupo (S) y n=2 (M7.1 y 7.4) a (NS). Los aislados (S), presentaron velocidad en fase de latencia menor a LSA, con una aceleración en la fase logarítmica, similar a LSA. El aislado M7.2A, exhibió una velocidad en fase logarítmica superior a LSA (diferencias no significativas). Al calcular el (PF), los valores fueron menores a 12% de alcohol, siendo LSA (PF=9,16) y M7.2A (PF=10,53), los que alcanzaron mayores niveles. Se observó hasta un 15% de tolerancia al etanol (excepto M7.6 12%), resistencia hasta 200 ppm de SO₂, capacidad de fermentar tanto glucosa como fructosa, formación de sedimento y ninguno formó espuma, película o anillo. En las pruebas cualitativas no se observó actividad β -glucosidasa. Presentaron trazas (M3.10, M7.2A, M7.5A) o baja producción (M7.9, M7.6, LSA) de ac. acético. Exhibieron mediana formación (M3.10 y LSA), baja (7.2A y M7.6) y trazas (M7.5A y M7.9) de ác. sulfhídrico. El aislado M7.2A de acuerdo a lo analizado, sería seleccionado para ser probado en condiciones de vinificación en bodega.

OT47**Prevalencia y perfiles de resistencia antimicrobiana de *Staphylococcus aureus* aislados de cerdos de engorde en Misiones, Argentina**

González, C.¹; Benitez, J.¹; Salvi Grabulosa, M.¹; Grenon, S.¹; von Specht, M.¹

¹Facultad de Ciencias Exactas, Química y Naturales. Universidad Nacional de Misiones. Posadas, Misiones, Argentina.

gconstanza93@gmail.com

En las últimas décadas, han aumentado significativamente las investigaciones sobre *Staphylococcus aureus* (Sau) en reservorios animales. Un grupo epidemiológico relevante constituye *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina asociado al ganado (livestock-associated LA-MRSA), reconocido por su potencial riesgo de transmisión zoonótica y reservorio de genes de resistencia a antimicrobianos. El objetivo del trabajo fue investigar la prevalencia y el perfiles de resistencia antimicrobiana de *S. aureus* aislados de hisopados nasales en cerdos en etapa final de engorde. Se realizó un estudio descriptivo transversal en 4 granjas de cría porcina y engorde de la provincia de Misiones (Argentina), pertenecientes a una empresa privada, durante septiembre de 2024. Se incluyeron cerdos clínicamente sanos en etapa final de engorde (más de 120 días), sin tratamiento antibiótico en las últimas 4 semanas, seleccionados al azar. Se recolectaron hisopados de la cavidad nasal profunda (1 hisopo/animal). Se procesaron mediante técnicas bioquímicas convencionales. Se determinaron los perfiles de sensibilidad mediante método de difusión en agar y automatizado (sistema VITEK® 2) conforme al CLSI (2023). Se ensayaron: Cefoxitina (FOX), Eritromicina (ERY), clindamicina (CLI), Trimetoprima-sulfametoxazol (TMS), gentamicina (GEN), ciprofloxacina (CIP), minociclina (MINO), rifampicina (RIF), linezolid (LNZ), Ceftaroline (CPT), vancomicina y teicoplanina. Se evaluó la presencia de fenotipos, MLSi, MLSb y MLSb+a. Se obtuvieron un total de 91 muestras, en 49 se aisló *Staphylococcus aureus* (54%). Detectamos un marcado predominio de aislamientos sensibles a meticilina (SAMS: 96%), 2 fueron SAMR. Se observó resistencia a ERY y CLI en todos los aislamientos (100%), a CIP (98%) y MINO (90%), GEN (57%) y TMS (44%). El fenotipo MLSb constitutivo fue predominante (92,9%:13/14) y un aislamiento exhibió resistencia a estreptograminas A y B (SGA+SGB). No se detectó resistencia a glicopéptidos, CPT, RIF ni LNZ. Los perfiles de multiresistencia más frecuentes fueron ERY/CLI/MIN/CIP (37/49), TMS/ERY/CLI/MIN/CIP (3/49) y GEN/ERY/MIN/CIP (3/49) aislamientos. Se destaca la alta prevalencia de SAMS resistente a macrólidos y lincosamidas y los perfiles multiresistentes. En particular, la baja frecuencia de SAMR diferente a lo esperado. Se refuerza la necesidad de una vigilancia activa en la producción porcina.

