XXXI Congreso Chileno de Microbiología

Hotel Plaza Santa Cruz
Santa Cruz, Chile
1-4 de Diciembre de 2009

Conferencias · Simposios · Comunicaciones libres · Paneles

Resúmenes

SoMCh

Sociedad de Microbiología de Chile

XXXI CONGRESO CHILENO DE MICROBIOLOGÍA

RESÚMENES Y PROGRAMA

Hotel Plaza Santa Cruz
1 al 4 de Diciembre, 2009
Santa Cruz
Chile

DIRECTORIO SOCIEDAD DE MICROBIOLOGÍA DE CHILE 2009 Y COMITÉ ORGANIZADOR DEL CONGRESO

Dr. Omar Orellana
Presidente

Dr. Carlos González
Vicepresidente

Dra. Gloria Levicán
Secretaria

Dr. Gino Corsini
Tesorero

Dra. Mónica Vásquez
Directora (Pdta. Comité Científico)

Dra. Vivian Luchsinger
Directora

Dra. Viviana Cachicas
Directora

Dra. Cecilia Demergasso
Directora

Dr. Michael Seeger
Presidente anterior

Dra. Inés Contreras
Presidenta Comité Incorporaciones

Comité Científico XXXI Congreso Chileno de Microbiología

Mónica Vásquez

(Presidenta)

Omar Orellana

Vivian Luchsinger

Eugenia Jedlicki

David Holmes

Francisco Chávez

Juan Carlos Salazar

Cecilia Toro

Mercedes Zaldivar

Renato Chávez

Marcela Wilkens

Francisco Chávez

Claudio Vásquez

Michael Seeger

Edición: Dr. Omar Orellana

Diagramación: Alejandra Aguila, periodista.

PROGRAMA

Programa
XXXI Congreso Chileno de Microbiología

MARTES 1 DICIEMBRE

09:00 - 11:00 **INSCRIPCIONES**
CAFÉ y Visitas Stands

11:00 - 13:00 **Simposio 1: Enteropatógenos, Mecanismos de patogenicidad y su interacción con el hospedero.** Coordina: Dr. Juan Carlos Salazar **(Salón 1).**

S001 Dr. Edmundo Calva "LeuO y HilE como reguladores de virulencia en *Salmonella*"

S002 Dr. Guido Mora. "Relación Hospedero-Patógeno: Salmonella Typhi hacia la especificidad de hospedero"

S003 Dra. Inés Contreras. Participación del lipopolisacárido en la adaptación de *Shigella flexneri* al pH ácido.

S004 Dr. Claude Parsot. Deciphering the functions of the *Shigella* type III secretion system.

13:00 - 15:00 **ALMUERZO**

15:00 - 17:00 **Simposio 2: Genética de Hongos.** Coordina Dr. Victor Cifuentes **(Salón 1)**

S.005 Dr. Luis Larrondo, "Neurospora Functional Genomics and Circadian Rhythms: defining new strategies to dissect a molecular clock in a timely manner."

S006 Dr. Victor Cifuentes "Control genético de la biosíntesis de carotenoides en levaduras".

S007 Dr. Renato Chávez "Los hongos filamentosos del queso *Penicillium camemberti* y *Penicillium roqueforti* como modelo genético"

S008 Dr. Marcelo Baeza "Elementos genéticos extracromosómicos de levaduras".

15:00 - 17:00 **Simposio 3: "Conociendo al VIH a nivel molecular: de la epidemiología a la replicación viral".** Coordina Dra Vivian Luchsinger **(Salón 2).**

S009 Dra. Maritza Ríos.. "Epidemiología molecular de la infección por VIH en Chile y el mundo"

S010 Dr. Oscar León. "Replicación del VIH: RNAsa H como blanco terapéutico".

S011 Dr Andrew Mouland "HIV-1 blocks nuclear import and shuts in heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 (HNRNP A1): implications for viral gene expression"

S012 Dr. Marcelo López. "Inhibición de la síntesis de proteínas de HIV por proteínas celulares"

17:00 - 17:30 **CAFÉ y Visita a los Stands**

17:30 - 19:00 **SESIÓN DE PANELES 1**

P-001 **Predicción computacional y validación Experimental de RNA regulatorios pequeños en la Bacteria acidofílica** *Acidithiobacillus ferrooxidans.* (Computational prediction and experimentalvalidation of small regulatory RNAs (srRNAs) in the acidophilic bacterium *Acidithiobacillus ferrooxidans*)

Shmaryahu A. and Holmes D.S. Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida y Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. amir.shmaryahu@gmail.com

P002 **Reconstrucción bioinformática de la cadena de transporte de electrones en *Listeria monocytogenes*** (Bioinformatic reconstruction of the respiratory chain of *Listeria monocytogenes*)
Askenasy, I., Wilkens, M. Laboratorio de Microbiología Básica y Aplicada. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile. marcela.wilkens@usach.cl

P003 **Análisis bioinformático y funcional de transportadores asociados a vías catabólicas de gentisato y p-cumato en *Burkholderia xenovorans* LB400.** (Bioinformatic and functional analysis of transport proteins associated to gentisate and p-cumate catabolic pathways in *Burkholderia xenovorans* LB400).
Romero, M.J., Agulló, L., Seeger, M. Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María. coteromerosilva@gmail.com

P004 **AlterORF: base de datos para descubrimiento de genes y depuración de genomas de microorganismos.** (AlterORF: database for microbial gene discovery and genome depuration.
Ossandon FJ, Sepulveda R, and Holmes DS. Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida and Depto. de Ciencias Biologicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. fossandon@vtr.net

P-005 **Base de Datos de Genes sin Intrones**. (Intronless Gene Database)
Jorquera-Cifuentes R.[1,3], Ortiz R.[1,3], Wilson C.[2,3], Ossandon F.J.[3,5], Cárdenas J.P.[3], Holmes D.S.[3,4,5]
[1] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.[2] Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile.[3] Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida, Santiago, Chile.[4] MIFAB [5] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. Jcroddy1@gmail.com

P-006 **DPAE: Una base de datos de proteínas en ambientes acídicos (DPAE).** (A database of proteins from acidophilic environments (DPAE)
Duarte F, Sepúlveda R, Holmes D S. Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida and Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. Fra.duarte@gmail.com

P-007 **Actividad ATPasica y polimerización de FtsA de Escherichia coli** (ATPasic activity and polimerization of FtsA from Escherichia coli)
David Weinstein[1], Daniel Maturana[1], Rosalba Lagos[1] y Octavio Monasterio[1] [1]Laboratorio de Biología Estructural y Molecular. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias. Universidad de Chile. dmaturana@dim.uchile.cl

P-008 **El regulador transcripcional Fur de *Acidithiobacillus ferrooxidans* une un centro [4Fe-4S].** (*Acidithiobacillus ferrooxidans* transcriptional repressor Fur binds a [4Fe-4S] cluster)
[1]**Acuña, L.**, [1]Lefimil, C., [2]Alamos, P., [3]Bruno Guigliarelli, [1,4]Holmes, D. S. y [2]Jedlicki, E [1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello; [2]ICBM, Universidad de Chile, Santiago, Chile; [3] CNRS, Marsella, Francia and [4]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida y MIFAB, Santiago, Chile. Lillian.gabriela@gmail.com

P-009 **Determinación de la topología de MceB, la proteína que confiere inmunidad a la microcina E492.** (Determination of the topology of MceB, the protein that confers immunity to microcina E492)
González, B., Monasterio, O., Lagos, R. Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Universidad de Chile. beaskywalker@hotmail.com

P-010 **Papel del dominio de dimerización en la unión de hemo y la actividad de la glutamil-tRNA reductasa de *Acidithiobacillus ferrooxidans*.** (Role of dimerization domain of glutamyl-tRNA reductase in the enzymatic activity and heme binding.)
de Armas, M.[1], Katz, A.[1], Levicán, G.[2], Moser, J.[3], Jahn. D.[3] and **Orellana, O.**[1]
[1]Programa de Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile[2]. Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago, Chile. [3] Institut für Mikrobiologie, Technische Universität zu Braunschweig, Braunschweig, Germany. omarore@yahoo.com

P-011 **Posible regulación de la síntesis de hemo por el estado redox de una Glutamil-tRNA Sintetasa en *Acidithiobacillus ferrooxidans*.** (Possible regulation of haem synthesis through the redox state of a Glutamyl-tRNA synthetase of *Acidithiobacillus ferrooxidans*.)

Assaf Katz[1], Rajat Banerjee[2], Michael Ibba [2], Omar Orellana[1]
[1]Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
[2]Department of Microbiology, Ohio State Biochemistry Program and Ohio State RNA Group, Ohio State University. assaf_katz@yahoo.com

P-012 **Estudio de la transcripción global de un mutante de *Escherichia coli* deficiente en el metabolismo de los polifosfatos inorgánicos.** (Transcriptome analysis of *Escherichia coli* mutant deficient in polyphosphate metabolism)

Mauriaca C.[1], Vergara A.[2], Jerez C.A.[1], Chávez F.P.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias e Instituto de Dinámica Celular y Biotecnología (ICDB), Universidad de Chile [2] Centro de Biotecnología Vegetal, Universidad Andrés Bello. cmauriaca@gmail.com

P-013 **Identificación de proteínas de membrana que participen en la resistencia a cobre en *Acidithiobacillus ferrooxidans*.** (Identification of membrane proteins involved in copper resistance in *Acidithiobacillus ferrooxidans*)

Almarcégui A[1]., Jerez CA [1].
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias e Instituto de Dinámica Celular y Biotecnología (IDCB), Universidad de Chile. almarcegui@live.cl

P-014 **"Interacción telurito-bacteria, proyecciones biotecnológicas en biosíntesis de nanopartículas y potenciación de antibióticos"** (Tellurite-bacteria interaction: biotechnological projections in bacterial nanoparticle biosynthesis and in antibiotic effect reinforcement").

Pérez J.M., Molina R.C., Monrás J.P., Sabotier M., Osorio-Román I. y Vásquez C.C.
Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. Jose.perez@usach.cl

P-015 **Optimización de la relación C:N para la producción de enzimas ligninolíticas en el hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor*.** (Optimization of C:N for the production of ligninolytic enzymes by the white-rot fungi *Anthracophyllum discolor.)*

Bustamante M.[1], González M.E.[1], Diez M.C[2].
[1] Programa de Doctorado en Cs. de Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco
[2] Departamento de Ingeniería Química, Centro de Biotecnología Ambiental, Universidad de La Frontera, Temuco. ybustamante@ufro.cl

P-016 **Potencial de enzimas ligninoliticas de pellets simples y complejos de *Anthracophyllum discolor*.** (Ligninolytic enzyme potential of simple and complex pellets of *Anthracophyllum discolor.*)

Elgueta S.[1], Bustamante M[2]. Rubilar O.[3], Diez M.C.[3]
[1] International Doctorate in "Enviromental Resource Science" Universidad de La Frontera, Chile-Universidad de Napoles Federico II, Italia.
[2] Programa de Doctorado en Cs. de Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco
[3] Centro de Biotecnología Ambiental, Scientifical and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera, Temuco. sebaelgueta@gmail.com

P-017 **Comparación de la estrategia de inoculación para la degradación microbiana de esteroles de madera.** (Comparison of inoculation strategies for the microbial degradation of wood sterols)

Olivares A.[1], Acevedo F.[1], [1]Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

P-018 **Evaluación del efecto de Clorpirifos en la actividad biológica de una biomezcla de un lecho biológico** (Evaluation of the effect of chlorpyrifos on biological activity of the biobed biomix)

Fernández-Alberti, S.[1], Tortella G R.[2] Avendaño M[2], Diez M.C.[2]

[1]Programa de Magíster en Ciencias de la Ing. mención Biotecnología, Universidad de La Frontera, Temuco
[2]Environmental Biotechnology Center, Scientifical and Technological Bioresource Nucleus. Universidad de La Frontera, Temuco

P-019 **Evidencia de actividad estrogénica y dioxin-like en sedimentos del río Biobío influenciados por descargas de efluentes de celulosa kraft, mediante Recombinant Yeast Assay (RYA)** (Evidence of estrogenic and dioxin-like activity in sediments of Biobío Rivers influenced by discharge of kraft mill cellulose through Recombinant Yeast Assay (RYA)

Chamorro, S[2]., Olivares, A[1]., Hernandez[3], V., Vidal, G[2]. and Piña, B[1]. [1]Laboratorio de Biología molecular, Centro de Investigación superior (CSIC) IDAEA. España.[2]Laboratorio de Biotecnología Ambiental, Centro EULA-CHILE. Universidad de Concepción.[3]Laboratorio de Fitoquímica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción. E-mail: schamorr@udec.cl

P-020 **Biorremediación de metales pesados desde matrices contaminadas por una bacteria recombinante** (Heavy metal bioremediation of polluted matrixes by a recombinant strain)

Rojas L.[1,2], Yáñez C.[1], González M.[1], Lobos S.[2] and Seeger M[1]. [1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile. [2]Laboratorio de Espectroscopía, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Chile. luisantonio.rojas@postgrado.usm.cl

P-021 **Consumo de oxígeno durante la fermentación vínica: análisis cuantitativo y cualitativo** (Oxygen consumption during wine fermentation: quantitative and qualitative analysis)

Moenne M.I.[1], Orellana M.[1], Laurie F. [2], Peréz-Correa R[1]. y Agosin E.[1] [1]Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Pontificia Universidad Católica de Chile [2]Centro Tecnológico de la Vid y el Vino, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca. mimoenne@ing.puc.cl

P-022 **Accuracy and Inter-Laboratory Reproducibility of MALDI-TOF Mass Spectrometry based Bacterial Species Identification.**

George Goedesky, Uli Giessmann, and Markus Kostrzewa. Bruker Daltonics Inc., Billerica, MA, USA

P-023 **Caracterización del gen *sigA* en cepas clínicas de *Shigella* spp y utilización en el desarrollo de vacunas de ADN.** (Characterization of *sigA* gene in clinical isolates of *Shigella* spp and utilization in the development of DNA-based vaccines)

Marcoleta, A. A.[1], Velozo, P. E.[1,2], Silva, C. A.[1], Santiviago, C. A.[1] y Toro C. S.[1]
[1]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. [2]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. amarcoleta@uantof.cl

P-024 **Remoción de colorantes por *Inonotus sp.*, un hongo de pudrición blanca nativo de los bosques del sur de Chile** (Removal of dyes by *Inonotus sp.*, A white rot fungus native from the forest of southern Chile.)

R. Cuevas [(1)], F.Acevedo[(1)], E. Contreras [(2)], C. Palma [(2)], M.C. Diez[(1)] [(1)]Departamento de Ingeniería Química, Centro de Biotecnología Ambiental, Universidad de La Frontera
[(2)]Departamento de Ingeniería Civil Química, Universidad de Santiago de Chile. R.cuevas04@ufromail.cl

P-025 **Determinar la capacidad de saponina para producir inflamación en el intestino de peces cebra (*Danio rerio*).** (Determination of the capacity of saponin to induce inflammation in the intestine of zebrafish (*Danio rerio*).

Navarrete P[1], Magne F[2], Opazo R[1], Appelgren P[1], Rubilar P[1], Espejo R[1], Romero J[1]Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad de Chile [2]Laboratoire de Biologie, CNAM, Paris, France.

P-026 **Degradación de oligosacáridos de soya en fermentación sólida usando microorganismos aislados desde el tracto digestivo de peces.** (Degradation of soy oligosaccharides using solid fermentation and isolates retrieved from fish gut).

Ortuzar F[1], Opazo R[1], Hernandez C., Navarrete P[1], Espejo RT[1], **Romero J**[1].
[1]Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad de Chile.

P-027 **Purificación y caracterización de una enzimaa glutamato deshidrogenasa altamente termoestable a partir de un microorganismo aislado de una estufa de esterilización.**
Amenabar M. y Blamey J.M.
Fundación Científica y Cultural Biociencia, Santiago, Chile. mamenabar@bioscience.cl

P-028 **Construcción de quimeras entre subfragmentos del gen *OmpA* de la proteína de membrana externa de *Klebsiella pneumoniae* y genes de *Helicobacter pylori* con potencial antigénico mediante fusiones traduccionales a expresar en probioticos.** (Construction of chimeras between *Klebsiella pneumoniae* OmpA gene subfragments and different *Helicobacter pylori* genes with antigenic potential to be expressed in probiotics).
Hernández C., Henríquez C., Cabezas F., Venegas A. Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile. Cdherna1@uc.cl

P-029 **Remoción biológica de sulfato presente en riles Mineros con bacterias sulfato reductoras** (Biological removal of sulfate present in mine drainages with sulfate reducing bacteria)
Meza, C., Mateo, M., **Wilkens, M.**
Laboratorio de Microbiología Básica y Aplicada. Facultad de Quimica y Biología. Universidad de Santiago de Chile. marcela.wilkens@usach.cl

P-030 **Identificación del gen *cd* de *Brettanomyces bruxellensis* responsable de la producción de derivados vinilfenolicos en vinos.** (Identification of *Brettanomyces bruxellensis cd* gene which responsible of vinyl phenolic derivates production in wines.)
Godoy, L[1], Garcia, V[1], Osorio, P[1], Martinez, C[1, 2] y Ganga, A[1].[1] Departamento en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. [2] Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Santiago de Chile. Obispo Manuel Umaña 050. Estación Central. Email: angelica.ganga@usach.cl

P-031 **Estudios de expresión de los antígenos HspB y Lpp20 de *Helicobacter pylori* como candidatos para el desarrollo de un prototipo de vacuna oral.** (Expression studies on *H. pylori* HspB and Lpp20 antigens as candidates for development of an oral vaccine prototype.)
Melo F[1], Mosqueira M [1], Venegas A[1] [1]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. Email: famelo@uc.cl

P-032 **Diseño y construcción de vacunas de ADN para el control de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis.** (Design and construction of DNA-based vaccines against *S.* Enteritidis)
Velozo P. E.[1, 2], Zaldívar, M.[2], Contreras, I.[2], Toro C. S.[1] y Santiviago, C. A.[1] [1]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. [2]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. E-mail: paulavelozoh@gmail.com

P-033 **Pigmentos de origen microbiológico obtenidos desde muestras de la Antártica** (Pigments from Antarctic microbial sources)
Correa-Llantén D.[1,2], Castro M. [1], Blamey L.[1], Blamey JM[1].[1]Fundación Biociencia, Santiago,Chile[2] Doctorado en Biotecnología, Universidad de Santiago de Chile. dcorrea@bioscience.cl

P-034 **Desarrollo y evaluación de un *kit* múltiple de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real para la detección de virus herpes simplex 1 y 2.** (Development and Evaluation of a Real Time Polymerase Chain Reaction (PCR) detection kit for Herpes simplex virus 1 and 2).
Lizama L.[1], Cifuentes M.[2], Alvarez I.[3], Pardo M.[1], Villegas K.[1], Guajardo V.[1], Torres J.[1], Jamett E[1], Banfi A.[3] Bioscan S.A.[1] Hospital San Borja Arriarán[2] Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna[3] llizama@bioscan.cl

P-035 **Bacterias resistentes a Selenio y su aplicación en la obtención de nanopartículas de Se(0)** (Selenium resistant bacteria and the aplication in the **obtaining** nanospheres of Se(0)).
Torres S[1]., Campos, VL[1,2]., Mondaca,MA[1].[1]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. [2]Centro EULA-CHILE. Universidad de Concepción. soltorres@udec.cl

P-036 **Caracterización de potenciales cepas probióticas respecto a su transformabilidad genética y actividad bactericida.** (Characterization of potential probiotic strains regarding their genetic transformability and bactericidal activity.)

Olmos M[1], Durán P[1], Henríquez C[1], García A[2], Venegas A[1]
[1]Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica, , Santiago, Chile. [2]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Chile. maolmos@uc.cl

P-037 **Copper bioaccumulation in *Stenotrophomonas* sp. C2-1 isolated from a copper-polluted agricultural soil.** (Bioacumulación de cobre en *Stenotrophomonas* sp. C2-1 aislada desde suelo agrícola contaminado con cobre)

Yáñez C. [1,2], González, M. [1] y Seeger, M. [1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso. [2]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontifica Universidad Católica de Valparaiso, Valparaíso. carolina.yanez@usm.cl

P-038 **Impacto económico, oportunidades, y mercados para la Microbiología en Chile. Análisis del subsector biomedicina.** *(Economic impact, opportunities and markets for Microbiology in Chile. Analysis of biomedical subsector.)*

Cabezas F.[1], Venegas A.[1] [1] Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas. Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Pontificia Universidad Católica de Chile. fecabeza@uc.cl

P-039 **Análisis de flujos metabólicos y evaluación sensorial de perfiles aromáticos de mutantes Knock-out en oxidoreductasas de *SACCHAROMYCES CEREVISAE*.** (Metabolic flux analyses and sensory evaluation of aroma profile of *Saccharomyces cerevisae* oxidoreductase knock-outs).

Aceituno, FF. [1,2], **Pérez FI.**[1], **Vargas FA.**[1], **Casaubon G**[3]., **Agosín E.**[1]. [1]Laboratorio de Biotecnología, Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Facultad de Ingeniería, P. Universidad Católica de Chile, [2]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile; [3]Centro de Aromas, DICTUC, P. Universidad Católica de Chile. fgperez@uc.cl

P-040 **Diseño de un PCR múltiple para la detección de *S. agalactiae*, *E. coli*, *L. monocytogenes* y otras bacterias asociadas a bacteremias neonatales.** (Diseign of a Multiplex PCR to detect *S. agalactiae*, *E. coli*, *L. monocytogenes* and others bacterias associated to neonatal bacteremia.)

Oliver MI[1], Strahsburger E[1], Tapia A[1], Campano MS[1].
[1]Universidad Andres Bello, Facultad de Ciencias Biológicas, Departamento de Ciencias Biológicas, Viña del Mar, Chile. moliver@unab.cl

P-041 **Prevalencia de la portación nasal Staphylococcus Coagulasa Negativos en niños de Escuela Básica** (Nasal carriage prevalence of coagulase negative *Staphylococcus* in children from elementary school).

Valenzuela N, Gahona J , Silva J. Programa de Magister en Ciencias Biomédicas y Departamento de Microbiología, Universidad de Antofagasta. nvalenzuela@uantof.cl

P-042 **Inducción de inmunidad efectiva contra *S. agalactiae* en modelo murino** (Induction of effective immunity against *S. agalactiae* in murine model)

Lagos F[1], Figueroa C[1], Barrientos M[1], Soto D[1], Riveros B[1], Vásquez A[1]. [1]Sección de Biotecnología e Inmunobiológicos. Departamento de Salud Ambiental. Instituto de Salud Pública de Chile. avasquez@ispch.cl

P-043 **Detección de región génica homóloga a un sistema de secreción tipo III (TTSS2) de *Vibrio parahemolyticus* en una cepa de *Vibrio cholerae* no-O1, no-O139, aislada de un cuadro de septicemia fatal en Chile.**

Osorio Carlos G. [1], **Camilli A.**[1] Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile. [2] Tufts University Medical School, Boston, MA, USA. gonosorio@med.uchile.cl

P-044 **Caracterización del antagonismo exhibido por bacterias antárticas sobre patógenos acuícolas** (Characterization of antagonism exhibited by Antarctic bacteria against pathogens for aquatic cultures)

Ruth Sánchez[1], Karen Alegría[2], Mariana Domínguez[2], Helia Bello[2], Claudio Miranda[3], Rodrigo Rojas[3], Gerardo Gonzalez[2]. [1]Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. U. de Concepción [2]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, U. de Concepción[3] Departamento de Acuicultura, Facultad de Ciencias del Mar, U. Católica del Norte
ruthsanchez@udec.cl

P-045 **Estudio Microbiológico y molecular para caracterizar cepas de *SHIGELLA SONNEI* aisladas en Antofagasta.** (Microbiologic and molecular study to characterize *Shigella sonnei* strains isolated in Antofagasta).

Silva J, Guerrero K, González D, Gahona J, Herrera N, Valenzuela N.
Unidad de Microbiología, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta. jsilva@uantof.cl

P-046 **Agentes causantes de vulvovaginitis y cervicitis en mujeres atendidas en el Consultorio Centro-Sur de la ciudad de Antofagasta.**(Microorganisms that were causing vulvovaginitis and cervicitis in women asking for attention in the Center-South Consulting Office in Antofagasta city).

Urdanivia R[1], Mendizábal G[2], Gutiérrez C[3], Joo A[3], Soza K[3], Carvajal R[3], Godoy A[3], Rojas C[3], Ríos I[3] y Martínez E[3]. [1]Laboratorio de Microbiología, FACSA; [2]Consultorio Municipalizado Centro Sur, COMDES; [3]Tesistas Carrera Licenciatura en Tecnología Médica,UA. rurdanivia@uantof.cl

P-047 **Presencia del gen codificante del factor de colonización 21 (LONGUS) en cepas chilenas de *Escherichia coli* enterotoxigénica**. (Prevalence of colonization factor 21 gene in chilean Enterotoxigenic *Escherichia coli* strains)

Felipe Del Canto[1, 2], Patricio Valenzuela[2], Jonathan Bronstein[2], Valeria Prado[2], Roberto Vidal[2]
[1]Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
[2] Programa de Microbiología y Micología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

P-048 **Determinación genotípica de cocaceas gram positivas aisladas de Infecciones Intrahospitalarias desde las unidades de cuidados intensivos neonatal y adulto, cirugía y medicina del Hospital Base Valdivia.** (Genotypes determination of gram positive cocci isolated of nosocomial infection from the neonatal intensive care unit and adult, surgery and medicine of Hospital Base Valdivia.)

María Angélica Gutiérrez E.[1], Ernesto Carreaúx U. [2] [1] Docente Instituto Microbiología Clínica, Universidad Austral de Chile. [2] Estudiante Tecnología Médica, Universidad Austral de Chile. ernestocarreaux@gmail.com

P-049 **Determinación de la producción de ácido láctico y glicocálix en cepas de *Streptococcus mutans* y su relación con el grado de destrucción coronaria por caries.** (Determination of lactic acid production and glycocalyx in strains of *Streptococcus mutans* and its relationship to the degree of coronary destruction by caries).

R. Castro[1], **C. Padilla**[1], **O. Lobos**[1]
[1]Universidad de Talca. Departamento de Ciencias Básicas Biomédicas y Microbiología. olobos@utalca.cl

P-050 **Asociación de gen *vacAi*, un nuevo determinante genético en *Helicobacter pylori*, con patologías gástricas severas en pacientes chilenos.** (Association of gene *vacAi*, a new genetic determinant of *Helicobacter pylori*, with severe gastric pathologies).

Paredes E.[1], Rojas C.[2], Briones C.[2], Briceño C.[3], Jorquera A.[3], Gonzalez C.[1], Garcia A.[1]
[1]Departamento de Microbiología, Facultad Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. [2]Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción. [3]Gastroenterología, Hospital Guillermo Grant Benavente, Concepción. esparedes@udec.cl

P-051 **Estudio Molecular de cepas resistentes a Impenem de *Pseudomonas aeruginosa*.** (Molecular studie of Imipenem resitans *Pseudomonas aeruginosa* strain.)

Kátia Fernández[1], Gino Corsini[1], Daniel Muñoz,[1], Cecília Tapia[2]
1Laboratorio de Bacteriologia Molecular, Facultad de Medicina, Universidad Diego Portales. [2]Laboratorio de Clínica Dávila. Katia.fernandez@mail.udp.cl

P-052 **Participación de las Proteínas de Matriz Extracelular como receptores de cepas de *E. coli* diarreogénicas** (Extracellular Matrix Protein as receptors for diarrheogenic *E. coli*)

Mauricio J. Farfán[1,2], Roberto Vidal, Alfredo G. Torres y James P. Nataro[2] [1] Centro de Estudios Moleculares, Departamento de Pediatría, Campus Oriente, [2]Programa de Microbiología & Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. [3] Department of Microbiology & Immunology, University of Texas Medical Branch, TX, USA [4] Center for Vaccine Development, University of Maryland, MD, USA. mfarfan@med.uchile.cl

P-053 **CRP actúa como represor de la transcripción del operón fimbrial *stgABCD* de *S. enterica* serovar Typhi en ausencia de glucosa** (CRP is a repressor of the stgABCD fimbrial operon Transcription from *S. enterica* serovar Typhi in glucose deprivation)

Alexis Cuevas A. [1], Liliana Berrocal S.[1] y Guido Mora [1]
[1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello.