OT48**Evaluación del potencial de bacterias lácticas nativas como inoculantes de ensilados**Lenz, R.M.¹; Audisio, M.C.^{1,2,3}; Ibarguren, C.^{1,4}¹Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI-CONICET-UNSa). Salta, Argentina.²Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de Salta (UNSa). Salta, Argentina.³Facultad de Ingeniería, UNSa. Salta, Argentina.⁴Facultad de Ciencias de la Salud, UNSa. Salta, Argentina.ibargurenc@gmail.com

El ensilaje es una técnica de preservación de forrajes basado en una fermentación láctica de material vegetal, creando un ambiente ácido que inhibe la proliferación de microorganismos indeseables. Los aditivos biológicos, principalmente los compuestos por bacterias lácticas (BAL), constituyen una de las mejores opciones para controlar el ensilaje. Más aún, la aplicación de inoculantes autóctonos o nativos, formulados con BAL aisladas de forrajes naturales, facilita la adaptación al material vegetal. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la sobrevida y el potencial inoculante de distintas combinaciones de cepas nativas de BAL, aisladas previamente de ensilados de maíz y sorgo, en formulaciones de alimento forrajero a base de maíz. Los ensilados se prepararon con plantas recién cortadas, obtenidas de una finca de Chicoana (Salta). Se dispuso de cinco sistemas de ensilado: control (sin agregado de inoculante), Mix 1 (*Lactiplantibacillus plantarum* R3EA, *Pediococcus pentosaceus* A1B2, *Limosilactobacillus reuteri* AUM1), Mix 2 (*P. pentosaceus* A1B2, *L. reuteri* AUM1, *Lactobacillus johnsonii* CRL1647), Mix 3 (*L. plantarum* R3EA, *P. pentosaceus* A1B2, *L. johnsonii* CRL1647), Mix 4 (*L. plantarum* R3EA, *P. pentosaceus* A1B2, *L. reuteri* AUM1, *L. johnsonii* CRL1647). Cada Mix se preparó en una concentración final de 10^4 ufc/mL a partir de células recuperadas de cultivos frescos en caldo MRS (16 h, 37°C, microaerofilia) y lavadas con agua peptona (0,1% p/v). Los minisilos se prepararon colocando 100 g de maíz cortado en pequeñas bolsas herméticas tipo ziploc, añadiendo 1 mL del Mix correspondiente, o agua destilada esteril (control), y homogeneizando antes de cerrar cada silo. Para cada sistema se prepararon 3 minisilos por tiempo de muestreo (0, 1, 2 y 7 días), que fueron incubados a 20°C en microaerofilia durante 7 días. Se monitoreó el pH de cada silo y la sobrevida bacteriana mediante recuento en agar MRS. Todos los sistemas registraron un descenso del pH de 5 a 4 durante los 7 días de ensayo. Además, la viabilidad inicial en medio MRS, cercana a 4,5 log ufc/mL, incrementó a 7 log ufc/mL luego de 2 días de incubación. A partir del día 7, se observó que los sistemas Mix 2, Mix 3 y Mix 4 mantuvieron la viabilidad, mientras que en el control y en Mix 1 se registró una leve disminución. Estos primeros resultados permitieron verificar la sobrevida de las cepas autóctonas aisladas frente a condiciones de ensilaje, con una mejor performance de los Mix 2, 3 y 4; lo cual deberá verificarse ajustando las condiciones experimentales y el tiempo del ensayo.

OT49**Uso de digerido anaeróbico y derivados como fertilizante: efectos sobre el microbioma edáfico y la resistencia a antimicrobianos**

Valero, M.V.¹; Fabiani, C.^{1,2}; Iocoli, G.²; Allegrini, M.³; Zabaloy, C.^{1,2}

¹CERZOS, CONICET – Departamento de Agronomía, UNS. Bahía Blanca, Bs. As, Argentina.

²Departamento de Agronomía, UNS. Bahía Blanca, Bs. As, Argentina.

³Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Zavalla, Argentina.

vickyvalero.22@gmail.com

La producción de biogás a partir de residuos orgánicos genera un efluente rico en materia orgánica y nutrientes. Este digerido anaeróbico (DA) es considerado como un buen fertilizante para la agricultura, y la mezcla con un sustrato sólido como el biocarbón podría facilitar su aplicación. Sin embargo, los DA de estiércoles pueden contener microorganismos y genes de resistencia a antibióticos (GRA) riesgosos para la salud y el ambiente. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de DA de estiércol de *feedlot* solo y combinado con biocarbón sobre el microbioma de un suelo agrícola (SA) y otro ganadero (SG), cultivados con raigrás perenne. Se evaluaron cinco tratamientos de fertilización en un ensayo en macetas (n=3): DA, DA+biocarbón (BF), urea, todos con la misma dosis de N equivalente a 58,33 mgN/kg suelo, biocarbón (BC) y control sin fertilización, aplicados 3 días antes de la siembra. Se obtuvieron las muestras de suelo en el momento de la siembra y a las 10 semanas de iniciado el ensayo, para la extracción del ADN. Luego, se cuantificaron por qPCR los genes del ARNr 16S, *tetW*, *ermB*, *blaCTX* (resistencia a tetraciclinas, macrólidos y β -lactamasas de espectro extendido, respectivamente) e *intI1* (gen de integrasa clase 1 asociado a integrones móviles). Se analizaron los datos por ANOVA de dos factores (uso del suelo y tratamiento) seguido de prueba de Tukey ($\alpha=0,05$). Los resultados mostraron una interacción significativa entre el uso de suelo y de fertilización para el gen del ARNr 16S en el primer muestreo ($p<0,05$), siendo este más abundante en el SA. Las abundancias de los genes de resistencia a antibióticos e *IntI1* no difirieron entre usos de suelo ($p>0,05$) y sólo el gen *tetW* mostró diferencias significativas entre tratamientos para el primer muestreo ($p<0,05$), siendo mayor en el tratamiento con DA respecto al BC. Sin embargo, al final del ensayo (71 días) se observó un aumento significativo en la abundancia de los genes *tetW*, *ermB*, *blaCTX* e *intI1* en el SA respecto al SG ($p<0,01$), independientemente de los tratamientos de fertilización. Este patrón sugiere que la selección de bacterias portadoras de genes de resistencia a antibióticos e integrones móviles podría estar más influenciada por factores asociados al manejo agrícola que a la presencia de estiércoles animales. En particular, la mayor abundancia observada en SA podría deberse a presiones de selección adicionales, como el uso reiterado de agroquímicos, que pueden favorecer la coselección de resistencia mediante mecanismos genéticos compartidos.

OT50

Efecto de la fertilización con digerido anaeróbico de estiércol sobre genes del ciclo del Nitrógeno

Valero, M.V.¹; Fabiani, C.^{1,2}; Iocoli, G.²; Villamil, M.B.³; Zabaloy, M.C.^{1,2}

¹CERZOS, UNS, CONICET. Bahía Blanca, Bs. As, Argentina.

²Departamento de Agronomía, UNS. Bahía Blanca, Bs. As, Argentina.

³ Crop Sciences, University of Illinois at Urbana-Champaign, Illinois, USA.