P-054 **Pesquisa del gen *adeB* en cepas de *Acinetobacter baumannii* resistentes a carbapenémicos aisladas en hospitales chilenos.** (Detection of *adeB* gen among carbapenems resistant strains of *Acinetobacter baumannii* isolated from Chilean hospitals)

Opazo A. Alejandro[1], **Opazo Andrés**[2], Bello Helia[2], Domínguez Mariana.[2], García Patricia[3], San Martín Marcela[4], Sakurada Andrea[5], González Gerardo[2]. [1]Facultad de Química y Farmacia. Universidad de Concepción. Concepción [2]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, U. de Concepción. Concepción [3]Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago
[4]Hospital Barros Luco-Trudeau. Santiago [5]Hospital Clínico Universidad de Chile. Santiago. andopazo@udec.cl

P-055 **Propiedades de superficie celular asociadas a la patogenicidad en el patógeno de salmón del Atlántico cultivado en Chile, *Streptococcus phocae*.** (Study of surface properties associated with pathogenicity in the pathogen of Atlantic salmon cultivated in Chile, *Streptococcus phocae*.)

González-Contreras, A[1]; Oliva, H[2]; Godoy, M[3]; Avendaño-Herrera, R[2,4]
[1] Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Nacional Andrés Bello.
[2] Laboratorio de Veterquímica [3] Laboratorio de Diagnóstico Biovac S.A.
[4] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Andrés Bello. albertogonzalezcontreras@gmail.com

P-056 **Detección y caracterización molecular de las primeras cepas de *S. flexneri* resistentes a quinolonas en Santiago, Chile.** (Molecular Characterization of fluoroquinolone-resistant *Shigella flexneri* in Santiago, Chile).

Ulloa M T,[1], Gonzalez J .[1], Toro, C. S. [1] Camponovo R [2], Garcia P.[3] Braun S. [4], Porte L. [3-4]
[1]Programa de Microbiologia y Micologia, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile.2Integramedca.3 Lab. Microbiologia,U Católica,4.Lab Microbiología,H militar. mtulloa@med.uchile.cl

P-057 **Identificación y caracterización del factor de transcripción tipo GATA en el hongo basidiomicete *Phanerochaete chrysosporium*.** (Identification and characterization of a GATA transcription factor from the basidiomycete Phanerochaete chrysosporium)

Muñoz F., Canessa P., Vicuña R . Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile. fsmunoz@uc.cl

P-058 **Efecto del regulador Crp en la expresión del operón *taiA-hlyE* en *Salmonella enterica* serovar Typhi"** (Role of Crp regulator in the *taiA-hlyE* operon expression in *Salmonella enterica* serovar Typhi)

Jofré, M. R.[1], Fuentes, J. A.[1] y Mora, G. C.[1]
[1] Laboratorio de Microbiología, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.
mjofreb@gmail.com

P-059 **Identificación y caracterización de los genes *cd* y *vr* de *Brettanomyces bruxellensis* involucrados en la formación de etil derivados en vinos.** (Identification and characterization of *Brettanomyces bruxellensis cd* and *vr* genes involved in the production of ethyl derivates in wines)

García, V[1]., Godoy, L.[1], Osorio, P.[1], Martínez, C.[1,2], Ganga, MA.[1]
1: Universidad de Santiago de Chile, Facultad Tecnologica, Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos. 2: Centro de Estudios de Ciencia y Tecnología de los Alimentos.vgarcia1977@gmail.com

P-060 **Modificaciones covalentes del Lipopolisacárido de *Shigella flexneri* contribuyen a la resistencia a la acidez extrema**. (Covalent modifications of the *Shigella flexneri* lipopolysacharide contribute to resistance to extreme acidity)

Martinić, M., Hoare, A., Álvarez, S. y Contreras, I.[1]
[1] Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. E-mail: martinicmara@gmail.com

P-061 **Efecto del sistema de dos componentes PhoP/Q en la regulación del factor sigma alternativo RpoS en *Salmonella* Typhi** (Effect of PhoP/Q in the regulation of RpoS in *Salmonella* Typhi)

Morgado, J., Retamal, P., Fuentes J.A., y Mora, G. Laboratorio de Microbiología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello. J.morgado.g@gmail.com

P-062 **Clonamiento y Expresión del Sistema de Secreción Tipo IV de *Helicobacter pylori* en *Escherichia coli* Medido Mediante la Inducción de Fenotipo Colibrí en Células AGS.** (Cloning and expression of *Helicobacter pylori* type IV secretion system in *Escherichia coli* measured by induction of hummingbird phenotype in cultured AGS cells)

Contreras O[1], Palacios JL[1], Bruce E[1], Mansilla I[1] y Venegas A[1]
[1] Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Vacunas. Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. locontre@uc.cl

P-063 **Rol de la arginina 66 y la histidina 99 en el regulador transcripcional Fur de *Helicobacter pylori*.** (Rol of the arginine 66 and histidine 99 in the transcriptional regulator Fur of *Helicobacter pylori*).

Toledo, H y Villafaena, C.
Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

P-064 **Cepas de H. Pylori aisladas de pacientes mapuches presentan alta conservación de secuencia en la región de fosforilación del gen *cagA*** (*H. pylori* strains isolated from Mapuche patients present high sequence conservation at the phosphorylation region of the cagA gene)

Diaz R[1]., Mansilla I[1]., Catrileo C[1]., Villagran A[2]., Harris P[2]., Venegas A[1].
[1]Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica. [2] Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, P. Universidad Católica de Chile. rddiaz@uc.cl

P-065 **Análisis de los espacios intergénicos 16S-23S rRNA de cepas de *Vibrio anguillarum* y *Vibrio ordalii* aisladas a partir de peces de cultivo** (Analysis of16S–23S rRNA gene internal transcribed spacer of Vibrio anguillarum and Vibrio ordalii strains isolated from fish)

Fernández J[1] & **Avendaño-Herrera, R** [1,2]
[1] Laboratorio de Veterquímica
[2] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Andrés Bello.reavendano@yahoo.com

P-066 **Expresión y prevalencia del sistema CRSIPR/Cas en *Acidithiobacillus ferrooxidans*.** (Expression and prevalence of the CRISPR/Cas system in *A. ferrooxidans*.)

Cristian Silva, Paulo Covarrubias, Pamela Nieto, David Holmes, Raquel Quatrini.
Centro de Bioinformática y Biología Genómica, FCV-MIFAB-UNAB Santiago, Chile. cristian.biotecnologo@gmail.com

P-067 **Estudio del rol y regulación de la porina OmpL de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium.** (Role and regulation study of OmpL porin from *Salmonella enterica* serovar Typhimurium)
José Miguel Villarreal [1], Juan Ignacio Gutiérrez [1], Nelson Caro [1], Bernardo Collao [1], Catalina Chahuán [1], Ismael Hernández-Lucas [2], Edmundo Calva [2], Claudia Saavedra [1].
[1] Universidad Andrés Bello [2] Universidad Nacional Autónoma de México. josemiguelva@gmail.com

P-068 **Aislamiento y caracterización del gen arsenito oxidasa de *Pseudomonas* sp. FN-41.** (Isolation and characterization of arsenite oxidase gene from *Pseudomonas sp.* FN-41).

Badilla, C[1]., Campos, V[1,2]., Mondaca, M. A[1].[1] Laboratorio Microbiologia Ambiental, Departamento de Microbiologia, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. [2] Centro EULA-Chile. Universidad de Concepción. cbadilla@udec.cl

P-069 **Genes codificados en la isla de patogenicidad IG-*asnT* son necesarios para la supervivencia intracelular de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis en macrófagos murinos.** (Genes encoded in the *S.* Enteritidis pathogenicity island GEI-*asnT* are required for intracellular survival in murine macrophages.)
Quezada C. P.[1, 2], Zaldivar, M.[2], Contreras, I.[2] y Santiviago, C. A.[1]
[1]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. [2]Laboratorio de Microbiologia, Facultad de Ciencias Quimicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. carolina.pqb@gmail.com

P-070 **La disponibilidad de oxígeno afecta la expresión de los reguladores del largo de cadena del lipopolisacárido de *Salmonella entérica* serovar Enteritidis.** (Oxygen availability affects the Expression of LPS chain-length regulators of *Salmonella entérica* serovar Enteritidis)
Álvarez, S.A, Tobar, P., Santiviago, C., Zaldívar, M., y Contreras, I.
Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Quimicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. salvarez@uchile.cl

P-071 **Caracterización genética y toxicológica de clones del dinoflagelado *Alexandrium catenella* productor de toxinas del VPM, aislados recientemente desde la Región de Aysén.** (Genetic and toxicological characterization of clones of the PSP-toxin producing dinoflagellate *Alexandrium catenella*, isolated recently from Aysén region.)
Trefault N[1], **Pérez B**[1], Krock B[2], Delherbe N[1], Mujica J[1], Fuentealba M[1] y Vásquez M[1]
[1]Pontificia Universidad Católica de Chile
[2]Alfred Wegener Institut, Bremerhaven, Alemania
bmperez@ug.uchile.cl

P-072 **Expresión del gen *gluQ-rs* en *Shigella flexneri*: ¿controlado por el promotor del gen adjunto, *dksA* y/o su propio promotor?** (Expression of *gluQ-rs* gene in *S. flexneri*: under promoter control of upper gene, *dksA* and/or its own promoter?)
Caballero, V., Maturana, C., Carrasco, R., Pezoa, D., Salazar, J.C.
Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Valeria.caballero.c@gmail.com

P-073 **El canal CFTR no participa en la invasión de células epiteliales por *S.* Typhi** (CFTR is not relevant in invasion of epithelial cells by *S.* Typhi).
Bravo D.[1], Hoare A.[1], Valvano M.A.[2], Contreras I.[1] [1] Fac. de Cs. Qcas. y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[2] Microbiology and Immunology, Dental Sciences Building. University of Western Ontario, London, ON, Canada. denbravorod@yahoo.com

P-074 **Análisis de la actividad proteolítica de *Penicillium. camemberti* cepa CECT 2267, y caracterización parcial del gen *aspA* que codifica para una proteasa ácida.** (Analysis of the proteolytic activity from *Penicillium camemberti* strain CECT 2267 and partial characterization of the *aspA* gene encoding for an acid protease.)
Trebotich J[1], Espinosa Y[1], Bull P[2], Chávez R[1]. [1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

[2]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
Jovita.tz@gmail.com

P-075 **Obtención de una cepa de *Shigella flexneri* 2457T mutante en el gen *gluQ-rs*. Caracterización fenotípica y análisis transcripcional.** (A *Shigella flexneri* 2457T *gluQ-rs* mutant strain obtained. Phenotypic characterization and transcriptional analysis)

Maturana, C.[1,2], Pezoa, D.[1], Carrasco, R.[1], Caballero, V.[1], Salazar, J.C.[1]
[1] Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
[2]Área de Bioquímica, Facultad de Odontología, Universidad de Chile. cmaturana@med.uchile.cl

P-076 **Regulación de la producción de antígeno O por efecto de la alta osmolaridad y baja tensión de O_2 y su relevancia en la infección por *Shigella flexneri*** (Regulation of the O antigen production in response to high osmolarity and low O_2, and its effect on infection by *Shigella flexneri*)

Hoare A.[1], Bravo D[1]., Valvano M.A.[2], Contreras I.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. [2]Infectious Diseases Research Group, Siebens-Drake Research Institute, Department of Microbiology and Immunology, University of Western Ontario, Canada. ahoare@cig.uchile.cl

P-077 **MarA regula la expresión del gen *ompW* de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium en respuesta a estrés oxidativo** (MarA regulates the expression of *ompW* gene from *Salmonella enterica* serovar Typhimurium in response to oxidative stress)

F. Gil[1]; **B. Collao**[1]; N. Pacheco[1]; N. Caro[1]; S. Parra[1] y C. Saavedra[1].
[1] Laboratorio de Microbiologia Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello. Ber.collao@gmail.com

P-078 **Caracterización Molecular del Factor de Iniciación de la Traducción 4E en *Trypanosoma cruzi*.** (Molecular Characterization of Translation Initiation Factor 4E in *Trypanosoma cruzi*)

Castillo SP[1]., Márquez CA[1]., Villalobos NE[1]., Orrego PR[1]., Cortes W[1]., y Araya JE[1].
Laboratorio de Parasitología Molecular, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta. porrego@uantof.cl

P-079 **Estudio genético del rasgo consumo de nitrógeno en cepas vínicas endémicas de Chile** (Genetic study of the nitrogen uptake phenotype in Chilean endemic wine yeasts)

Contreras, A1. García, V1. Ganga, A 1. y Martínez, C 1,2.
1Departamento de Ciencia y Tecnología de Alimentos y 2Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de Alimentos, Universidad de Santiago de Chile.

P-080 **Predicción bioinformática de nuevo peptido sintetizado por la vía no ribosomal en *Cylindrospermopsis raciborskii cepa CS-505*.** (Bioinformatic prediction of a new peptide synthesized by a non ribosomal pathway in C. raciborskii strain CS-505)

Fuentes J.J.[1], Stucken K.[2], Krock, B[2]. Mandakovic D.[1] y Vásquez M[1]. [1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile[2] Alfred Wegener Institute. jsfuente@uc.cl

P-081 **Ruta biosintética de la toxina cilindrospermopsina (CYN): ¿Cuáles son los genes que realmente forman parte de la ruta?** (Biosynthetic pathway of the toxin cylindrospermopsin (CYN): which are the genes really part of the pathway?)

Soto-Liebe K[1], Fuentes J J[1], Stucken K[2], Trefault N[1], Murillo A[1], Vásquez M[1]
[1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Pontificia Universidad Católica de Chile. E-mail: mvasquez@bio.puc.cl
[2]Alfred Wegener Institute for Polar and Marine Research, Bremerhaven, Alemania.

P-082 **Identificación de una isla de patogenicidad inestable en el cromosoma de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis.** (Identification of an unstable pathogenicity island in the chromosome of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis.)

Rodrigo Lizana[1], Hugo Tobar [1], Tania Quiroz [1], Carolina Quezada[2], Carlos Santiviago[2], Claudia Riedel[1,3], Alexis Kalergis[1], Susan Bueno[1] [1]Núcleo Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Pontificia Universidad Católica de Chile [2]Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile [3]Laboratorio de Biología Celular y Farmacología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de la Salud, Universidad Andrés Bello.

P-083 **Actividad micocida y elementos genéticos extracromosómicos en *Xanthophyllomyce dendrorhous.*** (Mycocide activity and extrachromosomal genetics elements in *Xanthophyllomyces dendrorhous*).

Oriana Flores*, Vicente Oviedo, Juan Manuel Rozas, Victor Cifuentes, Marcelo Baeza. Depto. Ciencias Ecologicas, Fac. de Ciencias, Universidad de Chile. oriana.flores@gmail.com

P-084 **Los marcos de lectura abiertos de la isla de patogenicidad 9 de *S.* Typhi participan en la interacción bacteria-célula hospedera.** (The *S.* Typhi open reading frames found in the pathogenicity island 9 participate en the bacteria-host cell interaction.)

Velásquez JC[1], Berrocal L[1], Trombert A[1], Mora G[1].
[1]Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias Biológicas, Departamento de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Microbiologia. Santiago, Chile. jcvelasquez@unab.cl

P-085 **Identificación mediante análisis genómico de las islas de patogenicidad SPI-19, SPI-20 y SPI-21 de *Salmonella*, codificantes para sistemas de secreción tipo VI** (Genomic analysis identification of pathogenicity islands SPI-19, SPI-20 and SPI-21 of *Salmonella*, encoding Type Six Secretion Systems)

Jimenez, J.C. [1], Blondel, C. J.[1], Contreras, I. [1] y Santiviago, C. A. [1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.
[2]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
jjromaguera@yahoo.es

P-086 **Genómica comparativa de bacterias autótrofas facultativas y obligadas: diferencias clave para la regulación del ciclo de Calvin y otros aspectos de la autotrofía** (Comparative genomics of facultative and obligate autotrophic bacteria: key differences in Calvin Cycle regulation and other aspects of autotrophy)

Cárdenas J. P.[1], Esparza M.[1], Valdés J.[1], Quatrini R.[1] y Holmes D.S.[1,2]
[1] Center for Bioinformatics and Genome Biology (CBGB). Fundación Ciencia para la Vida, Millenium Institute for Fundamental and Applied Biology y [2]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. juan.pablo.cardenas@gmail.com

P-087 **Predicción de genes y vías metabólicas para la obtención de energía en condiciones de anaerobiosis en la bacteria *Acidithiobacillus ferrooxidans*.** (Genes and metabolic pathways predictions for anaerobic energy metabolism in the bacteria *Acidithiobacillus ferrooxidans*.)

Osorio, H.[1,2], Cárdenas, J.P.[1], Valdés, J.[1,2] and Holmes, D. S.[1,2] [1]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida. [2]Andrés Bello University, Santiago, Chile. hosoriou@gmail.com

P-088 **Evaluación de la citotoxicidad y búsqueda de los determinantes genéticos del péptidos antimicrobiano gicina A.** (Evaluation of cytotoxicity and genetic determinants screening of antimicrobial peptides gicina A.)

Ferrer A.[1], Saavedra J. M.[1], Sepúlveda R.[1], Diaz C.[1], Navarro M.[1], Tello M.[2], Corsini G.[1] [1]Laboratorio de Bacteriología Molecular, Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina, Universidad Diego Portales. [2]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
aloferrer@gmail.com

P-089 **Prevalencia y caracterización de integrones clase 1, 2 y 3 en cepas de *E. coli* de ríos y lagos del sur de Chile.** (Prevalence and characterization of class 1, 2 and 3 integrons among strains of *E. coli* from rivers and lakes of Southern Chile)

Yuly Lopez[1], **Tomas Kappes[1]**, Randall Singer[2], Helia Bello[1], Mariana Domínguez[1], Gerardo Gonzalez[1]
[1]Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Antibióticos.
[2]University of Minnesota. Faculty of Veterinary Medicine. Dept of Pathobiology, USA. tkappes@udec.cl

P-090 **Efecto antimicrobiano del cobre en plantillas de cuero "Protex Pies / King Cooper".** (Antibacterial effect of cupper in leather insole "Protex Pies / King Cooper")
Askenasy, I., Norambuena, J., Espinosa, J., Wilkens, M. Laboratorio de Microbiología Básica y Aplicada. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile. marcela.wilkens@usach.cl

19:00 - 19:30	**C01 Dr. Bruno Biavati, "Probiotics: a general overview and application in human and animal"**
19:30 – 19:45	**Foto oficial Congreso Microbiología**
19:45- 21:00	**CEREMONIA INAUGURAL** Presidente Sociedad de Microbiología de Chile **C02 Conferencia (Salon 1): Conferencia Inaugural (Salón 1): Dr. Michael Galperin (NCBI). "What part of the genome do you not understand?"**
21:00-22:00	**Cocktail**

MIERCOLES 2 DICIEMBRE

08:30 - 10:30 **Incorporaciones a SOMICH sesiones I (Salón 1) y II (Salón 2)**

SESIÓN 1
Presidente: Alejandro Venegas
Secretaria: Mercedes Zaldívar

I—001
Diversidad y función de microorganismos en humedales altiplánicos de altura (Diversity and function of microorganisms in high altitude altiplanic wetlands)
Dorador C[1,3,4], Vila, I[2], Witzel, K-P[3], Imhoff, JF[4].
[1]Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile [2]Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile [3]Max-Planck Institute for Limnology (now Max Planck Institute for Evolutionary Biology), Plön, Alemania [4]Leibniz-Institute of Marine Sciences, Kiel, Alemania. criordor@gmail.com

I-002
Caracterización ultraestructural del ciclo lítico de un virus intra-nuclear que infecta a la diatomea *Chaetoceros* cf. *wighamii* (Bacillariophyceae) de la Bahía de Chesapeake, USA.
Ultrastructural characterization of the lytic cycle of an intra-nuclear virus infecting the diatom *Chaetoceros* cf. *wighamii* (Bacillariophyceae) from Chesapeake Bay, USA.
Eissler Y[1], Wang K [2], Chen F[2], Wommack E[3], Coats W[4]
Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales, Departamento de Química y Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso.[2] Center of Marine Biotechnology, University of Maryland. [3] Delaware Biotechnology Institute.[4] Smithsonian Environmental Research Center. yoanna.eissler@uv.cl

I-003
Evolución genómica, diversidad metabólica y de regulación en el genero Acidithiobacillus: un abordaje genómico-comparativo para comprender la vida a pH 1.. (Genome evolution, regulatory and metabolic diversity in the Acidithiobacillus genus: comparative genomics approach to understand life at pH 1.)
Valdes, J. [1,2] and Holmes D. S [1,2]
[1]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida.
[2]Andrés Bello University, Santiago, Chile.
Jorge.valdes@gmail.com

I-004
Cambios en la supervivencia a estrés de *Salmonella* Typhi debido a la transferencia funcional de la SPI-3 de *S.* Typhimurium. (Changes in the stress survival of Salmonella Typhi conferred by the functional transfer of S. Typhimurium SPI-3 sequences)

Patricio Retamal[1,2], Mario Castillo-Ruiz [1], Guido Mora[1]
[1] Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina. Universidad Andrés Bello.
[2]Programa de Doctorado en Ciencias Biológicas, Genética Molecular y Microbiología. Pontificia Universidad Católica de Chile. pretamal@uchile.cl

I-005

Perfil de expresión génica en lactantes chilenos hospitalizados por virus respiratorio sincicial y su relación con gravedad de la infección. (Gene expression profile in Chilean infants hospitalized with respiratory syncytial virus and its relationship with severity of infection)

Ampuero S.[1], Andaur R[1], Larrañaga C[1], Tapia L[1], Urzúa U[2].
[1]Programa de Virología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.[2]Programa de Biología celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

SESIÓN 2
Presidente: Roberto Vidal
Secretaria: Inés Contreras

I-006

Análisis de toxinas marinas lipofílicas y especies productoras de toxinas PSP en fitoplancton del Pacífico sur oriental, Chile. (Analysis of lipophilic marine toxins and PSP-toxin producing species in phytoplankton from the south eastern Pacific, Chile)

Trefault N[1], Krock, B[2], Pérez, B[1], Delherbe, N[1], Mujica, JF[1], Fuentealba, M[1] y Vásquez, M[1]
[1]Pontificia Universidad Católica de Chile [2]Alfred Wegener Institut, Bremerhaven, Alemania. nntrefau@puc.cl

I-007

Ausencia de efecto de miR-122 durante la síntesis*in vitro* de RNA viral por complejos de replicación aislados desde células que replican el RNA de HCV. (Lack of effect of miR-122 during *in vitro* RNA synthesis by isolated HCV replication complexes).

Rodrigo A Villanueva[1], Rohit Jangra[2], Minkyung Yi[2], Rick Pyles[2], Nigel Bourne[2], & Stanley Lemon[2].[1]Programa de Virología, ICBM, U de Chile; [2]Center for Hepatitis Research, Institute for Human Infections and Immunity, Department of Microbiology and Immunology, University of Texas Medical Branch at Galveston, Texas, US.Rvillanueva@med.uchile.cl

I-008

Contribución de los pseudogenes *sseJ* y *sopD2* en la hospedero-especificidad de *Salmonella enterica* serovar Typhi. (Contribution of *sseJ* and *sopD2* pseudogenes to host-specificity of *Salmonella enterica* serovar Typhi)

A.Nicole Trombert L., Liliana Berrocal S, Cristóbal Mujica T y Guido Mora L.
Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.
a.trombert@uandresbello.edu

I-009

La fimbria Stg de *Salmonella enterica* serovar Typhi se expresa y participa en la adherencia de la bacteria a líneas celulares humanas" (The expression and participation of Stg fimbria from *Salmonella enterica* serovar Typhi in the bacterial adherence on human cell lines)

Liliana Berrocal S.[1]., A. Nicole Trombert [1],
Cristóbal Mujica C. [1] y Guido Mora [1] [1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello

I-010

El gen *tdhA* de *Vibrio parahaemolyticus* es parte de un transposon compuesto. (*tdhA* gene of *Vibrio parahaemolyticus* is part of a composite transposon)

Cristóbal Mujica T., A. Nicole Trombert L., Liliana Berrocal S., María Paz Covarrubias B. y Guido Mora L.
Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello, Santiago – Chile.
Cristobal.mujica@gmail.com

10:30 - 11:00 **CAFÉ y Visita a los Stands**

11:00 - 13:00 **Simposio 4: Patógenos emergentes de alarma publica.** Coordina: Dr Luis Fidel Avendaño **(Salón 1).**

S013 Sr. Marcos Godoy, "¿Controlaremos el virus ISA?"

S014 Dra. Maricel Vidal Oyarce, *Listeria monocytogenes*: un patógeno emergente transmitido por alimentos

S015 Dra. Carola Otth Lagunas, "Novedades en hantavirus"

S016 Dr Luis Fidel Avendaño, "¿Se puede predecir lo impredecible del virus influenza?"

13:00 - 15:00 **ALMUERZO**

15:00 – 18:30 **Visita a la ruta del vino**

19:00 - 20:00 **Simposio 5: Microbiología, la nueva generación en el Bicentenario. "Ciencia e Innovación: avances y desafíos"**

Coordinan María José Gallardo y Alejandro Murillo **(Salón 1).**

S017 Dr. Francisco Chávez, "Uso de la Biología de Sistemas para el estudio de los polifosfatos inorgánicos en bacteria"

S018 Dr. José Manuel Pérez Donoso.. "Interacción telurito-bacteria, proyecciones Biotecnológicas en biosíntesis de nanopartículas y potenciación de antibióticos"

S019 Dra. Nicole Tischler Dworschak, "Un nuevo blanco de inhibición viral: el mecanismo de fusión de membranas de virus y célula"

S020 Dra Verónica García, "Identificación y caracterización de los genes *cd* y *vr* de *Brettanomyces bruxellensis* involucrados en la formación de etil derivados en vinos"

20:00-20: 15 **Dr. Edmundo Calva, y Dr. Fernando Soncini , "Charla sobre ASM".**

20:30-21:30 **Degustación de Vinos**

JUEVES 3 DICIEMBRE

9:00– 10:30 **Comunicaciones libres 1 (Salón 1) y 2 (Salón 2)**

8:30-9:00 **Entrega de archivos en Power Point en el salón correspondiente**

9:00-9:15 **CL-01 LAS PORINAS OMPD Y OMPW DE *SALMONELLA ENTERICA* SEROVAR TYPHIMURIUM PARTICIPAN EN EL TRANSPORTE DE MOLÉCULAS RELACIONADAS CON EL ESTRÉS oxidativo.** (OmpD and OmpW porins from *Salmonella enterica* serovar Typhimurium are involved in the transport of oxidative stress related molecules)

Calderón, I.L., Caro, N.J., Collao, B. G., Parra, S. J., Chahuán, C.A., Ortega, A. P., Saavedra, C. P. Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Cs. Biológicas, Universidad Andrés Bello

9:15-9:30 **CL-02 LA PROTEÍNA SEN1001 CONTIENE UN MOTIVO LYSM Y ES ESENCIAL PARA LA VIRULENCIA DE *SALMONELLA ENTERICA* SEROVAR ENTERITIDIS.** (The LysM domain-cointaining protein SEN1001 is essential for *S.* Enteritidis virulence).

Silva, C. A.[1,2], Blondel, C. J.[1,2], Jiménez, J. C. [1], Toro, C. S. [2], Zaldívar, M.[1], Contreras, I.[1] y Santiviago, C. A. [1,2] [1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, U. de Chile [2]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile.

9:30-9:45 **CL-03 EXISTENCIA DE SISTEMAS VIRALES PERTENECIENTES A LA FAMILIA *TOTIVIRIDAE* EN *XANTHOPHYLOMYCES DENDRORHOUS.*** (Existence of viral systems belonging to the *Totiviridae* family in *Xanthophylomyces dendrorhous*)

Bravo, N. Oriana Flores*, Mario Carrasco, Víctor Cifuentes, Marcelo Baeza. Depto. Ciencias Ecológicas, Fac. de Ciencias, Universidad de Chile. (natty.bravo@gmail.com)

9:45-10:00 **CL-04 ANÁLISIS *IN VITRO* DE ACTIVIDAD NUCLEASA PRESENTE EN EXTRACTOS DE SOBRENADANTES DE CULTIVOS DE *E. COLI* NISSLE 1917 Y SU RELACIÓN CON EL SISTEMA DE PRODUCCIÓN DE COLIBACTINA.** (*In Vitro* analysis of nuclease activity present in the supernatant of *E. coli* Nissle 1917 cultures and its

relationship with the regulation with colibactin production)
Gatta L.[1], Corsini G.[2], y Tello M. [1]
[1]Universidad de Santiago de Chile. Facultad de Química y Biología.
[2]Universidad Diego Portales. Facultad de Medicina. Laboratorio de Bacteriología Molecular.