vickyvalero.22@gmail.com

El uso de fertilizantes orgánicos es una estrategia sostenible que, además de aportar nutrientes, puede influir en la microbiota del suelo. El ciclo del nitrógeno (N), clave para la fertilidad edáfica, está regulado por genes funcionales como *amoA* (nitrificación) y *nirK/nirS* (desnitrificación). Este estudio evaluó el efecto de la fertilización con digerido anaeróbico de estiércol (DAE) y sus derivados sobre la abundancia de genes del ciclo del nitrógeno en un suelo agrícola (SA) y otro ganadero (SG). Se aplicaron cinco tratamientos en un experimento en macetas con raigrás (*Lolium perenne* L.) ($n = 3$): DAE, DAE + biocarbón (BF), urea (U) todos con una dosis equivalente de 58,33 mg N/kg de suelo, biocarbón solo (BC) y un control sin fertilización (C). Los tratamientos se aplicaron tres días antes de la siembra, y se tomaron muestras de suelo al momento de la siembra, y a las tres y diez semanas. Se extrajo ADN del suelo y se cuantificaron por qPCR los genes *nirK*, *nirS* y *amoA* (BOA y AOA). Los datos fueron analizados mediante ANOVA de dos factores (uso de suelo y tratamiento), seguido de test de Tukey ($\alpha = 0,05$). Tres días después de la fertilización, *nirK* presentó mayor abundancia en el SG ($p < 0,05$), mientras que *amoA* de BOA fue más abundante en el SA ($p < 0,001$), sin efecto del tratamiento. A las tres semanas, el uso de suelo afectó significativamente la abundancia de *nirS* (mayor en SA, $p < 0,0001$) y de *nirK* (mayor en SG, $p < 0,05$). Para *amoA*, se observó efecto del tratamiento en BOA y AOA ($p < 0,05$) y además, en AOA, también del uso de suelo ($p < 0,01$) siendo más abundante en el SA. *amoA* de BOA fue más abundante con DAE respecto del control, sin diferencias entre los otros tratamientos. Al finalizar el ensayo, se registró una interacción significativa entre uso de suelo y tratamiento para *nirS* ($p < 0,001$) y *nirK* ($p < 0,05$). En *nirS*, se observó mayor abundancia en el tratamiento DAE del SA en comparación con el SG. Por último, *amoA* de BOA mantuvo una mayor abundancia en el SA respecto al SG, independientemente del tratamiento. Los resultados indican que tanto el uso de suelo como el tratamiento de fertilización influyen en la abundancia de genes del ciclo del nitrógeno. El SA favoreció a *amoA* de BOA y *nirS*, mientras que el SG mostró mayor abundancia de *nirK*. El DAE promovió la actividad de microorganismos nitrificantes y desnitrificantes de forma diferencial según el uso de suelo. Estos resultados resaltan la importancia de considerar la historia de uso del suelo en el diseño de estrategias de fertilización sostenibles tendientes a minimizar las pérdidas de N.

OT51

Identificación taxonómica y antibiogramas de aislamientos bacterianos endófitos nativos de vicia, alfalfa y orégano para su uso potencial como biofertilizantes genéricos

Lucero, C.T.¹; Scarone, N.²; Castaño, R.C.¹; Pagliero, F.¹; García, P.¹; Lorda, G.S.¹

¹Laboratorio de Microbiología Aplicada, FCEyN-UNLPam. Santa Rosa, La Pampa, Argentina.

²Servicio de bacteriología, Hospital Lucio Molas. Santa Rosa, La Pampa, Argentina.

carolinacastanio@gmail.com

Las bacterias promotoras del crecimiento vegetal son de relevancia en la productividad agrícola, ya que constituyen un recurso sustentable para favorecer el crecimiento y rendimiento de los cultivos. Habitan en la rizósfera y colonizan las plantas, ya sea sobre la superficie (epífitos) y/o en el interior de sus tejidos (endófitos). El objetivo de este trabajo es identificar taxonómicamente aislamientos bacterianos seleccionados, sobre los que luego se analizarán propiedades implicadas en la colonización vegetal y su relación con las propiedades promotoras del crecimiento (PGP), a fin de ser utilizarlas como biofertilizantes genéricos. Se seleccionaron 20 cepas en base a sus PGP, y se realizó la identificación taxonómica por medio de la tecnología MALDI-TOF MS, y mediante la secuenciación del gen de ARNr 16S. De ellas, se seleccionaron 5 aislamientos y se realizaron antibiogramas según el manual CLSI M100. En todos los casos se evaluaron: amicacina (30µg), ampicilina (10µg), eritromicina (15µg), gentamicina (10µg), tetraciclina (30µg) y tigeciclina (15µg). Además en Gram- se analizó aztreonam (30µg), cefepima (30µg), ceftazidima (30µg), ceftazidima+ac.clavulánico (30/10µg), ciprofloxacina (5µg), imipenem (10µg), meropenem (10µg), piperazilina+tazobactam (100/10µg). La cepa Gram+ fue evaluada además frente a ampicilina+sulbactam (10/10µg), cefazolina (30µg), clindamicina (*2µg), levofloxacina (5µg), linezolid (30µg), teicoplanina (30µg), trimetroprima+sulfametoxazol (1,25/23,75µg) y vancomicina (30µg). Por medio del análisis taxonómico se determinó que las cepas correspondían a *Pseudomonas fluorescens* (O4), *Pseudomonas veronii* (R13), *Priestia megaterium* (A32), *Rizobium* sp. (V25b) y *Pseudomonas* sp. (R6). En cuanto a los antibiogramas, dado que no todos los géneros evaluados estaban incluidos en el manual utilizado, así como tampoco todos los antibióticos ensayados, se utilizó el parámetro de diámetro de halo. La cepa A32 mostró resistencia (R) solo a clindamicina y sensibilidad dependiente de la dosis (SDD) a tetraciclina y gentamicina. La cepa O4 mostró R a cefepima, aztreonam, ampicilina y eritromicina y SDD a tetraciclina, mientras que el aislamiento R13 mostró R a ampicilina y eritromicina. El aislamiento R6 fue sensible a todos los antibióticos evaluados, la cepa V25b fue R a aztreonam, ampicilina y eritromicina, y SDD a cefepima. La identificación taxonómica permitió excluir cepas que podrían llegar a ser perjudiciales para la salud humana o fitopatógenas. Esta información, junto a los antibiogramas, permiten asegurar que su uso potencial como bioinoculantes no genere efectos negativos en el medio ambiente o en la salud por la incorporación al suelo de cepas multirresistentes. Estos resultados son, además, una herramienta útil para posteriores técnicas de biología molecular que se realizarán en los aislamientos. Dado que se planea usar estas cepas en sistemas agrícolas estos datos permiten predecir la viabilidad y eficacia de la cepa.

ACTIVIDADES PRE-CAMAY 2025

Título de la Actividad: Jornada Azo24

Comisión coordinadora: García, J.¹; Puente, M.¹; Di Salvo, L.^{2,3}; Pozzi, F.⁴; Rodríguez Cáceres, E.⁵; Castaño, C.⁶; Tortora, L.⁷; Vallejo, D.¹; Matwiejuk, Y.⁸

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola, Argentina.

²Universidad de Buenos Aires, Facultad de Agronomía, Departamento de Biología Aplicada y Alimentos, Cátedra de Microbiología Agrícola, Buenos Aires, Argentina.

³CONICET, Buenos Aires, Argentina.

⁴Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario-Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Rosario, Argentina.

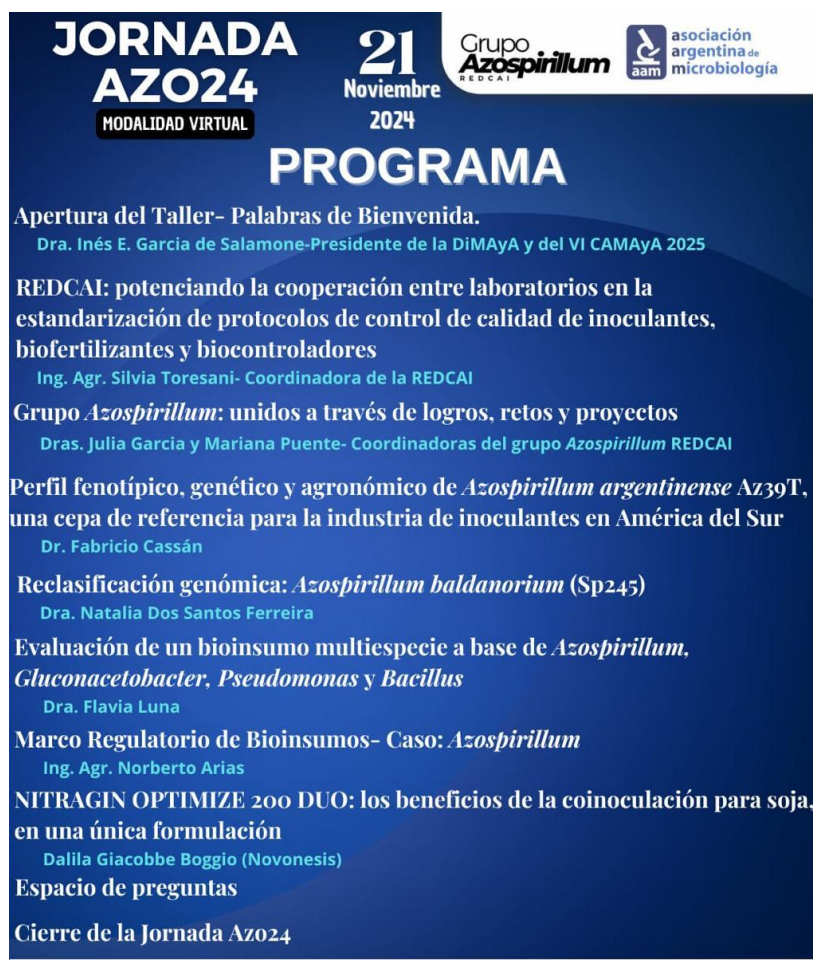
⁵Asesor privado.