10:00-10:15 **CL-05 PARTICIPACIÓN DE LA PROTEÍNA BTUE DE *ESCHERICHIA COLI* EN ESTRÉS OXIDATIVO.** (Participation BtuE protein of Escherichia coli in oxidative stress.)
Arenas F[1], Perez J[1], Sandoval J[1], Covarrubias P[1], Imlay J[2], Vasquez C[1].
[1] Laboratorio Microbiología Molecular,USACH
[2] Department of Microbiology,University of Illinois

10:15-10:30 **CL-06 USO DE LA PROTEINA FLUORESCENTE VERDE (GFP) COMO GEN REPORTERO PARA ESTUDIOS DE SEGUIMIENTO Y PERMANENCIA DE CEPAS PROBIOTICAS EN EL TRACTO GASTROINTESTINAL EN UN MODELO MURINO.** (Use of green fluorescent protein (GFP) as reporter gene for studies of transit and permanence of probiotic strains in the intestinal tract of a mouse model).
Olivares C, Olmos M, Venegas A. Laboratorio de Patogénesis Mibrobiana y Biotecnologia de Vacunas. Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. colivare@uc.cl

COMUNICACIONES LIBRES 2 (SALÓN 2)

8:30-9:00 **Entrega de archivos en Power Point en el salón correspondiente**

9:00-9:15 **CL-07 ESTUDIO DE ELEMENTOS GENÉTICOS INESTABLES EN EL CROMOSOMA DE SALMONELLA.** (Study of unstable genetic elements in the chromosome of *Salmonella*)
Susan Bueno[1], Tania Quiroz[1], Rodrigo Lizana[1], Daniela Araya[1], Hugo Tobar[1], Francisco Salazar[2], Carolina Quezada[2], Carlos Santiviago[2], Claudia Riedel[1,3], Alexis Kalergis[1].
[1]Núcleo Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Pontificia Universidad Católica de Chile
[2]Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile
[3]Laboratorio de Biología Celular y Farmacología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de la Salud, Universidad Andrés Bello.

9:15-9:30 **CL-08 CONTROL DE LA EXPRESIÓN DEL REGULADOR CENTRAL DE HOMEOSTASIS DE HIERRO FUR DE *ACIDITHIOBACILLUS FERROOXIDANS*.** Control of expression of the master iron homeostasis regulator Fur of *Acidithiobacillus ferrooxidans*
[1,2]**Lefimil C.,** [2]Duchens H., [1]Holmes D. y [2]Jedlicki E. [1]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida y Depto de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello; [2]ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Santiago. Chile. clefimil@med.uchile.cl

9:30-9:45 **CL-09 EXPRESIÓN GENÉTICA DE POTENCIALES GENES DE RESISTENCIA AL COBRE EN *ACIDITHIOBACILLUS FERROOXIDANS* ATCC 23270.** (Genetic expression of potential copper resistance genes in *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270)
Orellana, L. H.[1], Navarro, C.A.[1] y Jerez, C.A.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias e Instituto de Dinámica Celular y Biotecnología (ICDB), Universidad de Chile.

9:45-10:00 **CL-10 ANÁLISIS COMPARATIVO DEL CLUSTER MÍNIMO PARA LA SÍNTESIS DE TOXINAS DEL VPM EN *RAPHIDIOPSIS BROOKII* CEPA D9.**
(COMPARATIVE ANALYSIS OF MINIMUM CLUSTER FOR PSP TOXINS BIOSYNTHESIS IN *RAPHIDIOPSIS BROOKII* STRAIN D9)
[1]**Murillo A. A.,** [2,1]Stucken K.,[1]Soto-Liebe K.,[1]Trefault N., [1]Fuentes J. J.,[2]Cembella A., [1]Mónica Vásquez. [1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de

Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Católica de Chile. E-mail: amurillo@puc.cl [2]Biosciences Division, Chemical Ecology, Alfred Wegener Institute, Alemania.

10:00-10:15 **CL-11 IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DEL LOCUS *ASPV*-TRNA EN CEPAS DE REFERENCIA Y AISLADOS CLÍNICOS DE *SHIGELLA* SPP.** (Identification and characterization of *aspV*-tRNA locus in reference and clinical strains of *Shigella* spp)

Bravo, V[1]., Parsot, C., [2], Toro, C[1]
[1] Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.[2] Unité de Pathogénie Microbienne Moléculaire - INSERM U389, Institut Pasteur.

10:15-10:30 **CL-12 UN ELEMENTO INTEGRATIVO Y CONJUGATIVO EN *ACIDITHIOBACILLUS FERROOXIDANS* QUE AGRUPA 36 GENES PARA TRNA** (An integrative and conjugative element in *Acidithiobacillus ferrooxidans* that clusters 36 tRNA genes)

Bustamante, P.[1,2], Gutiérrez, F.[1], Almarza, O.[1], Levicán, G.[2], Katz, A.[1], Valdés, J.[3], Quatrini, R.[3],Holmes, D. S.[3] y Orellana, O.[1]
[1]Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
[2]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
[3]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencias para la Vida y Depto. de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello.

10:30- 11:00 **CAFÉ y Visita a los Stands**

11:00- 13:00 **Simposio 6: Microbiología del vino.** Coordina Dr. Eduardo Agosín **(Salón 1)**.

S021 Dr. Sylvie Dequin, "Secuenciación y análisis genómico de *Saccharomyces cerevisiae* EC1118, cepa de amplio empleo en fermentación vínica"

S022 Dr. Eduardo Agosin, "Fermentación vínica, una mirada desde la biología de sistemas".

S023 Dr. Maria Angélica Ganga, "Cepas endémicas de *Oenococcus oeni*"

S024 Dr. Felipe Vargas. "Simulación metabólica a escala genómica de la fermentación vinica".

13:00 - 15:00 **ALMUERZO**

15:00 - 17:00 **Simposio 7: Extremófilos**. Coordina: Dra Gloria Levicán **(Salón 1)**.

S025 Dra. Jenny Blamey. "Ambientes extremos antárticos y diversidad microbiana".

S026 Dr. David Holmes.. "Top challenges and opportunities for life at pH 1"

S027 Dr. Frank Robb, "Overflow metabolism of carbon mononoxide oxidizing, hydrogen producing thermophiles"

S028 Dr. Thomas Kulp, "Arsenic biogeochemistry in extreme environments: Hypersaline soda lakes and hydrothermal springs".

15:00 - 16:30 **Simposio 8: Biocombustibles: un desafío actual para Chile**
Coordina Dr. Michael Seeger **(Salón 2).**

S029 Dra. Mariella Rivas. "Producción de biodiesel desde microalgas

S030 Dr. Rodrigo Navia. "Perspectivas en el uso de procesos biotecnológicos para la producción de biodiesel"

S031 Dr. Juan Carlos Gentinna "Producción de Bioetanol de Segunda Generación: Desafios Tecnológicos y Microbiológicos"

17:00-17:30 **Café y visita a los stands**

17:30-19:00 **SESIÓN DE PANELES 2**

P-091 **Purificación y caracterización parcial de un péptido con actividad antibacteriana, aislado de una cepa de *Enterococcus faecalis*.** (Purification and partial characterization of an antibacterial peptide, isolated from a strain of *Enterococcus faecalis*)

[1]**Toloza L.**, [1]Padilla C., [1]Lobos O.
[1]Departamento de Microbiología. Universidad de Talca. ltoloza@utalca.cl

P-092 **Evaluación *in vitro* de la actividad desinfectante de complejos metálicos de hierro, cobalto y níquel.** (*In vitro* evaluation of disinfectant activity of iron, cobalt and nickel metal complexes).

Corsini G.[1], Atria A. M.[2] y Cortés-Cortes, P.[1]
[1]Laboratorio de Bacteriología Molecular, Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina, Universidad Diego Portales.
[2]Departamento de Química Inorgánica y analítica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. gino.corsini@udp.cl

P-093 **Identificación de aislados silvestres de *Streptomyces* productores de compuestos bioactivos con propiedades antibióticas presentes en el Cajón del Maipo** (Identification of wild type strain of streptomyces able to produce bioactive compounds with antibiotic properties in the Maipo Valley).

Soto P[1]., Polanco R.[2], Corsini G.[3], y Tello M[1]. ,
[1]Universidad de Santiago de Chile, Facultad de Quimica y Biología.
[2]Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Bioquímica.
[3]Universidad Diego Portales, Facultad de Medicina, Laboratorio de Bacteriología Molecular. Politasa1@hotmail.com

P-094 **Caracterización molecular de resistencia a antimicrobianos en cepas de *Staphylococcus spp.* aislados desde otitis externa y pioderma en caninos.** (Molecular characterization of antimicrobial resistance in strains of *Staphylococcus spp* isolated from otitis externa and pyoderma in dogs).

Ulloa, M. [1], Muñoz, L. [2], Anticevic, S.[2], Borie, C. [2],
Molina, M. [1,2], Heresmann, M. [2], Abusleme, F. [2].
[1] Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile.
[2] Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, U. De Chile. mtulloa@med.uchile.cl

P-095 **Caracterización de bacterias pigmentadas violeta con actividad antimicrobiana aisladas desde la Antártica**. (Characterization of violet pigmented bacteria with antimicrobial activity isolated from Antarctica.)

Asencio G.[1], Gimpel C.[1], Ogué E.[2], Domínguez, M.[3], Gonzalez, G.[3], Alegría K.[3], González M.[1]
[1]Instituto Antártico Chileno.
[2]Fundación Científica y Cultural Biociencia.
[3]Laboratorio de Investigación en Antibióticos. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. gasencio@inach.cl

P-096 **Estudio de compuestos antimicrobianos producidos por tres especies de *Trichoderma* contra microorganismos fitopatógenos.** (Study of antimicrobial compounds produced by three *Trichoderma* species against phytopathogenic microorganisms).

Polanco R[1], Campos A[1], Peña R[1], Leiva C[1], Corsini G[2] y Tello M[3].
[1]Universidad Andrés Bello. Fac. Cs. Biológicas. Laboratorio de Bioquímica.
[2]Universidad Diego Portales. Fac. Cs. de la Salud. Laboratorio de Bacteriología Molecular.
[3]Universidad de Santiago de Chile. Fac. Quimica y Biologia. Lab. de Bioinformática y Compuestos Bioactivos. rpolanco@unab.cl

P-097 **Primera descripción de β-lactamasa de espectro extendido CTX-M en bacterias aisladas en Península Fildes, Territorio Antártico Chileno.** (First description of CTX-M extended-spectrum β-lactamase in bacteria isolated from Fildes Peninsula, Antarctic Chilean Territory.)

Alegría Karen, Sepúlveda Juan I., Domínguez Mariana, Bello Helia, González Gerardo.
Laboratorio de Antibióticos, Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. Concepción.
Kaalegria.aiesec@gmail.com

P-098 **Obtención y caracterización de una cepa de atenuada de *Salmonella enteritidis* para su uso como potencial vacuna oral viva.** (Construction and characterization of a *Salmonella enteritidis* attenuated strain to be used as a potential oral live vaccine.)

Saba Badir, Moreno Francesca, Bruce Elsa, Venegas Alejandro. Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Vacunas, Departamento de Genética Molecular Y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile. Email: badirsaba@gmail.com

P-099 **Integrones clase 1 en cepas de bacilos Gram negativos resistentes sulfonamidas y/o trimetoprim aisladas desde cultivos de salmón en Chile.** (Integrons in strains of Gram negative bacilli resistant to sulfonamide and trimethoprim isolated from Chilean fish farming)

Fuentes, O.[1], Vergara, P.[1], López, Y.[1], Domínguez, M.[1], Bello, H.[1], Miranda, C.[2] y González, G.[1]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción y [2]Departamento de Acuicultura, Facultad de Ciencias del Mar. Universidad Católica del Norte. ofuentes@udec.cl

P-100 **Detección de *Escherichia coli* O157:H7 y *Listeria monocytogenes* en carne molida mediante SISTEMA BAX® PCR** (Detection of *Listeria monocytogenes* and *Escherichia coli O157*: H7 in ground beef using a BAX ® SYSTEM- PCR.

Vidal L., Figueroa G., Troncoso M.
Laboratorio de Microbiología y Probióticos, INTA, Universidad de Chile, Santiago, Chile. mtronco@inta.cl

P-101 **Enriquecimiento de Bacterias Reductoras de Sulfato de tres termas de de la X región, Chile.** (Enrichment of sulfate-reducing bacteria in three hot springs of the X region, Chile)

Abarzúa, L.[1], Pérez, N. [1], Mackenzie, R.[2], Sossa, K.[1], Urrutia, H.[1]
[1]Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción [2]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. leabarzu@udec.cl

P-102 **Perfil de ácidos grasos de un bacilo Gram negativo aislado desde un núcleo de hielo obtenido desde la Península Antártica chilena**. (Fatty acids profile of Gram negative bacilli isolated from an ice-core obtained from the Chilean Antarctic peninsula)

Barros J[1*]., R. Mackenzie[1], C. González[1], V. Hernández[2], J., Becerra[2] & M., Martínez[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. [2]Laboratorio de Química de Productos Naturales, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción. Concepción, Chile. javbarros@ude.cl

P-103 **Movilización de arsénico por bacterias epilíticas, aisladas desde rocas volcánicas** (Arsenic mobilization by epilithic bacteria isolated from volcanic rocks)

Campos, VL[1,3]., **Escalante, G**[1]., Zaror, C[2]., Mondaca, MA[1].
[1]Departamento de Microbiologia, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
[2]Departamento de Ingeniería Química, Facultad Ingeniería Química, Universidad de Concepción.
[3]Centro EULA-CHILE, Universidad de Concepción.

P-104 **Análisis de microbiota en ambientes hipersalinos: El salar de Llamará.**

Zúñiga Jorge[1],Azúa-Bustos A [1]& Vicuña Rafael.[1]
[1]Departamento de genética molecular y microbiologia. Facultad de ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile.
jmzuniga@uc.cl

P-105 **Análisis filogenético de bacterias cultivables aisladas en Península Fildes, Isla Rey Jorge, Territorio Chileno Antártico**. (Phylogenetic analysis of cultivable bacteria isolated from Fildes Peninsula, King George Island, Chilean Antarctic Territory).

Muñoz Gabriel[1], Domínguez Mariana[1], Bello Helia[1], González Gerardo[1], Hernández Cristian E[2].
[1]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción.
[2]Departamento de Zoología. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción. Chile. gabmunoz@udec.cl

P-106 **Aislamiento de un microorganismo hypertermófilo desde el campo geotérmico el tatio**. (Isolation of hyperthermophile microorganism from the geothermal field the tatio.)

Valenzuela, B [1], Araya, R [2], Zamorano, P.[3] [1]Programa Magíster en Ciencias Biomédicas, Laboratorio de Microorganismos Extremófilos Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta
[2]Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta

[3]Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta
Extremelifehunters@gmail.com

P-107 **Aislamiento y caracterización de bacterias degradadoras de hidrocarburos desde suelos contaminados de la región de Valparaíso.**
Fuentes S., Méndez V., Morgante V., Hernández M., Yañez C., González M. y Seeger M.
Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.

P-108 **Bacterias de interés sanitario en el ecosistema del río almendares** (Bacteria of public health interest in the river ecosystem almendares)
Sergio Chiroles Rubalcaba [1]., Dra. C. Maria Isabel González González [2]
[1]. Institución: Instituto Nacional de Higiene Epidemiología y Microbiología, Laboratorio de Microbiología Sanitaria. sergio@inhem.sld.cu

P-109 **Diversidad de microorganismos oxidantes de amonio en distintos humedales del Altiplano Chileno** (Diversity of ammonia oxidizing microorganisms in different wetlands of the Chilean Altiplano)
Cubillos C, Vazquez Y, Dorador C
[1]Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile

P-110 **Laguna de Piacota: *hot spot* de biodiversidad microbiana en el Altiplano Chileno** (Laguna de Piacota: *hot spot* of microbial biodiversity in the Chilean Altiplano)
Aguilar P, Carvajal P, Justel F, Dorador C.
[1]Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile
cdorador@uantof.cl

P-111 **Estudio de la Actividad de las Bacterias Reductoras de Sulfato en Cinco Mezclas de Materia Orgánica Usadas en el Tratamiento del Drenaje Ácido de** Minas (Study of the Activity of Sulfate Reducing Bacteria in Five Mixtures of Organic Matter used in the Treatment of Acid Mine Drainage)
Pérez, N.[1]; Urrutia, H.[1]; Schwarz, A.[2]
[1] Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental. Centro de Biotecnología. Universidad de Concepción.[2] Laboratorio de Ingeniería Hidráulica y Ambiental. Facultad de Ingeniería. Universidad de Concepción. normaperez@udec.cl

P-112 **Caracterización de la microbiota gastrointestinal procariontе asociada a *Concholepas concholepas* mediante análisis del ADNr 16S.** (Molecular characterization of gut microbiota of *Concholepas concholepas* by 16S rDNA analysis).
Ordóñez J [1,2]; Vargas G[1]; Zadjelovic V[1]; Lody M[3]; Riquelme C[3]; Dorador C[1]; Mercado A [1,2]
1 Laboratorio de Biotecnología, Universidad de Antofagasta.
2 Centro de Investigación Científico y Tecnológico para la Minería. CICITEM
3 Laboratorio de Ecología Microbiana, Universidad de Antofagasta.

P-113 **Efecto de bacterias productoras de Ácido indol acético (AIA), aisladas de plantas nativas, sobre el crecimiento de *Lycopersicum esculentum* Mill.** (Effect of bacteria producing indole acetic acid (IAA), isolated from native plants, on the growth of *Lycopersicum esculentum* Mill).
Orellana, P., Robeson, J. Laboratorio de Bacteriología, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. jrobeson@ucv.cl

P-114 **Efecto de inoculación de una bacteria aglomerante de suelo en el desarrollo radicular de plántulas de *Lycopersicum esculentum* Mill** (Effect of inoculation with a soil agglomerating bacterium on root development in plants of *Lycopersicum esculentum* Mill)
Bahamondes, C., Robeson, J. Laboratorio de Bacteriología, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, jrobeson@ucv.cl

P-115 **"Estudio comparativo de la tolerancia a agentes oxidantes en las bacterias *Leptospirillum ferriphilum* y *Acithiobacillus ferrooxidans*"** (Comparative study of tolerance to oxidizing agent in the bacteria *Leptospirillum ferriphilum* and *Acithiobacillus ferrooxidans*.)
Cortés A. [1], Flores R. [1]y Levicán G. [1].
[1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
kanuandres@gmail.com

P-116 **Un modelo matemático simple para la colonización bacteriana del rizoplano.** (A simple mathematical model for bacterial colonization of rhizoplane)
Adrialy Muci[1], Andrés Ávila [2], Milko Jorquera[3]
[1]Magister en ciencias de la Ingeniería mención Modelación Matemática
[2]Departamento de Ingeniería Matemática, Universidad de La Frontera
[3] Laboratorio de Biotecnología en Recursos Naturales, Instituto de Agroindustria, Universidad de La Frontera.

P-117 **¿Existe ritmicidad en la síntesis de las toxinas del VPM en la cianobacteria de agua dulce *Raphidiopsis brookii* cepa D9?** (Does rhythmicity exist in PSP-toxin synthesis in the freshwater cyanobacterium *Raphidiopsis brookii* strain D9?).
Mandaković, D.[1], Soto-Liebe, K.[1], Serrano, A.[1], Vásquez, M.[1] [1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Pontificia Universidad Católica de Chile. mvasquez@bio.puc.cl

P-118 **Inhibición de la formación de biopelículas de *Flavobacterium psycrophilum* mediante antagonismo bacteriano.** (Inhibition of biofilm formation of *Flavobacterium psycrophilum* by bacterial antagonism)
De la Fuente M[1], González P[1], Valdevenito D[1], Sossa K[1], Urrutia H[1].
[1]Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.

P-119 **Presencia de cianobacterias productoras de microcistinas en reciente florecimiento algal nocivo en el embalse Rapel, Chile: análisis toxicológico y filogenético.** Presence of microcystins-producing cyanobacteria in the recently harmful algal blooms in the reservoir Rapel, Chile: toxicological and phylogenetic analysis)
Delherbe, N[1]., Soto, K[1]., Echenique, I[1]., Vásquez, M[1].
[1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

P-120 **Caracterización de microorganismos termofílicos productores de lipasa aislados de La Isla Decepción.** (Characterization of thermophilic lipase-producing microorganisms isolated from Deception Island)
Muñoz, Patricio[1, 2]; Boehmwald, Freddy[1, 2]; Blamey, Jenny M.[1] [1]Fundación Científica y Cultural Biociencia. [2]Doctorado en Biotecnología, Universidad de Santiago de Chile patricio.munozt@gmail.com

P-121 **Abundancia y riqueza de bacterias celulolíticas aeróbicas en diferentes sustratos** (Abundance and richness of cellulolytic bacteriafrom different substrates)
Opazo R[1], Navarrete P[1], Díaz P[1], Karaciolo A[1], Espejo, RT[1] y Romero J[1].
[1]Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad de Chile.

P-122 **Estudio de la respuesta a estrés oxidativo inducida por Fe^{3+} y análisis de los componentes moleculares involucrados la protección antioxidante en la bacteria acidófila *Leptospirillum ferriphilum*.** (Study of redox stress response induced by Fe^{3+} and analysis of the molecular components involved in antioxidant protection in acidophilic bacterium *Leptospirillum ferriphilum)*.
Flores, R.[1], Contreras, M., Cortés, A[1]. y Levicán G.[1]
[1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
r.flores.rios@gmail.com

P-123 **Comparación de la diversidad bacteriana en tres fuentes termales de la X región, Chile.** (Comparison of bacterial diversity in three hot springs, X region, Chile.)

Mackenzie, R. [1,2], Abarzúa, L.[1], Barros, J.[2], Sossa, K.[1], Urrutia, H.[1]
[1]Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción. [2]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. rmackenzie@udec.cl

P-124 **Comparacion de diferentes técnicas para la cuantificación de las comunidades microbianas en muestras de biolixiviación.**(Comparison between different quantification techniques for the determination of microbial populations in biolaeching samples)
Gallardo, K.[1], Tapia, P.[1], Urtuvia, V.[1], Contador, Y.[1]. and Demergasso, C.[1]
[1]Centro de Biotecnología Profesor Alberto Ruíz. Universidad Católica del Norte. Antofagasta – Chile
cdemerga@ucn.cl, vurtuvia@ucn.cl ,

P-125 **Producción de agarasas de bacterias antárticas asociadas a macroalgas**. (Antarctic seaweed bacteria agarases production)
Gimpel C.[1], Asencio G.[1], Figueroa C.[3], Ogué E.[2] y González M.[1] [1]Instituto Antártico Chileno, Plaza Muñoz Gamero 1055, Punta Arenas, Chile. [2]Fundación Biociencia, José Domingo Cañas 2280, Ñuñoa, Santiago, Chile. [3]Servicio Agrícola y Ganadero, Laboratorio regional. Punta Arenas, Chile

P-126 **Caracterización molecular de la comunidad bacteriana asociada a sedimentos de lagos patagónicos** (Molecular characterization of bacterial community from sediments of patagonic lakes).
León, C[1]., Campos, VL[1,2]., Urruria, R[2]., Mondaca,MA[1].
[1]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción
[2]Centro EULA-Chile. Universidad de Concepción.
caleon@udec.cl

P-127 **Simulación de la emergencia de diversidad en *Bacillus subtilis*.** (Simulating the emergence of diversity in *Bacillus subtilis*)
Pámela Martinez[1], Miguel Fuentes[2], Pablo Marquet[1,2,3]
[1]Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB), Departamento de Ecología, Facultad Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
[2]Santa Fe Institute, Santa Fe, New Mexico, USA
[3]Institución de Ecología y Biodiversidad. Casilla 653, Santiago.
martinez.pamela@gmail.com

P-128 **Análisis de comunidades microbianas en suelos agrícolas tratados con simazina en Chile central.** (Analysis of microbial communities in agricultural soils treated with simazine from central Chile).
Hernández, M.[1,2], Jorquera, M.A.[2], and Seeger, M.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.
[2]Laboratorio de Biotecnología en Recursos Naturales, Instituto de Agroindustria, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. mate_hg@yahoo.es

P-129 **Distribución de genes de resistencia a arsénico en sedimentos con concentraciones variables del metaloide** (Distribution of arsenic-resistant genes in sediments with different concentrations of arsenic).
Mellado, C[1]., Campos, VL[1,2]., Mondaca, M.A[1].
[1]Departamento de Microbiologia, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción.
[2]Centro EULA-Chile. Universidad de Concepción. camellado@udec.cl

P-130 **Caracterización de comunidades bacterianas en suelos y sedimentos lacustres antárticos mediante electroforesis en gel con gradiente denaturante (DGGE).** (Characterization of bacterial communities in soils and lake sediments from Antarctica by denaturing gradient gel electrophoresis [DGGE].)
Muñoz, Gabriel[1], Abarzúa, Leslie[2], Urrutia, Homero[2], Bello, Helia[1], Domínguez, Mariana[1], González, Gerardo[1] [1]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas y [2]Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción. Concepción. Chile gabmunoz@udec.cl

P-131 **Detección de actividad proteolítica en bacterias psicrotróficas aisladas en la Antártica.** (Detection of proteolytic activity in psychrotrophic bacteria isolated from Antarctica)
Muñoz, G., Elgorriaga E., Domínguez, M., Bello, H., González, G.
Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

P-132 **Bioprospección de extremoenzimas en microorganismos antárticos**
Peralta, R.[1], Blamey, L.[1], Blamey, J.M.[1]
[1] Fundación Científica y Cultural Biociencia. Santiago de Chile.
rperalta@bioscience.cl, lblamey@bioscience.cl, jblamey@bioscience.cl

P-133 **Búsqueda, cuantificación y normalización de marcadores genéticos para monitorear sistemas industriales de biolixiviación** (Search, quantification and normalization of genetic markers to monitor industrial bioleaching systems).
Remonsellez, F.[1], Galleguillos, F.[1], Acosta, M.[1], Coñajagua, A.[2], Daza C.[2], Meneses, C.[2] y Demergasso C[1].
[1]Centro de Biotecnología, Universidad Católica del Norte, Antofagasta.
[2]Departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación, Universidad Católica del Norte, Antofagasta.
fremonse@ucn.cl

P-134 **Péptidos antibacterianos de moluscos marinos contra bacterias gran negativas de interés en la industria alimentaria** (Antimicrobial peptides of marine molluscs against Gram negative bacteria of interest in the food industry).
Fabián Salazar[1], Esteban Nova[1], Augusto Manubens[2], Alfredo E. De Ioannes[2], Juan Navarro[3], Viviana Cachicas[4], María Inés Becker.[1,2*]
[1]Fundación Ciencia y Tecnología para el Desarrollo, [2]Biosonda S.A., [3]Instituto de Instrumentación Analítica y Desarrollo Tecnológico (IADET) Ltda., [4]Microbiología de Alimentos, Instituto de Salud Pública. Santiago, Chile. *mariaines.becker@fucited.cl

P-135 **Estudio de la actividad glucosidasa de una cepa de *Bifidobacterium pseudocatenulatum* para el desarrollo de alimentos funcionales**. (Study of glycosidase activity in a *Bifidobacterium pseudocatenulatum* strain for functional food development.)
Strahsburger E[1], Lopez de Lacey A [2], Dinelli G[3], Di Gioia D[3], Marotti I[3], Biavati B[3].
[1]Universidad Andres Bello, Facultad de Ciencias Biológicas, Departamento de Ciencias Biológicas, Viña del Mar, Chile. [2]Instituto del Frío(CSIC, Madrid, España.
[3]Università di Bologna, Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agroambientalic (DISTA Bologna, Italia.
estrahsburger@unab.cl

P-136 **Aislamiento y selección de potenciales probioticos para el cultivo del abalon *Haliotis rufescens* en Chile.** (Isolation and selection of potental probiotics for culture of abalone *Haliotis rufescens* in Chile.)
Claudia D. Infante[1], Fernando R. Silva-Aciares[1,2], Andrea Moreno[1], Paolo Carvajal[1,2], Ana Maria Mercado[3], Carlos E. Riquelme[1,2]
[1] Laboratorio de Ecología Microbiana, FAREMAR, Universidad de Antofagasta
[2] Unidad de Microbiología Aplicada, FAREMAR, Universidad de Antofagasta
[3] Laboratorio de Biotecnología, FAREMAR, Universidad de Antofagasta

P-137 **Contaminación con *Listeria monocytogenes* en diferentes matrices alimentarias** (*Listeria monocytogenes,* contamination levels of different food matrices) .
Troncoso M., López C., Morales M.E, Adriazola P., Vidal L., Soto H., Lopez M, Figueroa G.
Laboratorio de Microbiología y Probióticos, INTA, Universidad de Chile, Santiago, Chile. mtronco@inta.cl

P-138 **Caracterización de factores de virulencia en cepas de *Listeria monocytogenes* aisladas desde alimentos.** (Characterization of virulence factors in *Listeria monocytogenes* strains isolated from food.)
Vidal M[1], Bodero M [1], Riveros G [1], Fuentes D [1], [1]Seremi de Salud Región Metropolitana
Maricel.vidal@asrm.cl

P-139 **Presencia de *Vibrio parahaemolyticus* en especies de bivalvos de consumo nacional en sitios de expendio de la X Región, Chile, durante el período estival 2009** (Presence of *Vibrio parahaemolyticus* in bivalve species of domestic consumption in outlets of the X region, Chile, during summer 2009)
Belmar. D[1], Ferreira. N[1], Heredia. J[3], Aranda. C[2], Cachicas. V[3]
[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Escuela Ingenieria en Biotecnologia, Universidad Andrés Bello; [2]Centro i-mar, Universidad de los Lagos; [3]Instituto de Salud Pública de Chile (ISP).
diego@belmar.ws

P-140 **Screening de contaminación microbiana en productos de origen marino mediante uso de PCR** (Microbial contamination screening in sea products by using PCR)
Jorge R. Frías[1], René Garcés A.[2], Natalia Ortiz J.[1], Karina Garcés A.[1], Paulete Echeverría A.[1]
1. Escuela de Ingeniería Civil en Biotecnología, Universidad San Sebastian, Concepción
2. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad San Sebastian, Concepción

P-141 **Caracterización de serotipos por PCR de *Listeria monocytogenes (Lm)* en una planta procesadora de embutidos crudos madurados en la Región de O'Higgins.** (Characterization of ***listeria monocytogenes*** in a raw meat processing plant in the Region of O'higgins)
Adrian N. [1], Fuentes V. [1]., Tolorza L. [1], Gädicke P. [2], Lopez J.[2]. Rojas F[3]., Jara M., Olivari F[3]. y Cachicas V.[3] ; Seremi Salud O´Higgins [1], Universidad de Concepción [2], Instituto de Salud Pública de Chile [3].