⁶Laboratorio de Microbiología Agrícola, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional La Pampa, Argentina.

⁷Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Sección Caña de Azúcar, Subprograma Agronomía, Argentina.

⁸Ministerio de Economía, Hacienda y Finanzas de Formosa.

Programa:



JORNADA AZO24
MODALIDAD VIRTUAL

21
Noviembre
2024

Grupo Azospirillum REDCAI

asociación argentina de microbiología aam

PROGRAMA

Apertura del Taller- Palabras de Bienvenida.
Dra. Inés E. García de Salamone-Presidente de la DiMaya y del VI CAMAYA 2025

REDCAI: potenciando la cooperación entre laboratorios en la estandarización de protocolos de control de calidad de inoculantes, biofertilizantes y biocontroladores
Ing. Agr. Silvia Toresani- Coordinadora de la REDCAI

Grupo Azospirillum: unidos a través de logros, retos y proyectos
Dras. Julia García y Mariana Puente- Coordinadoras del grupo Azospirillum REDCAI

Perfil fenotípico, genético y agronómico de *Azospirillum argentinense* Az39T, una cepa de referencia para la industria de inoculantes en América del Sur
Dr. Fabricio Cassán

Reclasificación genómica: *Azospirillum baldanorium* (Sp245)
Dra. Natalia Dos Santos Ferreira

Evaluación de un bioinsumo multiespecie a base de *Azospirillum*, *Gluconacetobacter*, *Pseudomonas* y *Bacillus*
Dra. Flavia Luna

Marco Regulatorio de Bioinsumos- Caso: *Azospirillum*
Ing. Agr. Norberto Arias

NITRAGIN OPTIMIZE 200 DUO: los beneficios de la coinoculación para soja, en una única formulación
Dalila Giacobbe Boggio (Novonesis)

Espacio de preguntas

Cierre de la Jornada Azo24

Título de la Actividad: Taller Virtual sobre *Ralstonia solanacearum*: Biología, Genética y Dispersión

Comisión coordinadora: García de Salamone, I.E.¹; Orellano E.²

¹ Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires (FAUBA)

² Universidad Nacional de Rosario (UNR), CONICET

Programa:

Actividad PreCAMAYá

27/5/25. 14 a 18 h, virtual



***Ralstonia solanacearum*: Biología, Genética y Dispersión.**

Del conocimiento científico al control sostenible de la marchitez bacteriana

Inés E. García de Salamone. FAUBA, Argentina.

Control Biológico de Fitopatógenos: la revolución verde en la lucha contra las enfermedades de las plantas.

Elena Orellano. UNR- CONICET, Argentina.

Ralstonia solanacearum: Distribución Global, Factores Ambientales y Estrategias de Biocontrol en el Suelo y la Planta de Tomate.

Mauricio Rossato. Universidad de Brasilia, Brasil.

La diversidad de especies biopatógenas de *Ralstonia solanacearum* en Brasil y los retos para el mejoramiento genético

Carlos Francisco Ragassi. EMBRAPA, Brasilia, Brasil.

Manejo do solo e melhoramento da batata para resistencia a *Ralstonia*

María Inés Siri. UDELAR, Uruguay.

Avances en el manejo de la marchitez bacteriana en papa en Uruguay: del diagnóstico a la integración de estrategias de control.



Jesús Hernández Romano. Universidad Politécnica de Morelos, México.

Ralstonia solanacearum afectando al jitomate en México, experiencias en el campo y en el laboratorio.

Belén Álvarez. IMIDRA, Madrid y Elena G. Biosca. Universitat de Valencia, España.

Situación de *Ralstonia solanacearum* y *R. pseudosolanacearum* en España y la Unión Europea. Biocontrol basado en el uso de bacteriófagos líticos específicos.

Miryam Valenzuela. Centro de Estudios Avanzados en Fruticultura,CEAF, Chile.

De la muestra al genoma: Investigando *Ralstonia solanacearum* en cultivos de papa y tomate en Chile.