P-142 **Purificación y caracterización parcial de una sustancia antimicrobiana producida por *Staphylococcus aureus* con actividad sobre *Listeria monocytogenes*.** (Purification and partial characterization of a antimicrobial substance produced by *Staphylococcus aureus* against *Listeria monocytogenes)*.
W. Donoso[1], O. Lobos[1], C. Padilla[1]. [1]Depto de Cs. Biomédicas y Microbiología. Universidad de Talca. Chile.
wdonoso@utalca.cl

P-143 **Persistencia de bacteriófagos líticos de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis en huevos de gallina** (Persistence of lytic bacteriophages of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis in hen eggs)
[1]**Valencia, M.** , [1]Retamales, J., [2]Borie, C., [1]Robeson, J. 1. Instituto de Biologia, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso 2. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

P-144 **Prevalencia e identficación de *ARCOBACTER SPP.* En carcasas de pollos broiler provenientes de plantas faenadora de la Región Metropolitana** (Prevalence and identification of *Arcobacter spp.* on broiler chickens from plants of the Metropolitan) **Guzmán M.**, Troncoso M. y Figueroa G.
Laboratorio d Microbiología y Probióticos, INTA, U. Chile. Santiago, Chile.
mguzmanvalenzuela@gmail.com

P-145 **Detección e Identificación de *Vibrio parahaemolyticus* desde muestras ambientales, durante la aparición de nuevos casos clínicos en Antofagasta, Chile.** (Detection and identification of *Vibrio parahaemolyticus* from environmental samples, during an apparition of new clinical cases in Antofagasta, Chile)
Hengst MB, Garcia-Bartolomei E, Leiva JC, Cáceres M, Leyton Y, Varas R & Riquelme C.
Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Acuicultura, Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta. mbhengst@gmail.com

P-146 ***Acanthamoeba castellanii* como posible vehiculo de transmisión *Campylobacter jejuni* a pollos Broiler.** (*Acanthamoeba castellanii* as possible transmission vehicle of *Campylobacter jejuni* to broilers.)
Flores S[1], Fernández H[1], Villanueva M., González M. [1]Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. Sandra_uach_2008@hotmail.com

P-147 **Detección de *Campylobacter jejuni* en carcasas de pollos de expendio directo en la Región Metropolitana** . (Detection of *Campylobacter jejuni* in covers chicken of direct dispensing in the Metropolitan Region)
Banduc, R.[1-2], Farías, L.[1], Figallo., A.[1], Carrillo, V.[1], Fuentes, D.[1] y Vidal, M.[1].[1]SEREMI de Salud R.M.
[2]Universidad Santo Tomas.
Maricel.vidal@asrm.cl

P-148 **Detección de *Vibrios spp.* asociados a Intoxicaciones alimentarias mediante Macro arreglo Molecular.** (Detection de food illness *vibrios spp* asociated, based on Macroarray technique) **Nicolas Ferreira**[1], Diego Belmar[1], Viviana Cachicas [1]Instituto de Salud Pública de Chile.
n.ferreira@compassib.com

P-149 **Estudio funcional de la vía de degradación del 2-aminofenol de *Burkholderia xenovorans* LB400.** (Functional analysis of the 2-aminophenol degradation pathway in *Burkholderia xenovorans* LB400)
Chirino, B., Agulló, L., González, M., Seeger, M.
Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso. bernarditachirino@gmail.com

P-150 **Influencia de la adsorción de *Pseudomonas stutzeri* y *Rhodococcus rhodochrous* bacterias sobre la actividad biodesulfuradora de gasoil.** (Influence of *P.stutzeri* and *R. rhodochrous* over the BDS activity of gasoil)
Ibacache-Quiroga C, Dinamarca M.A. & Ojeda J. Laboratorio de Biotecnología Microbiana, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso. ibacache.claudia@gmail.com

P-151 **Estudio de funcionalidad de la ruta metabólica de polihidroxialcanoatos en *Burkholderia xenovorans* LB400.** (Study of functionality of the polyhydroxyalkanoate metabolic pathway in *Burkholderia xenovorans* LB400).
Córdova M. y Seeger M. Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.
macarenacordova@yahoo.com

P-152 **Efecto de la sobreexpresión del gen *fabA* en la resistencia a estrés oxidativo en *Escherichia coli*** (Effect of *fabA* overexpresion on *E. coli* resistance to oxidative stress.)
Pradenas G. [I], Paillavil B. [I], Pérez J. [I] Vásquez,C. [II] Laboratorio de Microbiología Molecular. Universidad de Santiago de Chile. Gonzalo.pradenasm@usach.cl

P-153 **Análisis del metabolismo de urea y cianato en la cianobacteria productora de Veneno Paralizante de Moluscos, *Raphidiopsis brookii* D9.** (Analysis of urea and cianate metabolism in the paralytic shellfish poisoning toxin producing cyanobacterium *Raphidiopsis brookii* D9.)
Serrano, A., Trefault, N., Vásquez, M.
Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
arserran@puc.cl

P-154 **Estudio de la producción de compuesto fenólicos en aislados de levaduras no-*Saccharomyces*.** (Study of production of phenolic compounds by non-*Saccharomyces* yeast isolated)
Duque, B.[2], **Gerter, D.**[2], Sangorrín, M.P.[1], Lopes, C.A. [1],Martínez, C. [2,3] y Ganga M.A. [2]
[1]Universidad Nacional del Comahue y CONICET. Argentina. [2]Departamento en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. [3]Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Santiago de Chile.

P-155 **Biosintesis de polihidroxialcanoatos por *Sphingopyxis chilensis S37* y *Cupriavidus sp. PZK*, utilizando melaza como fuente de carbono.** (Biosyntesis of polyhydroxyalkanoates by *Sphingopyxis chilensis S37* and *Cupriavidus sp. PZK*, using sugar beet molasses as carbon source)
Fernandez-Bunster G[1], Pooley A[2], Martinez M[1] [1]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. [2]Departamento de Polímeros, Facultad de Ciencias Quimicas, Universidad de Concepción., Concepción.
guillefernandez@udec.cl

P-156 **Biosíntesis de PHA por consorcios microbianos mixtos que tratan efluentes de celulosa kraft.**
Guillermo Pozo[1], Miguel Martinez[2], Gladys Vidal[1]
[1]Centro de Ciencias Ambientales EULA-Chile. Universidad de Concepción.

[2]Departamento de Microbiología Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. gpozo@udec.cl

P-157 **Función de la arginina descarboxilasa en la adaptación al pH ácido en *Helicobacter pylori.*** (Function of the arginine descarboxilase in the acid pH adaptation in *Helicobacter pylori*).
Soto, S y Toledo, H. Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. sarylhiz@gmail.com

P-158 **Efecto de antioxidantes en la degradación de PCBs por *Burkholderia xenovorans* LB400.** (Effect of antioxidants on PCB degradation by *Burkholderia xenovorans* LB400).
Ponce, B[1]., Latorre-Reyes, V[1,2]., Agulló, L[1]., Gonzalez, M[1]., Seeger, M[1].
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental. Departamento de Química. Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso.
[2]Universidad de Magallanes, Punta Arenas.
berniponce@hotmail.com

P-159 **Metabolitos de Líquenes con actividad sobre el Sistema Quorum Sensing Bacteriano** (Lichens Metabolites with activity on Bacterial Quorum Sensing System).
Jopia P[1], Hormazábal Y[2], Torres C[2], Casanova A[2], Urrutia H[1].
[1]Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.
[2]Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.
pjopia@gmail.com

P-160 **Clonaje y Expresión de Enzimas de la Vía Fenilpropanoide en la Cepa Bacteriana *Escherichia coli*:** Cloning and Expression of Enzymes of Phenylpropanoide Pathway in *Escherichia coli*
Ivonne Quintanilla[1], Paola González[1] & Leda Guzmán[1]
1Laboratorio de Quimica Biológica. Pontificia Universidad Católica de Valparaiso. Chile
Leda.guzman@ucv.cl

P-161 **Efecto del K2TeO3 en el metabolismo del acetoglutarato en** *Escherichia coli*. Effect of K2TeO3 in a-ketoglutarate metabolism en *Escherichia coli*.
Reinoso, C., Díaz, W. y Vásquez, C.
Laboratorio de Microbiología Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
Claudiareinoso2001@gmail.com

P-162 **Efecto de una fuente de carbono no fermentable en la expresión de genes carotenogénicos en mutantes sobreproductoras de la levadura *Xanthophyllomyces dendrorhous*.** (Effect of a non-fermentable carbon source on carotenogenic gene expression in overproducer mutants of the yeast *Xanthophyllomyces dendrorhous*).
Lozano C[1]., Wozniak A[1]., Barahona S[1]., Sepúlveda D[1]., Baeza M[1]. y Cifuentes V[1].
[1]Centro de Biotecnología, Facultad de Ciencias,
Universidad de Chile.
carlalozan@gmail.com

P-163 **Comparación de diferentes técnicas para la cuantificación de las comunidades microbianas en muestras de Biolixiviación.** (Comparision between different quantification techniques for the determination of microbial populations in biolaeching samples)
Gallardo, K.[1], Tapia, P.[1], Urtuvia, V.[1], Contador, Y.[1]. and Demergasso, C.[1]
[1]Centro de Biotecnología Profesor Alberto Ruiz. Universidad Católica del Norte. Antofagasta – Chile
cdemerga@ucn.cl, vurtuvia@ucn.cl ,

P-164 **Detección de actividad proteolítica en bacterias psicrotróficas aisladas en la Antártica.** (Detection of proteolytic activity in psychrotrophic bacteria isolated from Antarctica)

Muñoz, G., Elgorriaga E., Domínguez, M., Bello, H., González, G.
Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
gabmunoz@udec.cl

P-165 **Efectos de Diferentes Donadores de Electrones sobre la Reducción Desasimilatoria de Arseniato en Sedimentos Provenientes del Salar de Ascotán, Chile.**(Effects of Diffent Pair Redox on Dissimilatory Arsenate Reduction in Sediments from Ascotán Salt Flat, Chile.)

Nuñez, Claudia[1], Kulp T.R.[2], Escudero L.[1,3], Oremland R.S[2] and Demergasso C[1,3].
[1]Centro de Biotecnología, Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile
[2] U.S. Geological Survey, ms 480, 345 Middlefield Road, Menlo Park, CA 94025, USA
[3]Centro de Investigación Científica y Tecnológica para la Minería (CICITEM), Antofagasta, Chile.
cnunez@ucn.cl

P-166 **Elementos *Cis* y *Trans* modulan la traducción del mRNA del segmento S del Virus Andes (*Hantavirus*).**

Vera-Otarola, J[1,2], López-Lastra M[1].
[(1)]Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Investigaciones Médicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. [(2)] Programa de Doctorado en Microbiología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. javochile@gmail.com

P-167 **Propiedades del Fago Temperado Telomérico VP58.5 encontrado en la cepa pandémica de *Vibrio parahaemolyticus*** (Properties of Temperate Telomeric Phage VP58.5 found in *Vibrio parahaemolyticus* pandemic strains)

Beatriz Zabala[1], Jens A. Hammerl[2], Stefan Hertwig[2], Romilio T. Espejo[1].
[1]Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Chile. Santiago, Chile. [2]Bundesinstitut für Risikobewertung. Berlin, Germany.
betrico@gmail.com

P-168 **Caracterización de plasmidio de cadn como control positivo de detección cualitativa de genotipos gi y gii de *norovirus*.** (Characterization of plasmid cDNA as a positive control for qualitative detection of genotypes of *Norovirus* GI y GII)

[1] **Heredia S. J.**, [2]Belmar D. [2]Ferreira N., [2]Cachicas V.
[1] Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, [2]Instituto de Salud Pública de Chile.

P-169 **Estudio del efecto de la infección de IPNV sobre la traducción celular**. (Study of the IPNV infection effect over cellular translation.)

Cartagena, J[1,3],Soto Rifo, R[1,2], Olhmann, T.[1,2] and Sandino, AM[1].
[1]Laboratorio de Virología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile, P.O Box 60, Santiago 33, Chile.
[2]Laboratoire de Virologie Humaine, INSERM U758, Ecole Normale Supérieure de Lyon, 46, Allée d'Italie 69364 Lyon cedex 07, Lyon, France. [3] Corresponding author: jcartage@usach.cl

P-170 **Análisis epidemiológico del retrovirus HTLV en pacientes con trastornos hematológicos atendidos en el Hospital Regional Valdivia.** (Epidemiologic analyze of HTLV retrovirus in patients with hematological disorders attending at Hospital Regional Valdivia).

Barrientos A[1], Lopez M[2], Marin F[1], Pilleux L[2], Zambrano A[3], Navarrete M[4], Otth C[1].
[1]Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[2]Instituto de Hematología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[3]Instituto de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[4]Hospital Regional Valdivia, Chile abarrientosbarria@gmail.com

P-171 **Disminución de la traducción *in vitro* de IPNV por efecto de la temperatura y oligos antisentido contra la región 5' no-codificante.** (Effects of temperature and antisense oligonucleotide against 5' non-coding regions of IPNV on an *in vitro* translate system)

Díaz-Briceño A., Tello M., Sandino A.M. Laboratorio Virología USACH. as_diazb@hotmail.com

P-172 **Estudios de respuesta inmune frente a un antígeno del Virus *de la Necrosis Pancreática Infecciosa*.** (Study an immunoresponse with an **Infectious Pancreatic Necrosis Virus *antigen*.**)

Moreno F. [1], Tobar J. [2], Lagos C. [1], Lienlaf M.[1], Cabezas F.[1], Bruce E. [1], Venegas A. [1]
[1] Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
[2] Laboratorios Centrovet. francescamorenol@gmail.com

P-173 **Propiedades de una construccion de transcriptasa reversa de hiv-1 sin el dominio de polimerización** (Properties of a reverse transcriptase construct lacking the DNA polymerization domain).

Deborah Vargas [1], Andrés Castillo[1], Monica J. Roth [2] y Oscar León[1].
[1]Programa de Virologia . ICBM. Facultad de Medicina. U. de Chile. [2]Dept. Biochemistry. RWJMS- UMDNJ. USA. deboritah@gmail.com

P-174 **Elemento "INS-1" presente en el mRNA de HIV-1 regulan la actividad del ires viral** (INS-elements present in the HIV-1 genome modulate viral IRES activity).

Valiente-Echeverría F[1], Rivero M[1], Vallejos M[1], Pino K[1], Rodríguez F[2], García-Huidobro JP[2], López-Lastra M[1]. [(1)]Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Investigaciones Médicas, [(2)]Departamento de Fisiología, Centro de Regulación Celular y Patología J.V. Luco, Instituto MIFAB, Pontificia Universidad Católica de Chile. fvalient@gmail.com

P-175 **Desarrollo y evaluación de un *kit* múltiple de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real para la detección de virus herpes simplex 1 y 2.** (Development and Evaluation of a Real Time Polymerase Chain Reaction (PCR) detection kit for Herpes simplex virus 1 and 2).

Lizama L.[1], Cifuentes M.[2], Alvarez I.[3], Pardo M.[1], Villegas K.[1], Guajardo V.[1], Torres J.[1], Jamett E[1], Banfi A.[3] Bioscan S.A.[1] Hospital San Borja Arriarán[2] Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna llizama@bioscan.cl

P-176 **Frecuente detección de virus respiratorio sincicial (VRS) en adultos con neumonía adquirida en la comunidad (NAC) mediante técnicas moleculares y serológicas. Informe final.**
Frequent detection of syncytial respiratory virus in adults with community-acquired pneumonia (CAP) by molecular and serological methods. Final report.

Luchsinger V[1]; Ruiz M[2]; Zunino E[3]; Piedra P[4]; Martínez MA[5]; Machado C[6]; Fasce R[7]; Ulloa MT[5]; Fink MC[6]; Avendaño LF[1].
[1]Programa de Virología Facultad de Medicina. U. Chile; [2]Hospital Clinico U. Chile; [3]Hospital de Infecciosos Dr. L.Córdova; [4]Depto. Molecular Virology and Microbiology, Baylor College of Medicine, Houston, USA; [5]Programa de Microbiología Facultad de Medicina U.Chile; [6]Laboratório de Virologia. Instituto de Medicina Tropical de São Paulo U. de São Paulo, Brasil; [7]Subdepartamento Virología Clínica, Instituto de Salud Pública de Chile. vluchsin@med.uchile.cl

P-177 **Coevolución entre Andes Virus y el roedor *Oligoryzomys longicaudatus* en Chile.** Coevolution between Andes Virus the rodent *Oligoryzomys longicaudatus* in Chile

Juanita Larraín-Linton[1], Sebastián Belmar-Lucero[1], Cristián E. Hernández [2], Marcela Ferres[3] y R. Eduardo Palma[1] [1] Departamento de Ecología y CASEB, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile [2] Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción [3] Centro de Investigaciones Médicas, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile

P-178 **Análisis de la capacidad funcional de comunidad bacteriana asociada a sedimentos marinos de la zona de mínimo oxígeno, utilizando data de pirosecuenciación 454**
(Analysis of the functional capacity of bacterial communities associated with marine sediments from minimal oxygen zone, using 454-pirosequencing data)

Urrutia H[1], Ruiz-Tagle N[1], Rojas S[1], Espinoza C[2], Gallardo V.A.[2]
1LAB Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción
[2]Facultad de Cs. Naturales y Oceanográficas, /Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción

P-179 **Participación de *RybB* en la expresión de porinas en *Salmonella* Typha (Participation of *RybB* in the expression of *S.* Typhi porins)**
Boris Barrera, Juan Fuentes y Guido Mora
Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello

P-180 **Comparación de la diversidad metabólica y molecular de comunidades bacterianas presentes en lagos psicrófilos oligotróficos de la Patagonia Chilena.** (Comparison of metabolic and molecular diversity of bacterial communities present in psychrophilic-oligotrophic lakes of the Chilean Patagonia)
Mackenzie, R. [1], Barros, J. [1], Martinez, M.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

19:00-20:00 **Asamblea General Ordinaria socios SOMICH (Salón 1)**
22:00 **Fiesta del Congreso (Hotel Plaza Santa Cruz)**

VIERNES 4 DICIEMBRE

9:00-11:00 **Comunicaciones libres 3 (Salón 1)**
8:30-9:00 **Entrega de archivos en Power Point en el salón correspondiente y**

9:00-9:15 **CL-13 SIMULACIÓN DE LA EMERGENCIA DE DIVERSIDAD EN *BACILLUS SUBTILIS*.** (Simulating the emergence of diversity in *Bacillus subtilis*)
Martinez[1], **P.** Miguel Fuentes[2], Pablo Marquet[1,2,3]
[1]Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB), Departamento de Ecología, Facultad Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
[2]Santa Fe Institute, Santa Fe, New Mexico, USA
[3]Institución de Ecología y Biodiversidad. Casilla 653, Santiago.

9:15-9:30 **CL-14 PIGMENTOS DE ORIGEN MICROBIOLÓGICO OBTENIDOS DESDE MUESTRAS DE LA ANTÁRTICA** (Pigments from Antarctic microbial sources)
Correa-Llantén D.[1,2], Castro M. [1], Blamey L.[1], Blamey JM[1].
[1]Fundación Biociencia, Santiago, Chile
[2]Doctorado en Biotecnología, Universidad de Santiago de Chile.

9:30-9:45 **CL-15 POSIBLE MECANISMO DE CANALIZACIÓN METABÓLICA EN LA RUTA BIOSÍNTETICA DE HEMO EN *ACIDITHIOBACILLUS FERROOXIDANS*.** (Possible mechanism of metabolic channeling in heme biosynthetic pathway in *Acidithiobacillus ferrooxidans*)
Alamos, P., Pezoa, D., Farah, C.y Orellana, O.
Programa de Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

9:45-10:00 **CL-16 ANÁLISIS GENÉTICO DE FENOTIPOS DE INTERÉS ENOLÓGICO EN *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*.** (Genetic analysis of oenological phenotypes in *Saccharomyces cerevisiae*).
Salinas F.[1], Soto D.[1], Cubillos F.[2], Liti G.[2], Louis EJ.[2], Galarce C.[4], Vargas F.[4], Agosin E.[4], Ganga A.[1], Martínez C.[1, 3]
[1] Laboratorio de Biotecnología y Microbiología Aplicada, Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Santiago de Chile. [2] Institute of Genetics, Queen's Medical Centre, University of Nottingham, Nottingham, NG7 2UH, UK. [3] Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de Alimentos (CECTA), Universidad de Santiago de Chile. [4] Laboratorio de Biotecnología, Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Facultad de Ingeniería, Pontificia Universidad Católica de

10:00-10:15 **CL-17 Degradación de Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos en suelo por el hongo de pudrición blanca** *Anthracophyllum discolor* **proveniente del sur de Chile** (Degradation of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in soil by the white-rot fungus *Anthracophyllum discolor* from southern Chile)

Acevedo F.[1], Pizzul L. [2], Castillo MdelP [3], Cuevas R.[4], González M.E[1], Stenström J.[2], Diez M.C.
[41]Programa de Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco
[2]Uppsala BioCenter, Dep. Microbiology, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden
[3]JTI - Swedish Institute of Agricultural and Environmental Engineering, Uppsala, Sweden
[4]Centro de Biotecnología Ambiental, Scientifical and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera..

10:15-10:30 **CL-18 CONSTRUCCIÓN DE UNA QUIMERA ENTRE PORA Y UN ANTÍGENO DE *H. PYLORI* COMO PROTOTIPO ANTIGÉNICO DE VACUNA ORAL**. (Construction of a chimera between an H. pylori antigenand the outer membrane PorA as an oral vaccine antigen prototype)

Mosqueira M[1], Melo F[1], Henriquez C[1], Venegas A[1].
[1]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. Email:mamosque@uc.cl

10:30-10:45 **CL-19 ANÁLISIS DE PROTEÓMICA Y METABOLÓMICA EN LA LEVADURA *XANTHOPHYLLOMYCES DENDRORHOUS* EN DIFERENTES FUENTES DE CARBONO.** (Proteomic and Metabolomic analysis of the yeast *Xanthophyllomyces dendrorhous* grown with different carbon sources).

Martínez CP[1]., M. Baeza[1] y V. Cifuentes[1].
[1]Centro de Biotecnología y Departamento de Cs. Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

10:45-11:00 **CL-20 CITOESQUELETO BACTERIANO: POLARIDAD ESTRUCTURAL DE LA TUBULINA BACTERIANA DE *PROSTHECOBACTER DEJONGEII*.** (Bacterial Cytoskeleton: Structural polarity of the bacterial tubulin of *Prosthecobacter dejongeii*).

Díaz Celis, C.D.[1,2], Hurtado, F. [2], y Monasterio, O. [2]
[1]Programa de Doctorado en Microbiología, Universidad de Santiago de Chile. [2]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

11:00-12:00 **C03 CONFERENCIA DE CLAUSURA (Salón 1): Dr. Michael Ibba, Ohio State University, USA. "tRNA and the evolution of translation: mistakes matter"**

12:00-12:30 **Ceremonia de Clausura. Premio al mejor panel, mejor comunicación libre y mejor incorporación.**

CONFERENCIAS

C01

Conferencia Dr. Bruno Biavati, "Probiotics: a general overview and application in human and animal"

Many definitions have been proposed for the term probiotic. The most recent one is: live microorganisms which, when administered in adequate amounts, confer a health benefit on the host. In this definition it is implicite that a health effect must be demonstrated for the probiotics. The beneficial modes of action include: regulation of intestinal microbial homeostasis, stabilization of the gastrointestinal barrier function, expression of bacteriocins, enzymatic activity inducing absorption and nutrition, immunomodulatory effects, inhibition of procarcinogenic enzymes and interference with the ability of pathogens to colonize and infect the mucosa. The microbiota within the GI tract of mammals can be considered a metabolically active organ with its wide biodiversity in term of species, and the high number of cells that can reach. Under normal circumstances, commensal bacteria are an essential health asset with a nutritional function and a protective influence on the intestinal structure and homeostasis. The intestinal microbiota protects against infections, and actively exchange developmental and regulatory signals with the host that prime and instruct mucosal immunity. Species of the genera *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* are considered the most important group of intestinal bacteria with health-promoting effects.

By enhancing the beneficial components of the gut microbiota it is possible to operate a therapeutic strategy to suppress and reduce pathogens widespread, treat various intestinal disorders and maintain host well-being. Results obtained in human and animal application will be presented.

Acknowledgements

Part of the work presented was performed in the framework of the EU funded project entitled: "Control and prevention of emerging and future pathogens at cellular and molecular level throughout the food chain"- PathogenCombat FP6-007081.

C02 Conferencia Dr. Michael Galperin

What Part of the Genome Do You Not Understand?

National Center for Biotechnology Information (NCBI), National Library of Medicine, National Institutes of Health, Bethesda, Maryland, USA

The availability of complete genome sequences has drastically changed modern biology by allowing us to take an unbiased look at the live cell and evaluate how much do we really understand in the key cellular processes. With complete genomes, it is finally becoming possible to catalogue all proteins that are responsible for every essential cellular function (create a "genomic parts list"). A necessary prerequisite to such analysis is a comprehensive functional annotation of all the proteins encoded in each sequenced genome. Unfortunately, only a small fraction of proteins encoded in any given genome has ever been studied experimentally or will be studied in any detail any time soon. Therefore, computational analysis of protein sequences remains the key approach to functional characterization of the majority of genes in any prokaryotic or eukaryotic cell.

The relative simplicity of the prokaryotic cell makes bacteria the easiest objects to analyze in terms of complete genome coverage. However, most proteins encoded in any given genome have never been studied experimentally and will not be studied in detail any time soon. Sequence analysis of a typical genome allows functional assignment for only 60-70% of the total gene set. As a result, genome analysis has to deal with the constantly growing numbers of "hypothetical" proteins whose functions remain unknown.

This talk will discuss using comparative genomics to improve our understanding of metabolic and signaling pathways in microorganisms, including identification of "missing" enzymes and prediction of alternative enzyme variants. I will argue that the number of truly enigmatic "conserved hypothetical" proteins is relatively small, particularly in the reduced genomes of pathogenic bacteria, which suggests that most of their cellular functions are already accounted for. In contrast, the number of uncharacterized genes in free-living organisms remains quite large and their functions remain obscure; our current proposal is that many of these genes have "house-cleaning" function, which is almost as important as house-keeping.

In addition, I will discuss how comparative genomics could be used to prioritize future research in the least understood areas of molecular cell biology. I will introduce our classification of "conserved hypothetical" proteins into "known unknowns" and "unknown unknowns", present examples of the most interesting proteins in each of these groups, and discuss the challenges and approaches to the characterization of their functions.

C03

Conferencia Dr. Michael Ibba, Ohio State University, USA. "tRNA and the evolution of translation: mistakes matter"

The evolution of a protein synthesis machinery able to interpret the genetic code and translate nucleic into amino acids lies at the origin of modern organisms. One essential facet of this machinery is its ability to translate genetic information while making very few mistakes. Protein synthesis has an overall error rate of approximately 10^{-4} for each mRNA codon translated. The fidelity of translation is mainly determined by two events: synthesis of cognate amino acid:tRNA pairs by aminoacyl-tRNA synthetases (aaRSs) and accurate selection of aminoacyl-tRNAs (aa-tRNAs) by the ribosome. To ensure faithful aa-tRNA synthesis many aaRSs employ a proofreading ("editing") activity, such as phenylalanyl-tRNA synthetases (PheRS) that hydrolyze mischarged Tyr-$tRNA^{Phe}$. Eukaryotes maintain two distinct PheRS enzymes, a cytoplasmic (ctPheRS) and an organellar form. CtPheRS is similar to bacterial enzymes in that it consists of a heterotetramer in which the alpha-subunits contain the active site and the beta-subunits harbor the editing site. In contrast, mitochondrial PheRS (mtPheRS) is an alpha-subunit monomer that does not edit Tyr-$tRNA^{Phe}$, and a comparable trans-acting activity does not exist in organelles. Although mtPheRS does not edit, it is extremely specific as only one Tyr-$tRNA^{Phe}$ is synthesized for every 7300 Phe-$tRNA^{Phe}$, compatible with an error rate in translation of 10^{-4}. When the error rate of mtPheRS was increased 17-fold, the corresponding yeast strain could not grow on respiratory media and the mitochondrial genome was rapidly lost. In contrast, both error-prone mtPheRS and the wild-type enzyme were able to equally well support the growth of an *E. coli* PheRS-deficient strain. These striking differences reveal how divergent quality control mechanisms have evolved in different cell types. This, in turn, suggests that the limits of translational accuracy are not fixed as was previously assumed, but actually change depending on cellular physiology and environment.

SIMPOSIOS

S-001

LeuO y HilE como reguladores de virulencia en *Salmonella*

Edmundo Calva, Víctor H. Bustamante, Miguel Ángel De la Cruz, Marcos Fernández-Mora, Ana Lucía Gallego, Carmen Guadarrama, Ismael Hernández-Lucas, y José Luis Puente. Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, México. ecalva@ibt.unam.mx

El regulador LeuO, de la familia LysR, fue inicialmente considerado como modulador de la expresión de la biosíntesis de leucina. Sin embargo, recientemente se ha descrito como un regulador pleiotrópico, sobre todo de genes involucrados en virulencia. Es así que LeuO regula positivamente a los genes de las porinas OmpS1 y OmpS2, así como para la enzima arilsulfato sulfotransferasa (AssT) y la los parálogos de *dsbA* y *dsbB* en *Salmonella enterica* serovar Typhi. También modula negativamente al gen de la porina OmpX. Se ha demostrado que LeuO actúa como antagonista de la proteína nucleoide H-NS sobre el gen *ompS1*, por lo que su acción parece revelar todo un programa metabólico que generalmente se encuentra apagado en la célula. De hecho, el propio gen *leuO* es apagado por H-NS, por lo que una pregunta interesante es qué señales ambientales desencadenan el encendido del regulón LeuO.

Más aún, estudios sobre la regulación de *ompS1* revelan que su apagado no sólo depende de la unión de H-NS a un sitio de nucleación para la posterior formación del nucleofilamento correspondiente, sino que la curvatura en el DNA de la región reguladora interviene de manera sustancial.

Por otro lado, relativo a HilE, el cual ha sido descrito originalmente como un regulador negativo de HilD –el cual a su vez es un regulador positivo central para la isla de patogenicidad SPI-1 en Typhimurium- hemos determinado que se induce en condiciones de expresión para SPI-2 y que regula negativamente, además, esta otra isla, reforzando la noción de que las islas de patogenicidad tienen comunicación cruzada, la cual determina la relación temporal de su expresión: SPI-1 durante la infección inicial extracelular y SPI-2 durante la infección intracelular tardía.

S-002

Relación Hospedero-Patógeno: *Salmonella* Typhi hacia la especificidad de hospedero". (Host-Pathogen Relationship: *Salmonella* Typhi toward host specificity)

Guido C. Mora
Universidad Andrés Bello, Facultad de Ecología y Recursos Naturales.

En el presente trabajo, se muestra el estudio de dos pseudogenes de *Salmonella* Typhi (*sseJ* y *marT*) cuyos ortólogos en *Salmonella* Typhimurium son genes funcionales. Nos interesa establecer cómo la pérdida de funciones condiciona la virulencia en un determinado hospedero. Si bien ambos serovares comparten aproximadamente 98 % del genoma, *S.* Typhi es un patógenos exclusivo del humano (hospedero restringido) y *S.* Typhimurium es un patógeno de varios animales (hospedero generalista). Los genomas bacterianos están sujetos constantemente a procesos evolutivos que operan para que las bacterias se adapten a ambientes diversos. Podemos decir que la evolución de los genomas ocurre principalmente por dos mecanismos: la ganancia de funciones, producida en su mayor parte por la transferencia horizontal de genes y, la pérdida de funciones, mediante mutaciones que afectan el genoma originando pseudogenes. Los pseudogenes son secuencias que no codifican productos génicos debido a una o más mutaciones puntuales que producen codones *stop* prematuros o corrimientos del marco de lectura. Sugerentemente, los pseudogenes se acumulan cuando las bacterias ocupan un nicho más estable y restringido. Esta acumulación de pseudogenes se ha denominado "evolución reduccionista". De hecho, aproximadamente el 5% de los genes del genoma de *S.* Typhi corresponden a pseudogenes, en tanto sólo el 1% son pseudogenes en *S.* Typhimurium).

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1060999

S-003

Participación del lipopolisacárido en la adaptación de *Shigella flexneri* al pH ácido (Role of the lipopolysaccharide in resistance of *Shigella flexneri* to extreme acidity).

Martinic, M., Hoare, A., Álvarez, S. y **Contreras, I.**
Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. E-mail icontrer@uchile.cl

Las especies del Género *Shigella* son patógenos intracelulares causantes de shigelosis en el hombre, infección que representa un problema global de salud pública. Una propiedad que contribuye a la virulencia de *Shigella* es su capacidad de resistir el pH extremadamente ácido del estómago, lo que daría cuenta de la baja dosis infectiva de este patógeno. En nuestro laboratorio, hemos analizado el efecto del pH ácido sobre la expresión del lipopolisacárido (LPS) de *S. flexneri* y la posible participación del LPS en la resistencia al ácido. Así, demostramos que la presencia de antígeno O (AgO) y un largo de cadena de este polisacárido entre 11 y 17 unidades (S-AgO) contribuyen a la adaptación a pH moderadamente ácido (5,5) y posterior resistencia a pH extremadamente ácido (2,5). Por otra parte, observamos que el nivel de glicosilación del AgO es esencial para esta propiedad. Adicionalmente, el análisis electroforético del LPS de mutantes en los genes responsables de la glicosilación del AgO (*gtr*) y de mutantes carentes de AgO indica que la acidez moderada induce también modificaciones covalentes del LPS diferentes a las glicosilaciones, probablemente en la región del lípido A-core. Estas modificaciones no dependerían de la actividad del regulador PhoP, que media la adición de aminoarabinosa y etanolamina a esta región del LPS en respuesta a condiciones de acidez ambiental en otros enteropatógenos.
Nuestros resultados sugieren que la glicosilación y otras modificaciones covalentes del LPS serían parte de los mecanismos de adaptación de *S. flexneri* a la acidez extrema.
Financiamiento. Proyecto-ACT08/2006.

S-004

Deciphering the functions of the *Shigella* type III secretion system

Claude Parsot[1,2]
[1]Institut Pasteur, Unité de Pathogénie Microbienne Moléculaire, 25 rue du Dr Roux, 75724 Paris Cedex 15, France;
[2]INSERM U786, 25 rue du Dr Roux, 75724 Paris Cedex 15, France

Bacteria of *Shigella* spp. are responsible of shigellosis in humans; this disease is characterized by the destruction of the colonic epithelium provoked upon invasion of the mucosa by bacteria. A ~220-kb plasmid encodes, in particular, a type III secretion (T3S) system that includes 20 proteins involved in assembly and regulation of the secretion apparatus (T3SA) spanning the bacterial envelope, 4 specific chaperones involved in storage of some TS3A substrates, 3 transcription activators, 3 translocators involved in the formation of a pore in the membrane of target cells and ~20 effectors injected through the T3SA and the pore to alter cellular functions. Activation of the T3SA upon contact of bacteria with host cells promotes transit of translocators and a first set of stored effectors and induces transcription of genes encoding a second set of effectors. Control of effector-encoding genes by the T3SA activity imposes a hierarchy in the delivery of effectors to target cells; effectors produced prior to activation of the T3SA should transit before effectors produced in response to activation of the T3SA. Even though generalizations must be taken cautiously, trends seem to emerge; effectors produced independently of the T3SA activity are involved in promoting entry of bacteria into epithelial cells, whereas effectors produced in response to activation of the T3SA dampen are involved in dampening innate immune responses induced upon infection.
Financing, Institut Pasteur, INSERM.

S-005

Neurospora Functional Genomics and Circadian Rhythms: defining new strategies to dissect a molecular clock in a timely manner.

Dr. Luis F. Larrondo
Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. llarrond@bio.puc.cl

In every genetic and microbial system, the availability of tools for genetic recombineering and the accessibility of dependable and sensitive real time reporters are essential to progress. In the ascomycete *Neurospora crassa* the ability to perform very high (~98%) efficiency homologous gene replacements has fostered the development of a number of different knock-out, knock-in, and gene tagging strategies that have vastly expanded the repertoire of tools available, boosting the advance of Functional Genomics approaches. In addition, the recent development of a fully-codon optimized luciferase as a real-time reporter has greatly facilitated monitoring gene and protein expression and regulation with great precision. Application of these novel tools to the study of circadian rhythms in Neurospora provides a revealing list of case studies. The Neurospora circadian oscillator is composed of a transcriptional translational negative feedback loop, where the phosphoprotein Frequency (FRQ) inhibits its own expression by affecting the activity of the white collar transcriptional complex (WCC), giving as a result robust oscillations in FRQ protein and message levels. Although these rhythms can be indirectly followed by the overt circadian regulation on spore formation (conidial banding) technical limitations restrict the routine molecular analysis of *frq* message and protein levels to no more than 2-3 days. These and other restrictions have been overcome by the development of the aforementioned luciferase system for *Neurospora crassa*. Thus, by putting this real-time reporter under the control of *frq* promoter elements, rhythms in *frq* transcription can be easily tracked for 7 or more days. Moreover, by generating FRQ-LUC translational fusion strains, rhythms in FRQ protein can be followed in a semiquantitative manner. We have combined this bioluminescence-based system with a variety of tools for gene manipulation generated in association with the *Neurospora* Genome Project. Thus, examination of knockouts for different genes, using this new experimental setup, has started to reveal new molecular details of the *Neurospora* oscillator. Moreover, the use of regulatable promoter knock-ins, N- and C- terminal epitope tagging complements these screens, allowing access to the biology of previously unknown proteins, altogether revealing unexpected molecular details of the clockworks. Funding: FONDECYT1090513.

S-006

"Control genético de la biosíntesis de carotenoides en levaduras".

Dr. Victor Cifuentes (Centro de Biotecnología y Depto. de Cs. Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile)

Resumen No disponible

S-007

Los hongos filamentosos del queso *Penicillium camemberti* y *Penicillium roqueforti* como modelos genéticos. (The cheese-ripening fungi *Penicillium camemberti* and *Penicillium roqueforti* as genetic models)

Chávez R[1].
[1]*Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.*

Los hongos filamentosos son organismos muy poco estudiados, particularmente aquellos pertenecientes al género *Penicillium*, pues a excepción de *P. chrysogenum*, el productor industrial de penicilina, en ellos se ha desarrollado muy poca investigación básica o aplicada. Dentro de este género, existe un interesante grupo de organismos, que corresponde a aquellos hongos que se utilizan en la maduración de alimentos procesados como cecinas o quesos, siendo sus principales exponentes *P. camemberti* y *P. roqueforti*. Ambos organismos poseen una enorme importancia en la industria de alimentos, y por ello sus diferencias a nivel fisiológico, microbiológico y fenotípico han sido ampliamente estudiadas. Sin embargo, solo recientemente se han comenzado a caracterizar sus propiedades desde el punto de vista genético-molecular.

En nuestro laboratorio hemos usado ambos hongos como modelo para estudiar, a nivel molecular, dos aspectos relevantes que podrían tener futuras aplicaciones biotecnológicas. En el caso de *P. roqueforti*, hemos usado este hongo como modelo para el estudio de los efectos pleiotrópicos que producen ciertas GTPasas en su desarrollo y, principalmente, en la producción de micotoxinas. Por otro lado, nuestros estudios indican que *P. camemberti* podría ser un buen modelo para producir proteínas recombinantes, razón por la cual hemos comenzado el desarrollo de un sistema de transformación homólogo en este organismo y la caracterización de un promotor fuerte que pudiera conducir la producción de proteínas heterólogas en altos niveles. En este trabajo se describen los principales resultados de estas investigaciones.

Financiamiento: Proyectos FONDECYT 11060003, IFS F/4287-1 y DICYT-USACH

S008

"Elementos genéticos extracromosómicos de levaduras".

Dr. Marcelo Baeza (Centro de Biotecnología y Depto. de Cs. Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile)

Resumen no disponible

S-009

Epidemiología molecular del VIH en Chile y en el mundo

Dra. Maritza Ríos
Directora Subdepartamento de Virología Clínica, Instituto de Salud Pública, Chile

Por su característica organización del material genético y extraordinario mecanismo de replicación, el VIH es un retrovirus con una alta y creciente diversidad genética, que le otorgan gran capacidad para evadir la respuesta inmune natural o inducida por el hombre y para desarrollar resistencia a las drogas antiretrovirales. Los estudios de epidemiología molecular basados en la homología de la secuencia genética de uno o más genes del VIH han sido claves para conocer y trazar los patrones de transmisión y diseminación del VIH entre los distintos grupos de riesgo y las regiones geográficas del mundo. Las variantes de VIH se clasifican en dos tipos: VIH-1 y VIH-2 en los cuales se distinguen diferentes grupos, subtipos, subsubtipos, recombinantes y cuasiespecies. Las cepas del VIH-1 descritas hasta ahora se han asignado a 4 grupos que provienen de diferentes saltos interespecie entre primates y humanos: el grupo M (main o principal), el grupo O (outlier), el grupo N (no M, no O) y el recientemente descrito grupo P. Las variantes de VIH-1 del grupo N y P son muy infrecuentes y han sido detectados en Camerún, donde también es endémico el grupo O. El VIH-1 grupo M es el causante de la actual pandemia, y está dividido en 9 subtipos (A-D, F-H, J, K), varios de los cuales cocirculan en muchos países, permitiendo la emergencia de formas recombinantes intersubsubtipos (CRFs y URFs), con diferentes estructuras genéticas tipo mosaico. Por su mayor prevalencia en el mundo occidental, el subtipo B es el más estudiado y es utilizado como referencia para el diseño de vacunas y el desarrollo de la mayor parte de las metodologías diagnósticas, monitoreo, prevención y tratamiento. Sin embargo, en el contexto mundial casi el 90% de las infecciones por VIH-1 son causadas por los subtipos "No-B". El subtipo C es responsable de alrededor del 50% de las infecciones en todo el mundo y predominante en India, Nepal, norte y este de África. En África se encuentran además casi todos los subtipos y formas recombinantes. En varios países de Sudamérica se ha descrito la cocirculación de variantes subtipo B, F, C y varias formas recombinantes B/F, B/C, detectados inicialmente en Brasil y Argentina. Los estudios filogenéticos sólo dieron cuenta de la circulación de variantes del subtipo B en los inicios de la epidemia en Chile, aunque ya en 1995 se detectó la presencia de variantes filogenéticamente relacionadas al subtipo F encontrado en Brasil y Argentina, tanto en niños infectados por transmisión vertical como población heterosexual. Actualmente, el patrón epidemiológico molecular de las infecciones por VIH-1 en Chile muestra la circulación de variantes subtipo B (80-85%), F y B/F (15-20%) y subtipo C (<1%), con una distribución predominante de las variantes no-B en el centro y norte del país.

S-010

Replicación del VIH: RNASA H como blanco terapéutico.

Dr. Oscar León D.
Programa de Virología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La transcriptasa reversa (RT) del VIH-1 es un heterodímero formado por las subunidades p66 y p51 que derivan del mismo gen. La ribonucleasa H (RNasa H) es una actividad que se encuentra localizada en la porción carboxilo terminal de la subunidad p66 de la transcriptasa reversa (RT) del virus.

La RNasa H participa en varias etapas del ciclo replicativo y es capaz de hidrolizar el RNA en forma dependiente o independiente de polimerización. Debido a que los sitios de polimerización de DNA y de la RNasa H son interdependientes, es difícil disponer de un ensayo que permita identificar inhibidores que se unen al sitio de RNasa H.

En esta presentación se analizará la construcción de polipéptidos con actividad RNasa H que no contienen el dominio de polimerización. Estas construcciones se hicieron sobre la base de información obtenida por complementación *in vitro* y modelamiento molecular. Una de las construcciones posee actividad RNasa H en magnesio y sus características cinéticas son muy similares a la RT.

Por otra parte no se conoce el mecanismo de reconocimiento del sustrato implicado en las diferentes actividades de la RNasa H durante el ciclo replicativo. Estudios previos sugieren que la RNasa H podría unirse en dos orientaciones explicando de esta manera la dependencia o no de la polimerización. La

construcción sin el dominio de polimerización podría servir de modelo para examinar esa hipótesis

S-011

Human Immunodeficiency Virus Type 1 (HIV-1) Induces the Cytoplasmic Retention of Heterogeneous Nuclear Ribonucleoprotein A1 by Disrupting Nuclear Import.

Anne Monette(1), Marcelo López-Lastra(2) and Andrew J. Mouland(1)

(1)HIV-1 RNA Trafficking Laboratory, Lady Davis Institute for Medical Research & McGill University, Montreal, Quebec, Canada H3T 1E2; (2)Laboratorio de Virología Molecular, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) co-opts host proteins and cellular machineries to its advantage at every step of the replication cycle. In this work, we identify for the first time how HIV-1 dysregulates nuclear import machineries. Our first observation showed that in human HeLa and T cells, HIV-1 expression alone promoted the relocalization of the normally nuclear protein, hnRNP A1, to the cytoplasm. Using pharmaceutic inhibitors of nuclear export as well as altered HIV-1 DNA strains we demonstrated that this phenomenon was dependent on the nuclear export of the unspliced viral genomic RNA (vRNA). Accompanying the relocalization of hnRNP A1 was a marked decrease in the abundance of the FG-repeat nuclear pore glycoprotein p62 (Nup62). The perturbation of Nup62 levels was reflected by diffuse staining at the nuclear envelope that also extended into the nucleoplasm likely representing degradation products of this nuclear pore protein. However, electron microscopy analyses did not reveal any gross morphological changes to the nuclear envelope. Importantly, these HIV-1-mediated effects led to the loss in the capacity to shuttle hnRNP proteins back into the nucleus of virus-expressing cells. The HIV-1-mediated relocalization of hnRNP A1 suggested to us that it had a cytoplasmic function during the late stages of HIV-1 replication. Consistently, we found that hnRNP A1 acted on HIV-1 expression levels by enhancing the expression of the major structural protein, Gag. This turned out to be due to a direct enhancing effect of hnRNP A1 on internal ribosomal entry site-mediated translation initiation of the HIV-1 vRNA. This work shows that HIV-1 coverts the nuclear import machinery to its advantage leading disrupted host cell
protein localization and as a consequence, efficient synthesis of viral structural proteins in HIV-1 infected cells. Our latest findings will also be presented.

S-012

"Inhibición de la síntesis de proteínas de HIV por proteínas celulares"

Dr. Marcelo López. Laboratorio de Virología Molecular Centro de Investigaciones Médicas Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Resúmen no disponible

S-013

Sr. Marcos Godoy, Gerente Técnico de Biovac S.A, Puerto Montt. ¿Controlaremos el virus ISA?

Resúmen no disponible.

S-014

***Listeria monocytogenes*: un patógeno emergente transmitido por alimentos**

Dra. Maricel Vidal Oyarce, Encargada de Sección Microbiología, Laboratorio de Salud Ambiental, SEREMI Salud RM.

Listeria monocytogenes es una bacteria Gram positivo descrita en 1926 y agente etiológico de listeriosis. Esta enfermedad puede manifestarse como una gastroenteritis febril que generalmente es autolimitada, o bien, su forma más severa que es invasiva y caracterizada por meningitis, meningoencefalitis e infecciones materno fetales. La bacteria es ubicua, se aísla desde suelo, agua, heces y alimentos, siendo éstos la principal fuente de infección hacia humanos. La tasa de incidencia de listeriosis es baja comparada con la de otros patógenos transmitidos por alimentos, como *Salmonella* spp. y *Shigella* spp. Sin embargo, es preocupante la elevada tasa de mortalidad asociada, que va de un 20% y hasta 30%, dependiendo del país. No obstante, *L. monocytogenes* es considerado un patógeno oportunista, que infecta principalmente a grupos de riesgo dentro de una población: mujeres embarazadas, adultos mayores y pacientes con algún grado de inmunosupresión (VIH, Cáncer, Transplante, etc.).

En Chile, *L. monocytogenes* aún no está incorporada en el Reglamento Sanitario de los Alimentos (RSA), por lo cual no se realiza vigilancia microbiológica en los alimentos que podrían contenerla. Sin embargo, a raíz de los dos brotes masivos de listeriosis ocurridos en el año 2008 y principios de 2009, la autoridad competente dispuso de medidas de emergencia que contemplaron una normativa para su rápida incorporación al RSA. Por otro lado, en nuestro país son escasas las publicaciones relativas a la presencia de *L. monocytogenes* en alimentos, y sólo en el año 2001 se reporta evidencia de alimentos contaminados

con este patógeno, observándose un 3.5% de aislamientos.
Resultados obtenidos en nuestro laboratorio muestran una frecuencia de aislamiento de *L. monocytogenes* del 25% en alimentos que constituyen riesgo (carnes rojas y de ave, mariscos congelados, pescado ahumado, paté, verduras frescas y congeladas, cecinas). El 44% de las cepas fueron positivas, por reacción en cadena de la polimerasa para los seis genes que componen la isla de patogenicidad de *L. monocytogenes*. Actualmente, hemos iniciado estudios de Electroforesis en geles de campo pulsado (PFGE) para establecer las relaciones clonales entre cepas aisladas de alimentos y cepas de origen clínico.

S-015
Novedades en patogénesis por Hantavirus.

Dra. Carola Otth
Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina. Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
cotth@uach.cl

Estudios epidemiológicos han descrito la presencia de Hantavirus ANDV en roedores de Chile y Argentina, los que han sido asociados con transmitir el virus y producir el síndrome HPS en humanos. Células endoteliales y monocitos/macrófogos son considerados los principales tipos celulares blanco de la infección. En especial, endotelio pulmonar y células tubulares de riñón han sido involucrados en HPS y HFRS, respectivamente. Hasta ahora, no existen estudios que expliquen el tropismo celular de Hantavirus ANDV, el cual, a diferencia de otros hantavirus, posee la capacidad de transmitirse por contacto persona-persona. Estudios *in vitro* han sugerido que integrinas-β3 son los receptores candidatos para la entrada de hantavirus patógenos. Sin embargo, no está claro si esto ocurre realmente *in vivo*. Mediante inmunohistoquímica y doble-inmunofluorescencia de antígenos ANDV e integrina-β3 en pulmón de *Oligoryzomys longicaudatus* infectado con ANDV; y utilizando el modelo *in vitro* de células epiteliales Vero infectadas con ANDV, hemos encontrado que las células epiteliales serían las primeras en establecer un contacto con ANDV. Por otra parte, el análisis inmunohistoquímico de integrina-β3 en pulmón de ratón muestra inmunoreacción en epitelio de bronquios y bronquiolos; sin embargo, a nivel alveolar existe una débil señal inmunoreactiva asociada a un tipo celular que morfológicamente corresponde a macrófago y no se aprecia inmunoreacción en células epiteliales alveolares. Los mismos hallazgos fueron encontrados en muestras de pulmón humano. Estos resultados contrastan con lo observado en el modelo *in vitro*, donde por inmunofluorescencia doble y análisis confocal observamos co-localización de integrina-β3 con la proteína G1 de ANDV; lo que fue respaldado por estudios de inmunoprecipitación. Los resultados sugieren que en ratones reservorios y humanos, ANDV podría utilizar integrina-β3 presente en macrófagos para su ingreso; sin embargo, no queda claro como sería el ingreso del virus a nivel de epitelio alveolar, donde quizás otra proteína podría estar involucrada en los mecanismos de entrada viral.
Financiamiento. DID-UACH, DID-S-2005-07, COLDAS-Virología.

S-016
¿Se puede predecir lo impredecible del virus influenza?

Dr. Luis Fidel Avendaño
Programa de Virología. ICBM. Facultad de Medicina. U.Chile lavendan@med.uchile.cl

Los virus influenza tienen tres ventajas estratégicas biológicas para sobrevivir como especie en la Tierra que compartimos: un genoma de ARN con una polimerasa "infiel" que genera mutaciones puntuales, un genoma fraccionado en 8 segmentos y un amplio reservorio en aves y mamíferos silvestres. De ahí que su comportamiento sea imprevisible.
El nuevo virus influenza H1N1-2009, de origen porcino está produciendo una nueva pandemia y hoy existe información para compararlo con los virus de las 4 últimas pandemias: 1918, 1957, 1968 y 1977. La primera habría sido por traspaso de un virus aviar (H1N1) y produjo más de 50 millones de muertes. En la Gripe Asiática de 1957 (H2N2) el virus adquirió 3 nuevos segmentos desde aves, reemplazó a la cepa anterior y produjo 2.5 millones de defunciones. El virus de la Gripe de Hong Kong (H3N2-1968) sólo tenía 2 segmentos nuevos, sustituyó a la cepa circulante y provocó una pandemia con 1.5 millones de muertos. En 1977 resurgió el virus H1N1 (Gripe Rusa), que afectó a los menores de 20 años pues había "inmunidad de rebaño" en los mayores de esa edad, mató lo habitual de una epidemia estacional y circuló en conjunto con la cepa H3N2 anterior...hasta ahora.
La cepa H1N1 2009 es un reordenante cuyo origen está en una mezcla de dos virus de cerdos: 6 segmentos americanos y dos euroasiático. La paradoja es que el virus de cerdo americano circula desde hace 10 años en cerdos, no en hombre y el nuevo reordenante afecta a humanos y no a cerdos. ¿Debe llamarse virus porcino o humano)
Biólogos, epidemiólogos y políticos están expectantes sobre cómo va a seguir esta nueva pandemia. Eso lo

decidirá el virus, que aparentemente decidió sustituir a las capas estacionales circulantes, ser bastante transmisible y no muy asesino.

Referencias.

- "Centers for Disease Control and Prevention (CDC)" cdc@service.govdelivery.com
- Zimmer SM, Burke DS. Historical Perspective — Emergence of Influenza A (H1N1) Viruses. N Engl J Med 2009;361:279-85.
- Belshe R M. Implications of the Emergence of a Novel H1 Influenza Virus.
- www.nejm.org on May 10, 2009.

S-017

Uso de la Biología de Sistemas para el estudio de los polifosfatos inorgánicos en bacteria (System Biology to study polyphosphate metabolism in bacteria)

Francisco P. Chávez[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias e Instituto de Dinámica Celular y Biotecnología (ICDB), Universidad de Chile

Los polifosfatos (poliP) son biopolímeros lineares que se han encontrado en todos los seres vivos y en *Escherichia coli* son sintetizados por la enzima polifosfato quinasa (PPK1), mientras que son degradados por la exopolifosfatasa (PPX). Tanto la eliminación del gen *ppk1* como la sobreexpresión del gen *ppx* generan una carencia de los poliP celulares. Esta carencia en bacterias afecta funciones importantes como la motilidad, el quórum sensing, la formación de biopelículas y la virulencia, entre otras. Sin embargo, poco se conoce tanto de las causas que originan estas disfunciones como de los ajustes metabólicos que realiza la célula para sobrevivir dicha carencia. Con el objetivo de estudiar la carencia de los polifosfatos utilizamos dos modelos bacterianos de los géneros *Pseudomonas* y *Escherichia* y mediante el uso de metodologías de proteómica diferencial, genómica funcional y bioinformática generamos hipótesis biológicas que expliquen las funciones celulares de lo poliP y las consecuencias de su carencia en las bacterias. Particularmente encontramos que el flujo de los poliP está estrechamente relacionado con el metabolismo central y particularmente con el ciclo de Krebs en ambas bacterias. Esta relación fue modelada matemáticamente (Cell Designer 4.0) mediante el uso de ecuaciones diferenciales. Teniendo en cuenta la relación de los poliP con los procesos de patogenicidad en numerosas bacterias es posible mediante el uso de herramientas de la Biología de Sistemas diseñar nuevos fárcamos antimicrobianos que tengan como blanco los elementos moleculares relacionados con el metabolismo de los poliP.

Financiado por proyectos Fondecyt 11070180 y 1070986 e ICM P-05-001-9F.

S-018

"Interacción telurito-bacteria, proyecciones Biotecnológicas en biosíntesis de nanopartículas y potenciación de antibióticos" (Tellurite-bacteria interaction; Biotechnological projections on bacterial síntesis of nanoparticles and reinforcing the effect of antibiotics".