Título de la Actividad: De la placa al microscopio electrónico: Fundamentos de técnicas y sus aplicaciones en microbiología

Comisión coordinadora: Dra. Virginia H. Albarracín^{1,2,3}

¹Centro Integral de Microscopía Electrónica (CIME-UNT-CONICET)

²Facultad de Ciencias Naturales e IML, Universidad Nacional de Tucumán

³Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria, Universidad Nacional de Tucumán

Programa:



	Lunes 18/08	Martes 19/08	Jueves 21/08	Viernes 22/08
Bloque 1 15-16.10	Introducción a la Microscopía Electrónica. Fundamentos y Tipos. La Nueva Microscopía. Dra. V.H. Albarracín	MEB-EDS I: Fundamentos y preparación de muestras. Aplicaciones para el estudio de microorganismos. Bioq. L.J. Martínez	Optimización de técnicas para la observación de bacterias ambientales por ME. Lic. S.F. Galván	Microscopía Volumétrica en Microbiología: Crio fijación y Tomografía. Lic. S.F. Galván
Break				
Bloque 2 16.20-17.30	Aplicaciones para el estudio de microorganismos en cultivo y en muestras ambientales. Dra. V.H. Albarracín	MEB-EDS II: Fundamentos y preparación de muestras. Observación en directo de equipo y laboratorio de muestras. Bioq. L.J. Martínez Ing. H.J. Esquivel Lic. R. J. Fanjul	TEM: Fundamentos y Preparación de Muestras. Aplicaciones para el estudio de microorganismos. Observación en directo de equipo y laboratorio de muestras. Lic. A. Torres	Microscopía Volumétrica en Microbiología II: FIB-SEM. Bioq. L.J. Martínez

Título de la Actividad: De la pizarra a la pantalla: El impacto de las herramientas digitales en la enseñanza de la microbiología

Comisión coordinadora: **Dra. Pucci Graciela Natalia.** Coordinadora por VI Congreso Argentino de Microbiología Agrícola y Ambiental (CAMAY A 2025).

Dra. Paraje María Gabriela. Coordinadora por la Asociación Argentina de Microbiología -filial Córdoba.

Esp. Coniglio Silvina Julia. Coordinadora por la Subcomisión de Enseñanza y Aprendizaje de la Asociación Argentina de Microbiología.

Programa:



VI CAMAY A
2025

Taller virtual
Actividad PreCAMAY A 2025

**“De la pizarra a la pantalla:
El impacto de las
herramientas digitales en la
enseñanza de la
microbiología”**

**2 de septiembre
de 15 a 18 hs / 9 de septiembre
de 15 a 19 hs.-**

Coordinación:

- Graciela Natalia Pucci (coordinadora por CAMAY A 2025)
- María Gabriela Paraje (coordinadora por AAM Filial Córdoba)
- Silvina Julia Coniglio (coordinadora por SubEyA)
- Celia Frutos (representante AAM Filial Córdoba)
- Agostina Zucotti (representante AAM Filial Córdoba)
- Karina Andrea Crespo Andrada (representante AAM Filial Córdoba)

Patrocinante Oro



Patrocinante Oro



Patrocinante Oro



Patrocinante Oro



Patrocinante Plata



Patrocinante Plata



Patrocinante Plata



Patrocinante Plata

The logo for BIOARTIS features the word "BIO" in a bold, blue, sans-serif font, followed by "ARTIS" in a grey, sans-serif font. A registered trademark symbol (®) is located at the top right of the word "ARTIS". The letter "O" in "BIO" is stylized with a blue dot and a line extending from it, resembling a pipette tip or a microorganism.

Patrocinante Plata



Patrocinante Plata

GRUPO PEÑAFLO
LEADING ARGENTINE WINERIES

Patrocinante Plata



Patrocinante Plata



Patrocinante Plata



Patrocinante Plata



**Asociación de
Cooperativas
Argentinas**

Agradecemos la participación de Lobov Científica, PB-L y el Instituto Universitario para el Desarrollo Productivo y Tecnológico (IUDPT) por su importante participación en este VI CAMAYá, contribuyendo a reducir su huella ecológica mediante el aporte de las bolsas de tela, las tazas reutilizables y las credenciales plantables utilizadas durante el evento.

VI CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA AGRÍCOLA Y AMBIENTAL

ISBN 978-987-48458-6-3



9 789874 845863



*"Del ambiente a la aplicación:
microorganismos para el desarrollo
sustentable"*

Academia Nacional de Medicina
Ciudad Autónoma de Buenos Aires

24 al 26 de septiembre de 2025