Pérez J.M., Molina R.C., Monras J.P., Sabotier M., Osorio-Roman I. y Vásquez C.C.
Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile

En los últimos años, el interés en el oxianión telurito (TeO_3^{+2}) ha crecido producto de un aumento de su liberación al ambiente, su aplicación en discos ópticos magnéticos y celdas solares. K_2TeO_3 es toxico para microorganismos a concentraciones nM-μM. El interés de nuestro grupo se ha centrado en el estudio de los mecanismos moleculares involucrados en la toxicidad de K_2TeO_3 en bacterias, lo que nos permitió determinar que parte importante de su toxicidad es debida a la generación de estrés oxidativo.

Nanopartículas de Teluro: Los compuestos nanoestructurados de teluro tienen variadas aplicaciones en nanotecnología. En particular, CdTe funciona como semiconductor y es capaz de formar quantum dots (QDs). A la fecha no ha sido reportada la producción de NPs de CdTe utilizando microorganismos. Experimentos realizados con una cepa de *Aeromonas caviae* nos permitieron determinar la biosíntesis de NPs de CdTe con características espectroscópicas similares a las descritas en NPs sintetizadas químicamente. Experimentos en relación al efecto antimicrobiano, estabilidad de emisión y potencial uso como biosensores mediante la unión de NPs a proteínas de interés (anticuerpos) están siendo desarrollados.

Telurito y antibióticos: Hemos determinado que concentraciones sub letales de K_2TeO_3 aumentan la sensibilidad bacteriana a cefotaxima (efecto sinérgico). Estudios en mutantes en genes de resistencia a ROS y sondas fluorescentes, sugieren que el efecto de telurito no sería consecuencia de estrés oxidativo. Debido a la alta toxicidad de telurito para bacterias y no para células eucariontes, el estudio del mecanismo de acción telurito-cefotaxima podría favorecer el desarrollo de nuevos tratamientos bactericidas.

Financiamiento: Fondecyt 3100049 e IFS 4733-1 a Pérez J.M. y Fondecyt 1090097 a Vásquez C.

S-019

Un nuevo blanco de inhibición viral: el mecanismo de fusión de membranas de virus y célula. (A new target for viral inhibition: the virus:cell membrane fusion mechanism)

Nicole D. Tischler
Fundación Ciencia para la Vida, Instituto Milenio MIFAB y Universidad San Sebastián

La sintomatología y mortalidad de diferentes infecciones virales se han reducido considerablemente, mediante terapias basadas en drogas que se dirigen contra enzimas virales claves para el ciclo replicativo. Comúnmente los compuestos antivirales bloquean polimerasas, proteasas, neuraminidasas o integrasas virales. El primer inhibidor de entrada de virus a la célula, desarrollado contra el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), definió un nuevo blanco de terapia antiviral. Este inhibidor se une específicamente a la proteína de fusión viral y bloquea su cambio conformacional, indispensable para la fusión entre la membrana de envoltura viral y la membrana plasmática de la célula. El proceso de fusión de membranas tiene como objetivo la formación de un poro de fusión, a través del cual el virus puede introducir sus ribonucleocápsides al citoplasma de la célula e iniciar su replicación. La proteína de fusión de muchos virus patogénicos ha sido identificada y cristalizada como, por ejemplo, la del virus Influenza, virus Dengue y virus *Tick-borne encephalitis*. En nuestro laboratorio hemos identificado la proteína de fusión del virus Andes (género *Hantavirus*), propuesto un modelo molecular para esta y caracterizado su sitio activo. Basado en la estrategia de impedir su cambio conformacional, hemos sintetizado una molécula que posee el potencial de inhibir el proceso de fusión y por ende la entrada del virus Andes y otros virus Hanta a células humanas.

Financiamento. FONDECYT 11060231 y CONICYT PFB-16.

S-020

"Identificación y caracterización de los genes *cd* y *vr* de *Brettanomyces bruxellensis* involucrados en la formación de etil derivados en vinos"

García, V[1]., Godoy, L.[1], Osorio, P.[1], Martínez, C.[1,2], Ganga, MA.[1]
1: Universidad de Santiago de Chile, Facultad Tecnologica, Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos.
2: Centro de Estudios de Ciencia y Tecnología de los Alimentos.

Los componentes aromáticos presentes en el vino provienen de la uva y del proceso fermentativo, siendo una mezcla compleja de compuestos orgánicos con características organolépticas diferentes. Dentro de estos compuestos, los fenoles volátiles (los más importante 4-vinilfenol, 4-vinilguiacol, 4-etilfenol y 4-etilguiacol) afectan de forma importante el aroma de los vinos. Una alta concentración de estos compuestos produce aromas descritos como "remedios", "animal", etc., los cuales afectan negativamente la calidad del vino. Los ácidos fenólicos, también llamados ácidos hidroxicinámicos, han sido descritos como inhibidores del crecimiento de algunos microorganismos. Por ello, los microorganismos que crecen en presencia de estos cuentan con rutas metabólicas que permiten transformarlos en compuestos menos tóxicos, como por ejemplo etilfenoles. Estos son producidos mediante la acción de dos actividades enzimática, una descarboxilasa y una vinil reductasa. En vinos el principal productor de etilfenol es la levaduras *Brettanomyces bruxellensis*. En nuestro laboratorio se han purificado las enzimas responsables de la formación de derivados etilos de los ácidos fenólicos y se ha determinado que la actividad de estas enzimas está regulada por la presencia del sustrato y por las condiciones de crecimiento de la levadura. Desde un punto de vista molecular, sólo genes que codifican actividades similares en bacterias han sido caracterizados. Por ello, nuestro grupo ha trabajado en identificar estos genes en *B. bruxellensis*. En estos momentos contamos con la secuencia del gen *cd* de esta levadura. En cuanto a la actividad vinil reductasa, mediante el dominio bacteriano 4VR, el cual posee aminoácidos conservados, se ha logrado determinar la posible secuencia del gen *vr* de *B. bruxellensis*. En estos momentos se dispone de un segmento de aproximadamente 1700 pb que contiene una zona con homología al dominio 4VR y además está presente en la base de datos del genoma de *B. bruxellensis*.

S-021

"Secuenciación y análisis genómico de *Saccharomyces cerevisiae* EC1118, cepa de amplio empleo en fermentación vínica" (Improvement of wine yeasts in the context of genomics)

Dra. Sylvie Dequin,
UMR1083 Sciences pour l'Oenologie, INRA, Montpellier, France.

Saccharomyces cerevisiae has been used for millennia in winemaking. The exposition of yeast to the stressful conditions of wine fermentation, as well as unwitting selection by man for optimal winemaking traits have generated hundred of strains which are currently used in the wine industry. However, the variety of traits they offer is limited and does not meet the current high demand for specialized strains. Since the 80s, many efforts, favored by the development of molecular and post-genomic tools have been developed in the field of wine yeast improvement, mostly using genetic engineering strategies.

Research over the last 10 years has made considerable progress in this area, and several engineered strains have remarkably interesting traits in the current context, such as for instance, low-alcohol strains. Nowadays, changes in cultural and enological practices led to an increase in the alcohol content of wines in most wine producing areas. Various strategies such as redox metabolism engineering or the reorientation of carbon towards glycerol and control of adverse metabolic effects have been successful developed. Currently the low acceptability of these approaches tends to favor the development of less controversial approaches such as directed evolution, reverse engineering and rational breeding using marker-assisted selection.

Recent and impressive advances in genomics and quantitative genetics-genomic approaches, but also in post genomics tools and system biology now open totally new perspectives for strain improvement. To decipher the mechanisms involved in wine yeast adaptation, we recently sequenced the complete diploid genome of the commercial wine strain EC1118. We discovered several large gene transfer events, that have shaped the genome of wine yeast and may contribute to the evolution and adaptation of wine yeast genome. The availability of the sequence of a wine yeast offers a new frame to identify the genetic bases of technological traits and new perspectives in terms of strains improvement.

S-022

Análisis fisiológico y transcripcional de la respuesta a temperatura en cepas de *Saccharomyces cerevisiae*

Dr. Eduardo Agosin
Depto. de Ingeniería química y Bioprocesos, Escuela de Ingenieria, Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Las cepas de laboratorio de *Saccharomyces cerevisiae* han sido ampliamente estudiadas como modelo de células eucariontes y de los mecanismos moleculares responsables de numerosas enfermedades. Las cepas industriales de *S cerevisiae*, en cambio, han sido seleccionadas por cientos de años sobre la base de su adaptación a condiciones medioambientales extremas y de las propiedades organolepticas que confieren al vino. En este trabajo, analizaremos los resultados de un diseño bifactorial para el estudio del comportamiento de una cepa de laboratorio y una cepa industrial, a 15 y 30°C, respectivamente, en cultivo continuo anaerobio, limitado en nitrógeno. La caracterización fisiológica mostró que la temperatura impactaba los rendimientos de biomasa, en ambas cepas. El análisis transcriptómico por su parte, permitió identificar 1007 genes temperatura dependientes y 473 genes cepa- dependiente. La respuesta transcripcional fue empleada para identificar subredes altamente correlacionadas de genes que cambian en forma significativa en el metabolismo. Así, la temperatura afecta basicamente el metabolismo nitrogenado, y la respuesta a heat shock. Por último, observamos una respuesta general a stress reducida a 15°C y una síntesis diferencial de compuestos aromáticos y de los transcritos correspondientes.

S-023

Microorganismos contaminantes en la industria del vino: busqueda de soluciones a mediano plazo.

M. Angélica Ganga[1], Liliana Godoy[1], Lina Yañez[2], Verónica García[1], Claudio Martínez[1,2]
[1]Laboratorio de Biotecnología y Microbiología Aplicada. Dpto. en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. [2]Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Santiago de Chile. Santiago. Chile. angelica.ganga@usach.cl

La industria vitivinícola nacional ha adquirido cada vez más tecnología de última generación con el fin de continuar posicionándose en el ámbito internacional. Sin embargo, existen factores de riesgos que pueden comprometer la calidad de sus vinos. Entre ellos, los microorganismos durante su crecimiento (en la fermentación alcohólica como maloláctica) pueden producir compuestos secundarios

que alterarían las cualidades tanto organolépticas como inocuas en este producto. Al respecto levadura *Brettanomyces bruxellensis* y algunas cepas de *Oenococcus oeni* son reconocidas como contaminantes del vino.
En el caso de *B. bruxellensis* su crecimiento en el mosto produce olores descritos como porotos quemados, sudor de caballo, cuero, establo, llamados en su conjunto aromas fenólicos, que afectan negativamente las cualidades organolépticas del producto. Mientras que el crecimiento de *O. oeni* conlleva, en algunos casos, al aumento de aminas biogénicas, en especial histamina.
Nuestro grupo de investigación ha estado trabajando con el estudio de la población a nivel nacional de ambos microorganismos, investigando en el caso de la levadura la ruta de producción de los aromas fénolicos, mientras que en el caso de *O. oeni*, ha realizado un catastro de la incidencia de histaminas en nuestros vinos, y los ha correlacionado con la presencia de ciertas cepas de esta bacteria.
Proyecto Fondecyt 1080376 , Dicyt – Usach 080795YC

S-0244
Modelo Dinámico a Escala Genómica de Levaduras Vínicas

Dr. Felipe Vargas
Escuela de Ingeniería, Universidad Católica de Chile.
ftvargas@ing.puc.cl

Predecir la cinética de una fermentación vínica siempre ha sido un gran desafío. Contar con nuevas herramientas matemáticas permitirá evitar problemas fermentativos y mejorar el proceso entendiendo de un punto de vista sistémico a las levaduras. Modelos a escala genómica pueden ayudar en este sentido, ya que son reconstrucciones metabólicas a gran magnitud, con gran cantidad de información bioquímica, metabólica y fisiológica expresada en reacciones celulares. Siendo herramientas que permiten entender, inferir y/o correlacionar datos experimentales con la actividad de flujos metabólicos. Sin embargo, la mayoría de estos modelos son estacionarios y ninguno de ellos se ha desarrollado para el vino. En este sentido, desarrollamos un modelo dinámico a escala genómica de levaduras vínicas que simula el comportamiento fisiológico de levaduras vínicas bajo diferentes condiciones genéticas y/o ambientales para una fermentación. Para su construcción se utilizó el algoritmo de resolución de un modelo dinámico FBA de levaduras vínicas (Pizarro, et al., 2007; Sainz, et al., 2003). Se expandió utilizando una modificación de la base de datos de levadura *i*ND708 (Forster et al., 2003), finalizando con un total de 1251 genes, 697 metabolitos y 850 reacciones únicas. El modelo resultante describe correctamente el metabolismo anaerobio de *Saccharomyces cerevisiae* bajo condiciones vínicas. Reproduce los perfiles de azúcares, compuestos nitrogenados, etanol, acetato, glicerol, acetoina, CO2, succinato y biomasa de levaduras de laboratorio e industriales, bajo diferentes condiciones de temperatura y nitrógeno inicial. También, simulaciones emulando fermentaciones con levaduras genéticamente modificadas reproducen valores muy cercanos a los descritos en literatura para la formación de compuestos de importancia en el vino. Tras realizar deleciones seriadas en el modelo arroja la existencia de 67 mutaciones letales para una condición anaeróbica y 64 deleciones letales para una condición aeróbica. De estos resultados la mayoría de los genes está correctamente descrito en literatura como letal o involucrado en problemas de crecimiento. Finalmente como aplicaciones al modelo se desarrolló un programa que compara los flujos relativos de dos condiciones diferentes de modelación con los resultados homólogos en experimentos de microarrays. A pesar de que el modelo posee limitaciones sus resultados y aplicaciones pueden ayudar a entender los mecanismos celulares que subyacen una fermentación vínica y revelar estrategias de ingeniería metabólica para desarrollar nuevas y/o mejores levaduras vínicas.

S-025
Ambientes extremos antárticos y diversidad microbiana

Jenny M. Blamey[1,2]

Fundación Biociencia, Santiago, Chile[1] Doctorado en Biotecnología, Universidad de Santiago de Chile[2].
jblamey@bioscience.cl[1]

La Antártica es la mayor masa de hielo que existe en la Tierra. Esta placa de hielo de 2.450 metros de profundidad, constituye el 70% del agua dulce del mundo y se considera un desierto con precipitaciones anuales de sólo 200 mm. Alberga una diversidad de ambientes extremos que incluye glaciares, desierto, sitios geotermales y volcanes.
La suma de las características geológicas, geográficas y climáticas han conformado de manera única la historia evolutiva de la vida procariota bajo estas condiciones extremas.
Estas características se reflejan en una amplia diversidad de microorganismos encontrados en la Antártica, que incluyen aerobios, anaerobios, heterótrofos, autótrofos, quimiolitótrofos y quimioautótrofos. En general, los ambientes antárticos son bajos en nutrientes y limitan el metabolismo de

los microorganismos, por lo que estos han debido desarrollar particulares estrategias de supervivencia y adaptación.
Los microorganismos antárticos no sólo están sujetos a temperaturas extremadamente bajas sino que además a drásticas fluctuaciones de otras condiciones, tales como disponibilidad de nutrientes, actividad del agua, salinidad, exposición a radiación UV.
El conocimiento de las respuestas fisiológicas y bioquímicas de los microorganismos antárticos frente a condiciones extremas y fluctuantes, es hasta el momento bastante limitado por lo que el estudio de estos ambientes y la abundancia microbiana existente en ellos contribuye al entendimiento sobre la diversidad microbiana, los procesos biogeoquímicos y la productividad en los ecosistemas antárticos.

S-026

Challenges for life at pH 1: terrestrial evolution and extra-terrestrial life signatures.

Dr. David Holmes, Universidad Andres Bello, Chile.
[1]Holmes, D. S., [1]Valdés, J., [1]Duarte, F., [1]Cárdenas, J. P., [1]Quatrini, R., Osorio, H., [2]Araya-Secchi, R., [2]Perez-Acle, T., [3]González, W., [3]González-Nilo, D. and E. [4]Jedlicki.

[1]Center for Bioinformatics and Genome Biology (CBGB), Fundación Ciencia para la Vida and Facultad de Ciencias Biológicas, Andrés Bello University; [2]Centre for Bioinformatics (CBUC), Faculty of Biological Sciences, P. Universidad Católica; [3]Centro de Bioinformática y Simulación Molecular (CBSM), Universidad de Talca, Chile and [4]ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Comparative genome analyses and experimental evidence provide insight into how microbial life meets the multiple problems of living at pH 1. Acidophilic microorganisms are confronted by a ┐pH across their membranes that is 6 orders of magnitude greater than that encountered by neutrophilic organisms. This ┐pH challenges the operation of membrane transporters that are driven by proton motive force (PMF). Models have been constructed by molecular simulation techniques that provide insight into how such membrane transporters function in acid pH. A database has also been created for collecting and evaluating the physico-chemical properties of acidophilic proteins in order to gain insight into how they fold, function and make protein-protein contacts at low pH.
Another problem confronting acidophilic microorganisms is the enormous concentration of soluble iron in their environment that can be 10^{16} times greater than that found in neutrophilic environments. Because iron can be toxic via the Fenton reaction, high concentrations of this metal pose a serious challenge to biological iron uptake and homeostatic mechanisms. Iron oxidation pathways may have evolved in acidophiles to cope with iron stress in a rising oxygen atmosphere resulting from the evolution of photosynthetic organisms rather than as a means of obtaining energy as is conventionally supposed.
The capacity of acidophiles to both oxidize and reduce iron may have also contributed to the creation of the Precambrian banded iron deposits whose mechanism of formation is still hotly debated. In addition, the ability acidophiles to oxidize solid substrates, such as pyrite (FeS), has hallmarks reminiscent of the evolution of primitive metabolic processes on pyritic surfaces as proposed by Wachterhauser.
The biological oxidation reactions carried out by acidophiles leave characteristic iron and sulfur isotope fractionation signatures and form minerals such as jarosite that are being used to search for evidence of ancient life on Mars. Also, it can be suggested that the possible sulfuric acid rich ocean of Jupiter's moon Europa could be conducive to life forms with similarities to modern-day terrestrial acidophiles
However, in addition to these multiple challenges, the enormous ┐pH across the membranes of acidophiles provides a unique opportunity to use protons to push electrons uphill against a thermodynamically unfavorable gradient to gain reducing power (NADPH) in a way that has similarities to mitochondrial oxidative phosphorylation but acting in reverse. The ┐pH also permits acidophiles to synthesize ATP without the expenditure of conventional energy sources. Acid-driven, reverse PMF may have been an important energy source during the early evolution of life on earth.
Acknowledgments: Fondecyt 1090451 & 11060164, DI-UNAB 34-06, Conicyt Basal CCTE PFB16 and a Microsoft Sponsored Research Award.

S-027

"Overflow metabolism of carbon mononoxide oxidizing, hydrogen producing thermophiles"

Dr. Frank Robb
Center of Marine Biotechnology, University of Maryland, 701 East Pratt Street, Baltimore, Maryland, 21202, USA
robb@umbi.umd.edu

Thermophilic bacteria and archaea that use carbon monoxide (CO) and produce hydrogen have recently been found to be active members of geothermal microbial consortia. They usually oxidize CO with water to form CO_2 and H_2. The genome sequence of the model thermophilic hydrogenogenic

carboxydotroph – *Carboxydothermus hydrogenoformans* – revealed five gene clusters encoding paralogous CO dehydrogenases (CODHs), and two CO-responsive transcriptional activators (CooA-1 and CooA-2). Here we describe the draft sequence of another thermophilic hydrogenogenic carboxydotroph – *Thermosinus carboxydivorans*. Comparison of these two genomes has provided a wealth of information about the evolution of and acquisition of the genes encoding CO related pathways. Both of these bacteria have a novel complement of molecular chaperones, particularly an archaeal-like Hsp60. These findings help to explain the genomic factors that allow thermophilic hydrogenogens to grow in an extreme niche

Frameshift mutations apparently accumulated in *C. hydrogenoformans*, when this strain was grown under conditions that relieved the need for *C. hydrogenoformans* to fix carbon from CO. Separate frameshifts were documented in the catalytic subunit of the CODH/ACS and CooA-2. Mutations were not present in the strain stored under non-growing conditions. Mutational inactivation of the CooA-2 under these conditions implicates CooA-2 in regulating CO fixation. Characterization of the CO-binding and DNA-binding constants for the two CooA homologs revealed differential CO affinity and target site binding, establishing a role for CooA-1 in regulating energy conservation via hydrogen production. CooA-2 regulates carbon fixation via the CODH/ACS. This expands our understanding of the role of CooA in autotrophic CO-oxidation and differentiating between the multiple metabolic fates for CO.

Keywords: **Carbon monoxide, biohydrogen, gene regulation, CooA**

Topic: Environmental adaptation

Reference: 'Techtmann SM, Colman AS, and Robb FT "That which does not kill us only makes us stronger': the role of carbon monoxide in thermophilic microbial consortia. Environmental microbiology 11(5):1027-37.

S-028

"Arsenic biogeochemistry in extreme environments: Hypersaline soda lakes and hydrothermal springs".

Dr. Thomas Kulp,

T. R. Kulp, S. E. Hoeft, L. G. Miller, J. S. Blum and R. S. Oremland

U.S. Geological Survey, Menlo Park, CA 94025, USA

The dissimilatory pathways utilized by halophilic microorganisms must supply sufficient energy to meet cellular requirements for osmoadaptation at the ambient salinity. In arsenic-rich hypersaline environments, metabolic processes based on the oxidative or reductive transformation of As oxyanions may be particularly important. Mono Lake and Searles Lake are hypersaline and alkaline soda lakes that occupy evaporative settings in California. Mono Lake is characterized by a salinity of 90 g/L and is naturally enriched in dissolved As (0.2 mM). Searles Lake is salt saturated (>300 g/L) and contains 3.9 mM dissolved As. Anaerobic respiratory pathways that utilize As(V) or nitrate as electron acceptors are bioenergetically favorable to sulfate reduction, and as such sulfate reduction may not provide sufficient energy for bacterial osmoadaptation in salt saturated settings such as Searles Lake. We devised a radioisotope tracer method to study bacterial arsenic cycling in these sediments, which allowed us to construct depth profiles of As(V) and sulfate reduction rates in the sediment of both lakes. Additional studies with microbial biofilm communities from As(III)-rich and sulfidic hot springs around Mono Lake demonstrated photosynthetic growth linked to light-dependent anoxic oxidation of As(III) to As(V). These findings represent the first evidence of photoautotrophic growth in a pure culture that is supported by As(III) oxidation to As(V), and reveal a novel oxidative pathway to resupply As(V) to the biogeochemical arsenic cycle in anoxic settings, possibly including environments of anoxic primordial Earth or extraterrestrial systems

S-029

Producción de biodiesel desde microalgas

Rivas M.[1,2], Silva F.[1], Sepulveda C.[1], Varas R.[1], Bazaes J.[1], Marticorena P.[1], Vargas P.[1,2], Bahamondes C.[1], Gonzalez L.[1], Riquelme C.[1,2]

Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta. Antofagasta, Chile.
Centro de Investigación Científica y Tecnológica para la Minería, CICITEM
mrivas@uantof.cl, criquelme@uantof.cl

Los requerimientos globales de combustible líquido que reemplace al petróleo unido al cambio climático global han generado una nueva área de investigación, que se centra en la búsqueda y desarrollo de fuentes alternativas de energía. En base a los antecedentes existentes es posible obtener combustibles de 2da generación originados desde la biomasa como bioetanol o biodiesel. El biodiesel es un combustible compuesto de esteres de ácidos grasos de cadena larga derivados de aceites vegetales o grasas animales.

Entre las microalgas que producen biodiesel, *Botryococcus braunii* es la especie que sobresale por la gran cantidad de hidrocarburos naturales que produce. Sin embargo, el cultivo de esta especie para producir biomasa microalgal y posteriormente biodiesel, se encuentra en etapas preliminares debido, principalmente, al lento crecimiento de la cepa. Sin embargo, nuestro laboratorio ha obtenido resultados a escala semi-piloto con el objetivo de optimizar la producción de biomasa microalgal con un alto contenido de hidrocarburos.

B. braunii (Chlorophyceae) puede sintetizar más del 85% de su peso seco en hidrocarburos y lípidos. Sin embargo, la biosíntesis de estos hidrocarburos no es constante durante el periodo de cultivo ni replicable en el tiempo dependiendo de la cepa usada, etapa de crecimiento, parámetros abióticos y bióticos, y condiciones de cultivo (Qin y Li, 2006). Más aún, se desconocen las vías de síntesis de hidrocarburos y ácidos grasos, los genes que codifican las enzimas involucradas en estas vías y como éstas se interrelacionan. Ciertos hidrocarburos sintetizados por *B. braunii* tendrían su origen en las vías de biosíntesis de isoprenoides como monoterpenos, sesquiterpenos y diterpenos (Holstein y Hohl, 2004). Los isoprenoides y sus derivados tienen funciones clave en todos los aspectos de la vida como reguladores de expresión de genes, constituyentes de membranas celulares, vitaminas, agentes antibacterianos, feromonas, hormonas reproductivas, componentes de sistemas de transducción de señales, transporte de electrones y de la maquinaria fotosintética. Esta información servirá de base para determinar el numero de pasos metabólicos (o enzimas) involucradas en el proceso de síntesis de hidrocarburos.

S-030

Perspectivas en el uso de procesos biotecnológicos parproducción de biodiesel

R. Navia, G. Ciudad, L. Azócar, R. Briones & C. Catril
Departamento de Ingeniería Química & Núcleo Científico Tecnológico en Biorrecursos, Universidad de La Frontera, Casilla 54-D, Temuco.
rnavia@ufro.cl

Aproximadamente el 70% del costo de producir biodiesel corresponde al costo del aceite de raps en Chile. Los aceites residuales de la industria de alimentos poseen un alto grado de acidez, lo que impide el uso de los catalizadores convencionales (NaOH).

Las enzimas (lipasas) al contrario de los catalizadores alcalinos, además de transesterificar los triglicéridos pueden esterificar los ácidos grasos libres a biodiesel. En este trabajo se utilizó el catalizador enzimático Novozym 435 y mezclas de aceite crudo de raps y aceite residual, incrementando significativamente la producción de biodiesel cuando se incrementó la cantidad de aceite residual. Además se demostró que los aceites residuales son sustratos más disponibles para las enzimas, debido al mayor contenido de mono y diglicéridos.

Paralelamente, se ha realizado una búsqueda y selección de microorganismos con actividad lipásica y transesterificadora desde suelos contaminados con aceites, los cuales han sido identificados. Se trabaja actualmente con microorganismos productores de enzimas extracelulares y con microorganismos inmovilizados. Con estos microorganismos seleccionados y otros disponibles, se ha estudiado el uso de reactores "whole cell" en la producción de biodiesel. Debido a que los microorganismos productores de lipasas (MPL) son inhibidos por el metanol utilizado en la transesterificación de aceites para la producción de biodiesel, se ha estudiado la aplicación de un biorreactor "whole cell" en placa con adición de metanol en fase gaseosa, incrementando así la transferencia de masa, además de proteger a las microorganismos del contacto del metanol u otros alcoholes de cadena corta. Este biorreactor a sido probado con éxito usando *Rhizopus oryzae*, *Pseudomonas veronii*, *Serratia* sp. y *Arthrobacter* sp.

S-031

Producción de Bioetanol de Segunda Generación: Desafíos Tecnológicos y Microbiológicos
(Production of Second Generation Bioethanol: Technological and Microbiological Challenges)

Juan Carlos Gentina M.
Escuela de Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica de Valparaís, Chile
jgentina@ucv.cl

La necesidad cierta de disponer fuentes alternativas al petróleo, ha llevado a reeditar el interés de desarrollar una tecnología viable económicamente para la producción de etanol a partir de material lignocelulósico. La variabilidad de las materias primas y con el objeto de disminuir los costos de inversión en plantas de producción, hacen necesario la búsqueda y desarrollo de sistemas de pretratamiento del material lignocelulósico, de hidrólisis para la generación de azucares fermentables, y de fermentación eficientes, para así competir adecuadamente con un precio de petróleo fluctuante, pero al alza en el mediano y largo plazo.

El microorganismo más utilizado en la fermentación alcohólica industrial ha sido la levadura *Sacharomyces cereviciae*. Sin embargo, en el caso de la fermentación de hidrolizados de material lignocelulósico, que contienen una mezcla de azucares de seis y cinco carbonos, hace necesario la selección o desarrollo de cepas que permitan alcanzar elevados rendimientos de conversión de todos los azucares presentes en la mezcla a la vez de tener la capacidad de soportar la presencia de compuestos, originados en etapas previas, que pueden ser tóxicos o inhibitorios para la fermentación. A esto se suma la necesidad de integración de alternativas de operaciones, lo que hace más compleja la decisión del microorganismo a utilizar en esta etapa del proceso.

INCORPORACIONES

I—001

Diversidad y función de microorganismos en humedales altiplánicos de altura (Diversity and function of microorganisms in high altitude altiplanic wetlands)

Dorador C[1,3,4], Vila, I[2], Witzel, K-P[3], Imhoff, JF[4].
[1]Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile [2]Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile [3]Max-Planck Institute for Limnology (now Max Planck Institute for Evolutionary Biology), Plön, Alemania [4]Leibniz-Institute of Marine Sciences, Kiel, Alemania.
criordor@gmail.com

Se ha postulado que los microorganismos tendrían un rol relevante en la productividad primaria de los humedales altiplánicos, los cuales presentan a su vez limitación por nitrógeno. Se analizó la composición y el rol de las comunidades microbianas en muestras de agua y sedimento de once humedales del Altiplano Chileno y del Desierto de Atacama (18°-23°S y 4500-2300 m de altura), utilizando técnicas de cultivo (medios de cultivo para microorganismos heterótrofos y autótrofos) e independientes de cultivo (PCR-DGGE, clonamiento gen 16S rRNA y genes funcionales para detectar nitrificación y fototrofía: *amo*A, *puf*LM, *fmo*A, *bch*Y). En *Bacteria*, se reportaron 18 grupos filogenéticos distintos, siendo *Bacteroidetes* el más frecuente en todas las muestras (24-94% de los clones) seguido de *Proteobacteria* (α, β, γ, δ). La diversidad de *Archaea* fue más baja que la de *Bacteria* y fue representada por *Methanomicrobia*, *Halobacteria* y *Crenarchaeota*. El 60-70% de las secuencias obtenidas en las genotecas y el 30% de los aislados heterótrofos presentaron una similitud bajo el 97% con la secuencia más cercana en GenBank y la cepa tipo más cercana, respectivamente, indicando un alto grado de microorganismos únicos. A nivel funcional, se detectó la presencia y actividad de microorganismos oxidantes de amonio (*Bacteria* y *Archaea*) y de microorganismos fotótrofos. Debido al carácter casi inexplorado de los humedales altiplánicos, su alta variabilidad y condiciones ambientales únicas, la microbiología del Altiplano surge como un área de investigación amplia y transversal, cuyo conocimiento puede ayudar a generar información para promover la conservación de estos ecosistemas.

Financiamiento: DAAD A/03/22010, Max Planck Society, Fondecyt 11080228, Proyecto Iniciación Universidad de Antofagasta.

I-002

Caracterización ultraestructural del ciclo lítico de un virus intra-nuclear que infecta a la diatomea *Chaetoceros* cf. *wighamii* (Bacillariophyceae) de la Bahía de Chesapeake, USA.

Ultrastructural characterization of the lytic cycle of an intra-nuclear virus infecting the diatom *Chaetoceros* cf. *wighamii* (Bacillariophyceae) from Chesapeake Bay, USA.

Eissler Y[1], Wang K [2], Chen F[2], Wommack E[3], Coats W[4]
[1] Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales, Departamento de Química y Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso.[2] Center of Marine Biotechnology, University of Maryland. [3] Delaware Biotechnology Institute.[4] Smithsonian Environmental Research Center.
yoanna.eissler@uv.cl

Aquí describimos un virus que infecta a la diatomea *Chaetoceros* cf. *wighamii* aislado de la Bahía de Chesapeake. Para caracterizar la morfología y ciclo lítico de este virus, se realizó un experimento en el que se muestreo cada 4 h durante 72 h después de la inoculación viral. La fluorescencia *in vivo* comenzó a declinar 16 h después de la inoculación y fue reducida a menos del 19% con respecto al cultivo control al final del experimento. Análisis de microscopia electrónica de transmisión confirmaron la infección dentro de las primeras 8 h de inoculación como se indica por la presencia de partículas virales (PV) en el núcleo. Las PV se presentaron en dos arreglos diferentes: estructuras como-bastones que aparecen en sección transversal como arreglos paracristalinos de forma hexagonal, que miden 12 ± 2 nm de diámetro y partículas de forma hexagonal, uniformes y densas electrónicamente, que miden aproximadamente 22-28 nm de diámetro. Los núcleos que contienen arreglos paracristalinos fueron más comunes temprano en el ciclo de infección, mientras que las células que contenían PV aumentaron y luego declinaron hacia el final del ciclo. La proporción de núcleos que contiene arreglos paracristalinos y PV permaneció relativamente constante a los largo del experimento. Este patrón sugiere que los arreglos paracristalinos como-bastones se fragmentan para producir PV con forma de icosaedro. El virus de inclusión nuclear *Chaetoceros* cf. *wighamii* (CwNIV) se caracteriza por una gran progenie (promedio 26,400 por célula infectada) y rápido tiempo generacional lo que podría tener implicaciones ecológicas en el control de la población de *C.* cf. *wighamii*.

Financiado: Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales (CIGREN).

I-003

Evolución genómica, diversidad metabólica y de regulación en el genero Acidithiobacillus: un abordaje genómico-comparativo para comprender la vida a pH 1.. (Genome evolution, regulatory and metabolic diversity in the Acidithiobacillus genus: comparative genomics approach to understand life at pH 1.)

Valdes, J. [1,2] and Holmes D. S [1,2]
[1]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida.
[2]Andrés Bello University, Santiago, Chile.
Jorge.valdes@gmail.com

Los miembros del género Acidithiobacillus se caracterizan por sobrevivir en ambientes extremadamente ácidos (pH 1), obtener energía de fuentes inorgánicas como el hierro y compuestos de azufre reducidos y tolerar altas concentraciones de metales pesados. Estas características extremas han impulsado la utilización de estos microorganismos en procesos de extracción de minerales de importancia comercial y biorremediación. Con el objetivo de identificar módulos funcionales exclusivos/compartidos involucrados en procesos biogeoquímicos y de asimilación de nutrientes y de obtener un mayor detalle de los mecanismos de regulación que los controlan, se determinaron, anotaron funcionalmente y analizaron las secuencias genomicas de miembros del genero Acidithiobacillus (*A. ferrooxidans* ATCC 23270, *A. ferrooxidans* ATCC 53993, *A. caldus* ATCC 51756 y *A. thiooxidans* ATCC 19377). Mediante esta estrategia se generaron redes metabólicas y de regulación potenciales para cada organismo e identificaron diferencias/similitudes en su arquitectura. Las principales diferencias observadas incluyen metabolismo energético, asimilación de nitrógeno, movilidad y quimiotaxis, asimilación de azufre, metabolismo de hidrogeno y sistemas asociados a elementos genéticos móviles. En conclusión, el presente estudio provee una visión detallada de la variabilidad metabólica y adaptaciones necesarias para la vida en ambientes extremadamente ácidos; identifica potenciales vías de respuesta a cambios ambientales, su arquitectura, genes y sitios de unión a factores de transcripción para su futura validación experimental; y en su conjunto, nos da una visión de la historia evolutiva de estos acidófilos extremos.

I-004

Cambios en la supervivencia a estrés de *Salmonella* Typhi debido a la transferencia funcional de la SPI-3 de *S.* Typhimurium.
(Changes in the stress survival of Salmonella Typhi conferred by the functional transfer of S. Typhimurium SPI-3 sequences)

Patricio Retamal[1,2], Mario Castillo-Ruiz [1], Guido Mora[1]
[1] Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina. Universidad Andrés Bello.
[2]Programa de Doctorado en Ciencias Biológicas, Genética Molecular y Microbiología. Pontificia Universidad Católica de Chile. pretamal@uchile.cl

El análisis bioinformático de la isla de patogenicidad 3 de *Salmonella enterica* (SPI-3) sugiere la presencia de 10 marcos de lectura abiertos (ORF), con una zona conservada y otra variable entre distintos serovares de esta especie. Además, en la SPI-3 de *S. enterica* serovar Typhi (*S.* Typhi) existen algunos ORF no funcionales, considerados como pseudogenes. El objetivo de este trabajo fue conocer aquellas funciones ausentes en *S.* Typhi mediante la construcción de una cepa híbrida de *S.* Typhi que posee la SPI-3 de *S.* Typhimurium en reemplazo de su propia SPI-3.
Cuando esta cepa recombinante fue sometida a condiciones de estrés *in vitro*, se observó una disminución significativa en su resistencia a peróxido de hidrógeno y a la supervivencia al interior de células U937 humanas. Entonces se decidió evaluar el papel de operón *marT-fidL* en estos fenotipos, debido a que *matT* es un pseudogen en *S.* Typhi y ha demostrado ser un regulador transcripcional en *S.* Typhimurium. Con este objetivo, se clonó y transfirió el operón *marT-fidL* de *S.* Typhimurium en *S.* Typhi, y se observó su capacidad de reducir significativamente la supervivencia temprana de esta cepa a monocitos humanos.
Finalmente, estos hallazgos sugieren que diferencias genómicas y funcionales entre las secuencias SPI-3 tienen implicancias en la especificidad de hospederos de los serovares Typhi y Typhimurium.

I-005

Perfil de expresión génica en lactantes chilenos hospitalizados por virus respiratorio sincicial y su relación con gravedad de la infección. (Gene expression profile in Chilean infants hospitalized with respiratory syncytial virus and its relationship with severity of infection)

Ampuero S.[1], Andaur R[1], Larrañaga C[1], Tapia L[1], Urzúa U[2].
[1]Programa de Virología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.[2]Programa de Biología celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

El virus respiratorio sincicial (VRS) es el principal agente etiológico de infección respiratoria aguda en infantes menores de dos años. El 1% al 5% debe hospitalizarse y el 0,01% fallece. La gravedad aumenta en lactantes con enfermedades congénitas o cardiopulmonares pero lactantes previamente sanos también pueden evolucionar gravemente. Factores virales y del hospedero se han relacionado a la gravedad de la infección sin encontrarse aún asociaciones claras. Nuestro objetivo fue analizar el perfil de expresión génica a nivel sistémico de 10 lactantes chilenos hospitalizados por primoinfección respiratoria aguda baja por VRS y relacionarlos a gravedad de la infección. A cada lactante se le tomó una muestra de aspirado nasofaríngeo para confirmar la infección (IFI y transcripción reversa-PCR en tiempo real) y una muestra sanguínea, a partir de la cual se obtuvo el ARN para realizar las hibridaciones en microarreglos de oligonucleótidos (librería HEEBO). Según parámetros clínicos, 5 lactantes desarrollaron una infección leve y 5 grave. Se detectaron 336 genes expresados diferencialmente entre ambos grupos ($p<0,01$). Dentro de los genes más sobreexpresados en el grupo grave se encontraron: efrina-A1 (EFNA1), nectina (PVRL4), delta-like (DLL), antígeno linfocitario 6 (LY6E). Y en el grupo leve: receptor C de la familia tirosinfosfatasa (PTPRC), cadena pesada de la inmunoglobulina (IGHG1) y factor de crecimiento transformante beta (TGFB1). Las funciones biológicas de estos genes están relacionadas con migración celular, quimioatracción y respuesta inmune. Su activación o represión en distintas vías podrían ayudar a comprender las diferencias en la gravedad de la infección.

Financiamiento: Fondecyt de Iniciación 11070254

I-006

Análisis de toxinas marinas lipofílicas y especies productoras de toxinas PSP en fitoplánctón del Pacífico sur oriental, Chile. (Analysis of lipophilic marine toxins and PSP-toxin producing species in phytoplankton from the south eastern Pacific, Chile)

Trefault N[1], Krock, B[2], Pérez, B[1], Delherbe, N[1], Mujica, JF[1], Fuentealba, M[1] y Vásquez, M[1]
[1]Pontificia Universidad Católica de Chile
[2]Alfred Wegener Institut, Bremerhaven, Alemania
nntrefau@puc.cl

En las últimas décadas se ha producido un incremento en la aparición de floraciones algales nocivas asociadas a la presencia de potentes toxinas, destacándose las toxinas lipofílicas. Éstas corresponden a un grupo de compuestos con características químicas comunes, pero con una variedad de mecanismos de acción, síndromes tóxicos asociados y organismos capaces de producirlas. Por otra parte, en nuestro país el dinoflagelado *Alexandrium catenella*, organismo productor de toxinas PSP (Paralytic Shellfish Poisoning), es endémico en las regiones de Aysén y Magallanes.
El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis del perfil de toxinas en muestras de fitoplánctón a través de un gradiente latitudinal de 27° de la costa chilena, y una caracterización genética y toxicológica de nuevos clones de *A. catenella*, aislados desde Aysén. Las muestras fitoplanctónicas fueron tomadas durante la campaña Humboldt 2009 del crucero Hespérides. Se encontró niveles considerables de ácido domóico, niveles menores de dinofisistoxinas-1, pectenotoxina-2, pectenotoxina-2 SA y pectenotoxina-11. Se detectaron niveles traza de gymnodimina y azaspirácido-1, toxinas no detectadas previamente en Chile y en el Pacífico sur oriental. Los nuevos clones de *A. catenella* analizados son casi siete veces más tóxicos que los aislados en años anteriores y con un perfil de toxinas que destaca por la presencia de saxitoxina y neosaxitoxina. En resúmen, estos resultados indican que la presencia de toxinas fitoplanctónicas en aguas costeras es un fenómeno cada vez más extendido y cuya peligrosidad va en aumento, considerando la aparición de clones de organismos productores con mayor grado de toxicidad que los previamente aislados.

Financiamiento: Fondecyt 1080075; Fondef MR07I-1005; LINCGlobal.

I-007

Ausencia de efecto de miR-122 durante la síntesis*in vitro* de RNA viral por complejos de replicación aislados desde células que replican el RNA de HCV.

(Lack of effect of miR-122 during *in vitro* RNA synthesis by isolated HCV replication complexes).

Rodrigo A Villanueva[1], Rohit Jangra[2], Minkyung Yi[2], Rick Pyles[2], Nigel Bourne[2], & Stanley Lemon[2]. [1]Programa de Virología, ICBM, U de Chile; [2]Center for Hepatitis Research, Institute for Human Infections and Immunity, Department of Microbiology and Immunology, University of Texas Medical Branch at Galveston, Texas, US.Rvillanueva@med.uchile.cl

MicroRNA-122 (miR-122) es un microRNA abundante en células hepáticas, e implicado en replicación del genoma del virus de la hepatitis C (HCV) en células.

En el presente estudio, mostramos que miR-122 es requerido para la replicación del RNA de un replicón de HCV, y de un virus quimérico, y analizamos además el rol de miR-122 durante la síntesis *in vitro* de RNA viral. Usamos complejos de replicación aislados desde células con replicones virales para determinar si miR-122 es requerido para la incorporación de [^{32}P] en la hebra positiva de RNA. Un inhibidor pirimidínico del sitio activo de la polimerasa viral bloqueó la actividad de síntesis *in vitro* de RNA del complejo aislado, mientras un inhibidor alostérico (benzotiazadina) no tuvo efecto. De esta manera, la incorporación de [^{32}P] en el complejo de replicación aislado refleja primariamente la fase de elongación de síntesis del RNA viral, y no adición de miR-122 ni tampoco por el oligonucleotido anti-sentido 2`-O-metilado (que inactiva funcionalmente miR-122), sugiriendo así que miR-122 *de novo* iniciación. La síntesis *in vitro* de RNA por el complejo de replicación aislado no fue afectado por la no es requerido para elongación de la sintesis *in vitro* de RNA. Aunque la mayoría del miR-122 no está asociado con el complejo aislado de replicación viral, una fracción menor bandeó a la misma densidad que el complejo activo de replicasa viral en gradientes de densidad al equilibrio.

Así, consistente con recientes resultados, miR-122 no afecta la replicación *in vitro* del genoma de HCV.

Financiamiento. Grants de National Institute of Allergy and Infectious Diseases: U19-AI40035 and N01-AI25488.

I-008

Contribución de los pseudogenes *sseJ* y *sopD2* en la hospedero-especificidad de *Salmonella enterica* serovar Typhi. (Contribution of *sseJ* and *sopD2* pseudogenes to host-specificity of *Salmonella enterica* serovar Typhi)

A.Nicole Trombert L, Liliana Berrocal S, Cristóbal Mujica T y Guido Mora L.
Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile. a.trombert@uandresbello.edu

Salmonella enterica serovar Typhi (*S.* Typhi) es un patógeno que produce una fiebre tifoidea exclusivamente en el hospedero humano. Esta especialización se debe en gran parte a la pérdida progresiva y sistemática de varias proteínas debido a la mutación y/o erosión de los genes que las codifican. Estos genes afuncionales son denominados pseudogenes. En el presente trabajo se estudia el papel que ejercen dos pseudogenes, *sseJ* y *sopD2*. Tanto *sseJ* como *sopD2* se encuentran funcionales en *Salmonella enterica* serovar Typhimurium (*S.* Typhimurium), serovar de amplio rango de hospedero, donde juegan un papel primordial en la patogenicidad de la bacteria. Tanto *sseJ* como *sopD2* codifican para proteínas que actúan en la vía endocítica de *S.* Typhimurium garantizando la proliferación esta bacteria en epitelio humano. Nuestro trabajo demostró que la presencia de los genes funcionales de *S.* Typhimurium en *S.* Typhi cambia la capacidad de esta última de invadir y atravesar células de epitelio humano lo que, *in vivo*, podría significar un cambio sustantivo en su ciclo infectivo. Con este trabajo se puede demostrar que aún cuando los genes en estudio son de gran importancia en la patogenicidad del serovar Typhimurium, en *S.* Typhi no le otorgan ventaja y, por el contrario, impiden la correcta colonización y permanencia en células derivadas de su hospedero específico, el humano. Esto demuestra que la pérdida de material genético es un evento evolutivo crucial en la especialización de un patógeno a un hospedero específico.

Fondecyt 1060999 y UNAB 12-05/I

I-009

La fimbria Stg de *Salmonella enterica* serovar Typhi se expresa y participa en la adherencia de la bacteria a líneas celulares humanas" (The expression and participation of Stg fimbria from *Salmonella enterica* serovar Typhi in the bacterial adherence on human cell lines)

Liliana Berrocal S.[1]., A. Nicole Trombert [1], Cristóbal Mujica C. [1] y Guido Mora [1] [1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello

Las fimbrias de bacterias entéricas, incluyendo el género *Salmonella*, han sido descritas como importantes factores de virulencia que actúan en adherencia a distintos tipos celulares dentro de determinados hospederos. *Salmonella enterica* serovar Typhi, agente causal de la fiebre tifoidea exclusivamente en el ser humano, tiene una docena de operones fimbriales de la familia chaperona-usher en su genoma, entre ellos *stgABCD* que no está en *S.* Typhiurium, serovar que produce una infección equivalente en el ratón. En este trabajo se caracterizó la expresión de la fimbria codificada por este operón. En ensayos de migración transepitelial realizados en células HT-29 polarizadas, la expresión heteróloga del operón *stgABCD* en *S.* Typhimurium 14028s modificó el fenotipo de esta cepa, observándose un comportamiento similar al de la cepa silvestre *S.* Typhi STH2370. Junto con esto, se observó un aumento en la adherencia a células mononucleares obtenidas desde sangre periférica humana de la cepa heteróloga con respecto a la cepa silvestre, llegando a niveles similares a los obtenidos con *S.* Typhi STH2370, sin una variación notoria en la invasión. Por Western blot se observó que la proteína StgD, correspondiente a la adhesina fimbrial, se sintetiza cuando el operón está sobreexpresado en la cepa heteróloga y por inmunomicroscopía electrónica, se comprobó la presencia de esta proteína en la superficie bacteriana. Estos resultados sugieren que la fimbria Stg de *S.* Typhi se expresa, se ensambla y contribuye de alguna manera en las primeras etapas de la interacción patógeno-hospedero durante el desarrollo de la fiebre tifoidea. Financiamiento. Fondecyt 111110.

I-010

El gen *tdhA* de *Vibrio parahaemolyticus* es parte de un transposon compuesto.

(*tdhA* gene of *Vibrio parahaemolyticus* is part of a composite transposon)

Cristóbal Mujica T., A. Nicole Trombert L., Liliana Berrocal S., María Paz Covarrubias B. y Guido Mora L.

Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello, Santiago – Chile. Cristobal.mujica@gmail.com

Vibrio parahaemolyticus es el agente causal de un síndrome diarreico por consumo de alimentos marinos contaminados. En Chile, este cuadro se produce cada verano con un número de casos que superan los 1000 afectados. La capacidad de generar la gastroenteritis se relaciona con la presencia de una hemolisina cofificada por los genes *tdhA* y *tdhS*.

Existe una fuerte correlación entre cepas clínicas y *tdh*, el que además se encuentra presente en *V. cholerae*, *V. mimicus* y *V. hollisae*. La presencia en otras especies se debería a la capacidad de este gen de movilizarse lateralmente lo que se deduce de la existencia de secuencias de inserción (IS) flanqueando el gen *tdh*A. Por análisis bioinformático en este trabajo se ha demostrado que alrededor del gen *tdh*A es posible encontrar una IS 551 pb río abajo, la que también esta presente repetida e invertida 2.364 pb río arriba. Al considerar la disposición de ambas IS en función de *tdh*A se observa una estructura similar a la de un transposón compuesto. Se analizó por Southern la presencia del transposón, encontrándose en 18 de 26 de las cepas analizadas, tanto clínicas como ambientales. Para evaluar si el transposón era funcional, éste fue clonado en un vector y posteriormente transformado en *S.* Typhi. El resultado mostró la presencia del elemento completo en el cromosoma de la bacteria receptora. Esto demuestra que la virulencia de *V. parahaemolyticus* podría estar dada en su capacidad de movilizar genes de virulencia por medio de un transposón compuesto.

Financiamiento. Fondecyt 1060999, MECESUP UAB0602

COMUNICACIONES LIBRES

CL-01

Las porinas OmpD y OmpW de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium participan en el transporte de moléculas relacionadas con el estrés oxidativo. (OmpD and OmpW porins from *Salmonella enterica* serovar Typhimurium are involved in the transport of oxidative stress related molecules)

Calderón, I.L., Caro, N.J., Collao, B. G., Parra, S. J., Chahuán, C.A., Ortega, A. P., Saavedra, C.P. Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Cs. Biológicas, Universidad Andrés Bello.icalderon78@yahoo.com

La caracterización de porinas de bacterias Gram negativo ha resultado de mucha utilidad para la comprensión de múltiples aspectos de la fisiología bacteriana. Se trata de canales acuosos que permiten la difusión pasiva de solutos hidrofílicos. En *Salmonella enterica* serovar typhimurium (STm) se ha descrito que el gen *ompD* como *ompW* (codificantes de la porina OmpD y OmpW respectivamente) son necesarios para la resistencia y eflujo de Metil Viológeno (MV), un elicitor de estrés oxidativo (MV). En este trabajo se realizó un ensayo de transporte *in vivo* con [^{35}S]-glutatión ([^{35}S]-GSH) demostrando que los genes *ompD* y *ompW* son requeridos para la salida de GSH en STm. Además, en estudios *in vitro* con proteoliposomas reconstituidos con OmpD y OmpW confirmaron que el eflujo de GSH es facilititado por estas proteínas de membrana externa (OMPs).
Ensayos de transporte *in vivo* con peróxido de hidrógeno (H_2O_2) e hipoclorito (OCl^-) evidenciaron además que los genes *ompD* y *ompW* son requeridos para facilitar la difusión de estas moléculas oxidantes hacia el interior de la célula. Mediante estudios *in vitro* en proteoliposomas reconstituidos con las porinas OmpD y OmpW se demostró de manera directa la participación de estas OMPs en el influjo de dichos tóxicos. En el entendido que la entrada de moléculas oxidantes no es favorable fisiológicamente para la bacteria, se evaluaron las actividades de los promotores de los genes *ompD* y *ompW* en cepas reporteras *lacZ* y los resultados indican que concentraciones subletales de ambos tóxicos regulan negativamente la expresión de estos genes.

Financiamiento. Fondecyt PostDoc 3095013, Fondecyt 1085131, DI-49-09/R y DI-50-09/R

CL-02

La proteína SEN1001 contiene un motivo LysM y es esencial para la virulencia de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis. (The LysM domain-cointaining protein SEN1001 is essential for *S.* Enteritidis virulence).

Silva, C. A.[1,2], Blondel, C. J.[1,2], Jiménez, J. C. [1], Toro, C. S. [2], Zaldívar, M.[1], Contreras, I.[1] y Santiviago, C. A. [1,2]
[1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, U. de Chile
[2]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile.
casilv@gmail.com.

Salmonella Enteritidis es capaz de infectar una gran variedad de hospederos, incluyendo aves, roedores y humanos. Este enteropatógeno produce una enfermedad sistémica en aves y ratones, mientras que en humanos provoca un cuadro de gastroenteritis autolimitante. En la actualidad, *S.* Enteritidis representa la causa mayoritaria de salmonelosis asociada a alimentos a nivel mundial, por lo que es importante comprender sus mecanismos de patogenicidad. Previamente, realizamos una identificación global de genes codificados en islas genómicas de *S.* Enteritidis que contribuyen a la colonización de órganos internos de ratón. Dentro de estos genes se encuentra *SEN1001*, que codifica una proteína hipotética que presenta un dominio LysM. Este dominio está presente en "autolisinas" bacterianas y otras hidrolasas de peptidoglicán, lo que sugiere que el producto de *SEN1001* participa en la remodelación de la pared celular bacteriana. El gen *SEN1001* está presente en la isla de patogenicidad 19 de *Salmonella* (SPI-19), que codifica un sistema de secreción de proteínas de tipo 6 (T6SS) descrito recientemente por nuestro grupo. En *S.* Enteritidis existe una deleción interna en SPI-19 que incluye la mayoría de los genes asociados al T6SS, por lo que este sistema no sería funcional. Sin embargo, una mutante *S.* Enteritidis Δ*SEN1001* resulta completamente atenuada en ratones BALB/c. Por otra parte, resultados preliminares indican que una mutante *S.* Enteritidis ΔSPI-19 presenta defectos en la invasión de células epiteliales HeLa *in vitro*. En conjunto, nuestros resultados muestran que *SEN1001* es indispensable para la patogenicidad de *S.* Enteritidis, constituyendo un nuevo blanco para el desarrollo de vacunas.

Financiamiento: Proyecto Anillo ADI-08/2006.

CL-03

Existencia de sistemas virales pertenecientes a la familia *Totiviridae* en *Xanthophylomyces dendrorhous.* (Existence of viral systems belonging to the *Totiviridae* family in *Xanthophylomyces dendrorhous*)

Natalia Bravo, Oriana Flores*, Mario Carrasco, Víctor Cifuentes, Marcelo Baeza. Depto. Ciencias Ecológicas, Fac. de Ciencias, Universidad de Chile. natty.bravo@gmail.com

X. dendrorhous es una levadura carotenogénica que posee elementos de RNA de doble hebra (dsRNA) cuya función y gran parte de identidad nucleotídica aún se desconoce. Algunas cepas poseen 4 dsRNAs: L1 (5 Kb), L2 (3,8 Kb), S1 (0,9 Kb) y S2 (0,8 Kb). En nuestro laboratorio se ha logrado clonar parcialmente los genomas L1 y L2, y basados en estas secuencias se diseñaron partidores divergentes para caminar sobre estos genomas. En el caso de los dsRNAs S1 y S2 se desconoce completamente su secuencia, por lo cual se construyeron genotecas de cDNA de cada una. En el análisis bioinformático de las secuencias obtenidas se observa homología de la secuencia traducida de L1 y L2 con RNA polimerasa dependiente de RNA (RdRp) de la familia *Totiviridae*, mientras que para las secuencias de S1 y S2 no se encontró homología. Por otro lado, mediante experimentos de curación con anisomicina (inhibidor de peptidil transferasa) se obtuvieron clones carentes de S2. En estos clones curados se observó un aumento en el número de copias de L1 dsRNA, mientras que los niveles de L2 y S1 son similares a la cepa silvestre. Estos resultados, y basados en el sistema viral de *S. cerevisiae*, nos permiten sugerir fuertemente que S2 corresponde a un virus satélite de L1, y posiblemente S1 lo sea de L2, ambos pertenecientes a la familia *Totiviridae*.

Financiamiento: Fondecyt 11060157, * Becaria Conicyt.

CL-04

Análisis *in vitro* de actividad nucleasa presente en extractos de sobrenadantes de cultivos de *E. coli* nissle 1917 y su relación con el sistema de producción de colibactina. (*In Vitro* analysis of nuclease activity present in the supernatant of *E. coli* Nissle 1917 cultures and its relationship with the regulation with colibactin production)

Gatta L.[1], Corsini G.[2], y Tello M. [1]
[1]Universidad de Santiago de Chile. Facultad de Química y Biología. [2]Universidad Diego Portales. Facultad de Medicina. Laboratorio de Bacteriología Molecular.

E. coli Nissle 1917 (EcN1917) es una cepa probiótica utilizada en el tratamiento de las enfermedades inflamatoria de Bowel y el Síndrome de Crown. El mecanismos exacto de las propiedades terapéuticas de EcN1917 es aun desconocido, sin embargo, probablemente modula la respuesta inmune mediante la inducción de apoptosis selectiva de ciertas poblaciones de linfocitos T. La presencia de un sistema de síntesis noribosomal confiere a EcN1917 la propiedad de inducir arresto en G2/M del ciclo celular. Pero hasta el momento no se ha identificado la molécula de colibactina sintetizada por este sistema. Con el fin de identificar y caracterizar esta molécula, se desarrollaron extensivos análisis bionformáticos de las enzimas codificadas en el sistema productor de colibactina, que permitieron predecir las posibles estructuras de la colibactina y sus propiedades fisicoquímicas. Acorde a los resultados obtenidos se desarrolló un método para semipurificar la molécula de colibactina mediante columnas C-18, y un ensayo *in vitro* para identificar su actividad.

Los resultados de estos experimentos indicaron que EcN1917 secreta una molécula hidrofóbica, capaz de inducir en presencia de Fe^{2+} la fragmentación *in vitro* del DNA por un mecanismo similar al utilizado por la bleomicina. Para comprobar la relación entre la actividad nucleasa y el sistema productor de colibactina se construyeron mutantes en el sistema productor de colibactina. La actividad nucleasa estuvo ausente en cepas de EcN1917 mutantes en el sistema productor de colibactina, indicando que la colibactina es capaz de inducir fragmentación de DNA *in vitro*.

Financiado por Proyecto Bicentenario PDA-20

CL-05

Participación de la proteína BtuE de *Escherichia coli* en estrés oxidativo. (Participation BtuE protein of Escherichia coli in oxidative stress.)

Arenas F[1], Perez J[1], Sandoval J[1], Covarrubias P[1], Imlay J[2], Vasquez C[1].
[1] Laboratorio Microbiologia Molecular,USACH
[2] Department of Microbiology,University of Illinois.
felipe.arenass@usach.cl

Se ha demostrado que células de *Escherichia coli* expuestas a telurito de potasio(K_2TeO_3) exhiben un considerable aumento de especies reactivas de oxígeno(ROS) a nivel citoplasmático, en especial radical superóxido(O_2^-), generando un estrés de tipo oxidativo. La búsqueda de determinantes de resistencia a K_2TeO_3 en *E. coli* permitió detectar una potencial glutatión peroxidasa codificada por el gen *btuE*. Cepas deficientes en *btuE*(Δ*btuE*) presentaron mayor sensibilidad que la cepa parental a K_2TeO_3 y otros agentes generadores de estrés oxidativo. Además se detectó un aumento en los niveles de ROS citoplasmáticos y acumulación de productos derivados del daño oxidativo. Por otra parte, células Δ*btuE* expuestas a K_2TeO_3 y H_2O_2 en condiciones aeróbicas y anaeróbicas no mostró cambios en el crecimiento respecto a las células silvestres. Sin embargo, en células deficientes en catalasas/peroxidasas(Hpx$^-$) la eliminación de *btuE*(Hpx$^-$Δ*btuE*) resultó en crecimiento afectado y resistencia a estas sustancias tóxicas sólo en condiciones aeróbicas, sugiriendo que *btuE* estaría probablemente involucrada en defensa contra daño oxidativo. Complementación génica de Δ*btuE* o la sobreexpresión de *btuE* en la cepa parental restauran y generan un aumento de la resistencia de ésta a K_2TeO_3 y a los agentes generadores de ROS, respectivamente. Por otra parte, la sobreexpresión de *btuE* genera una disminución en la acumulación de productos derivados del daño oxidativo, niveles de ROS citoplasmáticos y niveles transcripcionales de *ibpA*, *soxS* y *katG*. Estos resultados permiten concluir que *btuE* de *E. coli* es un determinante de resistencia frente compuestos generadores de ROS y su participación frente el estrés oxidativo. Fondecyt#1090097-Mecesup UCH407-CONICYT.

CL-06

Uso de la proteína fluorescente verde (GFP) como gen reportero para estudios de seguimiento y permanencia de cepas probióticas en el tracto gastrointestinal en un modelo Murino. (Use of green fluorescent protein (GFP) as reporter gene for studies of transit and permanence of probiotic strains in the intestinal tract of a mouse model).

Olivares C, Olmos M, Venegas A.
Laboratorio de Patogénesis Mibrobiana y Biotecnologia de Vacunas. Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. colivare@uc.cl

Las bacterias ácido-lácticas son microorganismos no-patógenos, que han sido ampliamente usados en forma segura en la preparación de comida fermentada y en otras aplicaciones probióticas, y con gran potencial para ser empleados como vehículos de antígenos en vacunas orales vivas. Para utilizarlos con este fin es necesario conocer el tiempo de residencia de éstos en el intestino, ya que para la adecuada estimulación del sistema inmune a través de los antígenos foráneos transportados por el probiótico se requiere un mínimo de permanencia en el organismo. En este aspecto existe poca información,y es probable que dependa del tipo de probiótico utilizado. Para un adecuado seguimiento del microorganismo se requiere de marcadores estables con fenotipo detectable en ambientes complejos. En este aspecto, la proteína fluorescente verde (GFP) ya ha sido utilizada para detectar y monitorear diversos microorganismos incluyendo bacterias ácido-lácticas. Su ventaja resulta de su propiedad intrínseca de emitir fluorescencia sin requerir co-factores o substratos, permitiendo la detección de microorganismos recombinantes con este gen. Para la expresión de GFP en Gram-positivos se recurrió a vectores shuttle (replicables en Gram-positivos y negativos). Para el estudio del tiempo de residencia de probióticos se generaron sistemas de expresión con promotores inducibles y constitutivos de distinto origen insertados en vectores de amplio espectro con GFP como marcador. Ensayos preliminares con GFP expresada en *Lactococcus lactis* indicaron un tiempo de residencia < 1 semana luego de monitorear estas construcciones en el tracto gastrointestinal del modelo murino BALB/C.

CL-07

Estudio de elementos genéticos inestables en el cromosoma de Salmonella. (Study of unstable genetic elements in the chromosome of *Salmonella*)

Bueno Susan[1], Tania Quiroz[1], Rodrigo Lizana[1], Daniela Araya[1], Hugo Tobar[1], Francisco Salazar[2], Carolina Quezada[2], Carlos Santiviago[2], Claudia Riedel[1,3], Alexis Kalergis[1],
[1]Núcleo Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Pontificia Universidad Católica de Chile [2]Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile[3]Laboratorio de Biología Celular y Farmacología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de la Salud, Universidad Andrés Bello. sbueno@bio.puc.cl

Salmonella enterica serovar Enteritidis (*S.* Enteritidis) y serovar Typhimurium (*S.* Typhimurium) son enterobacterias patógenas causantes de gastroenteritis en humanos y enfermedad sistémica en el ratón. Ambas bacterias poseen elementos genéticos adquiridos por transferencia lateral, como profagos e islas de patogenicidad. Algunos de estos elementos genéticos son inestables y, por lo tanto, se escinden del cromosoma bacteriano. En este estudio identificamos elementos genéticos inestables en *S.* Enteritidis y *S.* Typhimurium y evaluamos su capacidad de escisión de cromosoma bacteriano en diversas condiciones. En total, mediante análisis de genomas completos, identificamos 5 elementos genéticos inestables. Utilizando la técnica de PCR anidado, comprobamos que todos estos elementos genéticos son capaces de escindirse del cromosoma bacteriano. Además, determinamos mediante Real Time PCR que la escisión de estos elementos genéticos inestables ocurre cuando la bacteria crece en medios de cultivo de laboratorio, en el intracelular de células fagocíticas y en tejidos de ratones infectados oralmente con estas bacterias. Interesantemente, en algunos casos, determinamos que la frecuencia de escisión de estos elementos genéticos inestables es mayor cuando la bacteria se encuentra infectando células y tejidos de su hospedero. Nuestros resultados sugieren que la escisión de elementos genéticos inestables presentes en el cromosoma de *S.* Typhimurium y *S.* Enteritidis ocurre en diversas condiciones ambientales. Además, en algunos casos, la frecuencia con que este fenómeno ocurre podría aumentar durante el proceso de infección.

Financiamiento. FONDECYT nº 1070352, FONDECYT nº 1050979, FONDECYT nº 11075060, FONDECYT nº 1040349, SavinMuco-Path-INCO-CT-2006-032296; IFS#B/3764-1, VRAID-INICIO 20/2007, Red-15 PBCT, y Millennium Nucleus on Immunology and Immunotherapy (P04/030-F).

CL-08

Control de la expresión del regulador central de homeostasis de hierro Fur de *Acidithiobacillus ferrooxidans*.
(Control of expression of the master iron homeostasis regulator Fur of *Acidithiobacillus ferrooxidans)*

[1,2]**Lefimil C.**, [2]Duchens H., [1]Holmes D. y [2]Jedlicki E.
[1]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida y Depto de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello; [2]ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Santiago. Chile. clefimil@med.uchile.cl

El regulador transcripcional Fur (Ferric Uptake Regulator) es responsable de coordinar los procesos de incorporación y almacenamiento de hierro, un micronutriente esencial, pero que en exceso conduce a las células a estrés oxidativo. Este regulador se encuentra en niveles intracelulares altos en la mayoría de los microorganismos estudiados, existiendo pocos antecedentes sobre regulación de su expresión. *A. ferrooxidans*, una bacteria que utiliza hierro como fuente de energía, constituye un interesante modelo para estudiar la homeostasis de este metal ya que vive a pH 2, donde su biodisponibilidad es muy elevada. En nuestro laboratorio encontramos que los niveles intracelulares de Fur en *A. ferrooxidans* (Fur_{AF}) varían, a nivel de mRNA y de proteína, dependiendo de las condiciones del cultivo. El objetivo de este trabajo es estudiar los mecanismos moleculares involucrados en la regulación de los niveles de Fur_{AF} mediante un enfoque bioinformático y experimental. Se realizaron ensayos de RT-PCR, Western Blot, y medición de actividad betagalactosidasa en diversas cepas de *E. coli* modificadas genéticamente en nuestro laboratorio, a través de inserciones de material genético de *A. ferrooxidans* fusionado al gen reportero *lacZ*. Encontramos probables reguladores de la transcripción de Fur_{AF}, así como la existencia de un RNA antisentido para el mRNA de Fur_{AF} el que se propone como responsable de regular su traducción. Nuestros resultados muestran que *A. ferrooxidans* ha desarrollado novedosos mecanismos para modular los niveles intracelulares de Fur, lo que daría cuenta de su inusual fisiología, en comparación con bacterias que viven en concentraciones bajas de Fe^{2+}.

Financiamiento. Proyecto Fondecyt 1090451, DI-UNAB 34-06, DI-UNAB 07-08/I y un Microsoft Sponsored Research Award.

CL-08

Expresión genética de potenciales genes de resistencia al cobre en *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270. (Genetic expression of potential copper resistance genes in *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270)

Orellana, L.H.[1], Navarro, C.A.[1] y Jerez, C.A.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias e Instituto de Dinámica Celular y Biotecnología (ICDB), Universidad de Chile. lhorellana@u.uchile.cl

Acidithiobacillus ferrooxidans es una γ-proteobacteria,gram-negativa, quimiolitoauto-trófica, capaz de utilizar el ion ferroso y compuestos reducidos del azufre como fuentes de energía. Este acidófilo puede crecer hasta con 800 mM de Cu, lo que lo posiciona como el microorganismo más resistente a dicho metal. Sin embargo, se sabe muy poco de los mecanismos que posee esta bacteria para la resistencia al Cu. Nuestro grupo realizó una búsqueda bioinformática de posibles determinantes de resistencia al Cu codificados en su genoma. Se encontró que los ORFs afe1073 (*afcopB*), afe0663 (*afcopA1*) y afe0329 (*afcopA2*) corresponden a posibles ATPasas de Cu. También se encontró un sistema de eflujo tipo RND, similar al sistema Cus (Cu sensing) codificado en los ORFs afe1142 (*afcusC*), afe1143 (*afcusB*) y afe1144 (*afcusA*). También se identificaron dos posibles chaperonas de Cu periplasmáticas: ORF afe0326 (*afcusF*) y un ORF no anotado (*afcopC*). Mediante qRT-PCR se cuantificó la expresión de la mayoría de estos genes desde cultivos adaptados al crecimiento con Cu. Se observó que los genes del posible sistema Cus presentan la mayor inducción, llegando a 330 veces por sobre el control (*afcusB*). La ATPasa de cobre *afcopB* mostró una inducción de 90 veces y la chaperona de Cu *afcopC* de 8 veces por sobre el control.

Navarro, C.A., Orellana, L.H., Mauriaca, C. and Jerez, C.A. (2009). Appl. Environ. Microbiol 75: 6102-6109.

Financiamiento: proyecto Fondecyt 1070986 e ICM P-05-001-9F.

CL-09

Análisis comparativo del cluster mínimo para la síntesis de toxinas del VPM en *Raphidiopsis brookii* cepa D9.

(Comparative analysis of minimum cluster for PSP toxins biosynthesis in *Raphidiopsis brookii* strain D9)

[1]**Murillo A. A.**, [2,1]Stucken K.,[1]Soto-Liebe K.,[1]Trefault N., [1]Fuentes J. J.,[2]Cembella A., [1]Mónica Vásquez.
[1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Católica de Chile. E-mail: amurillo@puc.cl
[2]Biosciences Division, Chemical Ecology, Alfred Wegener Institute, Alemania.

Raphidiopsis brookii es una cianobacteria filamentosa de agua dulce, productora de toxinas del Veneno Paralizante de Mariscos (VPM). Este grupo de toxinas está compuesto de saxitoxina como estructura base, y más de 30 análogos estructurales. Nuestro grupo recientemente secuencio el genoma de *R. brookii* cepa D9. El genoma de 3.2 Mb, es el más pequeño descrito para una cianobacteria filamentosa, que además es productora de toxinas. La ruta biosintética para las toxinas del VPM ha sido descrita en 4 especies de cianobacterias. El cluster génico consta de 35 Kb, codificando para 26 proteínas con funciones asignadas en *Cylindrospermopsis raciborskii* T3. Los otros 3 clústeres varían en tamaño y composición génica (*Anabaena circinalis* AWQC131C (30,9 Kb), *Aphanizomenon* sp. NH-5 (29 Kb) y *Lyngbya wollei* (36 Kb)). 13 genes son compartidos entre las distintas especies, estos codifican para la síntesis del precursor de saxitoxina y un putativo transportador. Las diferencias en la organización y contenido génico de los clústeres dan cuenta de los diferentes análogos producidos por cada una de estas especies, además de la presencia de secuencias de inserción, transposasas y redundancia génica. El cluster génico en *R. brookii* D9, de 25,7 Kb, codifica solo para 24 marcos de lectura abierto (incluyendo los 13 compartidos). Los genes adicionales, dan cuenta de la síntesis de los análogos gonyalauxtoxinas 2/3 y su putativo transportador. Estos datos sugieren que el cluster presente en D9 ha sufrido pocas modificaciones y representaría la organización minima, que ha sido transferido en forma horizontal en cianobacterias, sufriendo posteriores modificaciones.

Financiamiento. Fondecyt: 1080075 y Fondef: MR07I-1005

CL-10

Identificación y caracterización del locus *aspV*-tRNA en cepas de referencia y aislados clínicos de *Shigella* spp. (Identification and characterization of *aspV*-tRNA locus in reference and clinical strains of *Shigella* spp)

Bravo, V[1]., Parsot, C., [2], Toro, C[1]
[1] Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
[2] Unité de Pathogénie Microbienne Moléculaire - INSERM U389, Institut Pasteur. vbravoz@gmail.com

Los sistemas de secreción bacterianos están ampliamente distribuidos entre bacterias. Entre éstos, el sistema de secreción tipo 6 (SST6) ha sido descrito y caracterizado en varios patógenos bacterianos, en particular, aquéllos que se encuentran en estrecho contacto con células eucariontes. El análisis *in silico* de las secuencias de los genomas de *Shigella* spp disponibles, revela la existencia de un segmento de ~35 kb inserto en las cercanías del gen *aspV*-tRNA. Dicha región, presente sólo en *S. sonnei*, codifica la totalidad de los componentes asociados a un SST6. Estudios comparativos entre las cepas *S. sonnei* O46 y 53G, revelan un alto grado de identidad entre ambas secuencias, a excepción de dos regiones; la primera, presente en O46, corresponde a IS2 que se encuentra interrumpiendo el gen que codifica la proteína estructural IcmF. La segunda, ubicada en la cepa 53G, da cuenta de un marco de lectura que codifica para una transposasa que interrumpe el gen *vgrG*. Ambas secuencias presentan además, mutaciones sin sentido en los genes *icmF* y SSON0251 (codificante de una proteína conservada), lo que sugiere que corresponden a eventos anteriores a las inserciones descritas. Posteriormente se realizó una caracterización molecular mediante PCR y RFLP en aislados clínicos, confirmándose en el 100% la existencia de una o más de las interrupciones señaladas. Análisis funcionales muestran que, pese a existir producción de los efectores hipotéticos del sistema, éstos no son secretados. Nuestros resultados sugieren que las lesiones genéticas descritas para este sistema, podrían corresponder a nuevas mutaciones pato-adaptativas presentes en *Shigella*.

Financiamiento: Proyecto Anillo ADI-08/2006.

CL-11

Un elemento integrativo y conjugativo en *Acidithiobacillus ferrooxidans* que agrupa 36 genes para tRNA (An integrative and conjugative element in *Acidithiobacillus ferrooxidans* that clusters 36 tRNA genes)

Bustamante, P.[1,2], Gutiérrez, F.[1], Almarza, O.[1], Levicán, G.[2], Katz, A.[1], Valdés, J.[3], Quatrini, R.[3],Holmes, D. S.[3] y Orellana, O.[1]
[1]Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.[2]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.[3]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencias para la Vida y Depto. de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello.
paulac_ba@yahoo.com

Acidithiobacillus ferrooxidans es una γ-proteobacteria, Gram-negativa, acidófila y quimiolitoautotrófica, que participa en la biolixiviación de minerales. Actualmente, no hay herramientas disponibles para realizar manipulaciones genéticas en esta bacteria, por lo cual resulta relevante el estudio de posibles elementos genéticos móviles presentes en el genoma bacteriano. Los elementos integrativos y conjugativos (ICE) son elementos genéticos móviles que se integran en el cromosoma de forma semejante a los profagos y se transfieren a un nuevo hospedador por conjugación. En el genoma de *A. ferrooxidans* ATCC 23270 se identificó un segmento de aproximadamente 300 kpb, que está ausente en otras cepas de la bacteria, que posee características similares a los ICE. Este segmento, denominado ICE*Af*1, está inserto en el extremo 3' de un gen para $tRNA^{Ala}$, codifica principalmente proteínas con función desconocida y proteínas involucradas en movilización de DNA (transposasas, integrasas y proteínas de conjugación). Nuestros resultados sugieren que ICE*Af*1corresponde a un elemento móvil activo que se escinde del cromosoma y se circulariza. En su región central, ICE*Af*1posee 36 genes para tRNA que se agrupan en un segmento de 10 kpb y se organizan en 13 posibles operones. En trabajos previos se demostró mediante estudios de aminoacilación la funcionalidad de los $tRNA^{Glu}_{(UUC)}$ y $tRNA^{Gln}_{(CUG)}$ contenidos en ICE*Af*1. En este trabajo se demuestra, mediante complementación de una mutante termosensible de *Salmonella thyphimurium* y por RT-PCR, la funcionalidad el gen para el $tRNA^{Ser}_{(UGA)}$ presente en ICE*Af1*. Nuestros resultados sugieren que ICE*Af*1 es activo en *A. ferrooxidans* y posee genes de tRNA funcionales.

Financiamiento: Fondecyt 1070437, 1050063, DI-UNAB 34-06, 15-09/I and Microsoft Sponsored research Grant.

CL-13

Simulación de la emergencia de diversidad en *Bacillus subtilis*. (Simulating the emergence of diversity in *Bacillus subtilis*)

Pámela Martinez[1], Miguel Fuentes[2], Pablo Marquet[1,2,3]
[1]Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB), Departamento de Ecología, Facultad Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
[2]Santa Fe Institute, Santa Fe, New Mexico, USA
[3]Institución de Ecología y Biodiversidad.
martinez.pamela@gmail.com

Bacillus subtilis es una bacteria gram positivo que al ser cultivada en medio sólido es capaz de generar diversos patrones espaciales dependiendo de la concentración de agar y de la concentración de nutrientes.

Por otro lado, se sabe que la biodiversidad en poblaciones bacterianas se asocia a procesos de mutación los que en cultivos a largo plazo dan origen a fenómenos de reemplazo competitivo o "selección periódica" de mutantes en donde aquellas poblaciones que tienen mayor adecuación o fitness son capaces de invadir el sistema. Esta dinámica se ha observado en un período donde las mutantes ya no se excluyen entre sí, coexistiendo neutralmente ("equivalencia competitiva") y como consecuencia se ve un aumento en la biodiversidad.

El objetivo de este trabajo fue realizar un modelo matemático basado en autómatas celulares para describir el comportamiento de las mutantes que surgen en los distintos patrones espaciales de *B.subtilis*, para esto primero se realizó un modelo que fuese capaz de describir el fenómeno de emergencia de diversidad de manera de poder comparar los resultados simulados con evidencias experimentales. El segundo modelo describe cómo el efecto espacial de los patrones poblacionales de *B.subtilis* limita el comportamiento de las mutantes y como consecuencia la diversidad.

Los resultados del primer modelo son consistentes con las evidencias experimentales en cultivos de largo plazo, por otro lado el segundo modelo muestra que la invasión de las distintos genotipos solo ocurre a nivel local y que también es posible alcanzar diversidad genética.

Financiamiento. FONDAP-FONDECYT 1501-001, ICM P05-002, CONICYT PFB-23.

CL-14

Pigmentos de origen microbiológico obtenidos desde muestras de la Antártica
(Pigments from Antarctic microbial sources)

Correa-Llantén D.[1,2], Castro M. [1], Blamey L.[1], Blamey JM[1]. [1]Fundación Biociencia, Santiago, Chile[2]Doctorado en Biotecnología, Universidad de Santiago de Chile.
dcorrea@bioscience.cl

Entre los agentes no enzimáticos que actúan como estabilizadores de radicales libres, bajo condiciones normales y de estrés oxidativo, podemos encontrar Glutatión (GSH), vitaminas y pigmentos. Estos últimos, pueden ser producidos por plantas, hongos, algas y bacterias. Una de sus funciones es la de actuar como antioxidantes, ayudando a prevenir las reacciones que inducen la peroxidación de las membranas lipídicas, además de regular la fluidez de las membranas en Procariotas.

La Antártica alberga una gran diversidad de nuevos microorganismos, con características únicas que les permiten sobrevivir en ambientes extremos, al estar sometidos a una selección natural producida en parte, por las bajas temperaturas extremas, desecación y radiación ultravioleta (UV) elevada. Dentro de estos microorganismos muchos de ellos poseen pigmentos con variados colores, que podrían poseer modificaciones específicas que les permitieran tener un mayor poder antioxidante que sus contrapartes mesofílicas.

El interés por el estudio de los microorganismos, que sobreviven en ambientes fríos como el existente en la Antártica reside en conocer su fisiología para direccionar este conocimiento hacia la utilización de sus propiedades y biocompuestos. Se ha sugerido además que este tipo de microorganismos poseen importantes adaptaciones, ente las que se encuentran, aumento del contenido de grupos lipídicos, proteínas y pigmentos carotenoides no polares.

En el presente trabajo se estudia la capacidad antioxidante de algunos pigmentos obtenidos desde microorganismos antárticos.

CL-15

Posible mecanismo de canalización metabólica en la ruta biosíntetica de hemo en *Acidithiobacillus ferrooxidans*. (Possible mechanism of metabolic channeling in heme biosynthetic pathway in *Acidithiobacillus ferrooxidans*)

Alamos, P., Pezoa, D., Farah, C.y Orellana, O.
Programa de Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
Pamela.alamos@gmail.com

El hemo es grupo prostético de varias proteínas y enzimas. Esta molécula se sintetiza a partir del precursor universal ácido δ-aminolevulínico (ALA). En la mayoría de las bacterias el ALA se sintetiza por la vía C_5, en que el glutamato del glutamil-tRNA^{glu} (Glu-tRNA^{glu}), formado por la glutamil-tRNA sintetasa (GluRS), se convierte en glutamato-1 semialdehido (GSA) por la glutamil-tRNA reductasa (GluTR) y posteriormente en ALA por la glutamato-1-semialdehido 2,1-aminomutasa (GSA-AM). En nuestro laboratorio estamos interesados en estudiar la biosíntesis de hemo en *A. ferrooxidans*, bacteria que se caracteriza por tener alto contenido de hemo. Estudios funcionales sugirieron que la GluTR y la GluRS1 de *A. ferrooxidans* interaccionan entre sí. En este trabajo comprobó, mediante el sistema doble híbrido en levaduras, que la GluRS1 y GluTR, interaccionan *in vivo* de manera específica. Esta interacción se confirmó *in vitro* mediante ensayos de "pulldown" con las enzimas recombinantes expresadas en *E.coli*. Se probaron distintas condiciones de pH y fuerza iónica y se determinó que la interacción entre las enzimas es específica y de tipo electrostático. Se observó que la interacción entre la GluTR y la GluRS1 era independiente de la presencia del tRNA^{glu}, sin embargo, el Glu-tRNA^{glu} podría estabilizar esta interacción. Debido a que el Glu-tRNA^{glu} además es sustrato para la biosíntesis de proteínas, se propone que la formación de un complejo entre la GluTR, la GluRS1 y eventualmente la GSA-AM favorecería la canalización metabólica del glutamato hacia la biosíntesis de hemo.

Financiamento: Fondecyt 1070437.

CL-16

Análisis genético de fenotipos de interés enológico en *Saccharomyces cerevisiae*. (Genetic analysis of oenological phenotypes in *Saccharomyces cerevisiae*).

Salinas F.[1], Soto D.[1], Cubillos F.[2], Liti G.[2], Louis EJ.[2], Galarce C.[4], Vargas F.[4], Agosin E.[4], Ganga A.[1], Martínez C.[1,3]

[1] Laboratorio de Biotecnología y Microbiología Aplicada, Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Santiago de Chile. [2] Institute of Genetics, Queen's Medical Centre, University of Nottingham, Nottingham, NG7 2UH, UK. [3] Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de Alimentos (CECTA), Universidad de Santiago de Chile. [4] Laboratorio de Biotecnología, Departamento de Ingeniería Quimica y Bioprocesos, Facultad de Ingeniería, Pontificia Universidad Católica de Chile.
fcosalinass@gmail.com

Saccharomyces cerevisiae es la principal especie responsable de la fermentación alcohólica. La gran diversidad genética presente en levaduras fue recientemente demostrada por Liti y col. (2009) mediante la resecuenciación del genoma de levaduras obtenidas de diferentes orígenes geográficos. Esta diversidad genética se traduce en una amplia gama de fenotipos enológicos, alguno de los cuales son rasgos complejos, poligénicos y heredables. Con el objetivo de estudiar fenotipos de interés enológico en cepas de *S. cerevisiae*, nosotros cruzamos 6 cepas generando 7 híbridos intraespecificos. Las cepas parentales y los híbridos fueron evaluados para ocho rasgos de interés enológico (consumo de amonio; azúcar residual; etanol; glicerol; ácido málico; ácido succínico; ácido acético y trealosa), al final de microfermentaciones de 20 días. Los análisis permitieron seleccionar dos cruces con diferencias estadísticamente significativas (annova $p<0.05$) entre el fenotipo de los parentales para azúcar residual; glicerol; acido succínico; acido acético y trealosa. Los híbridos de estos dos cruces fueron esporulados obteniéndose una amplia descendencia de esporas, las cuales fueron evaluadas para los mismos fenotipos. La descendencia de los híbridos presenta una distribución continua de los fenotipos analizados, resultados que demuestran el carácter poligénico de estos fenotipos y la heredabilidad de estos rasgos.

CL-17

Degradación de Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos en suelo por el hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor* proveniente del sur de Chile (Degradation of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in soil by the white-rot fungus *Anthracophyllum discolor* from southern Chile)

Acevedo F.[1], Pizzul L.[2], Castillo MdelP[3], Cuevas R.[4], González M.E[1], Stenström J.[2], Diez M.C.[4]
[1]Programa de Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco
[2]Uppsala BioCenter, Dep. Microbiology, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden
[3]JTI - Swedish Institute of Agricultural and Environmental Engineering, Uppsala, Sweden
[4]Centro de Biotecnología Ambiental, Scientifical and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera. facevedo@ufro.cl

Se determinó el potencial del hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor*, aislado del bosque del sur de Chile, para degradar una mezcla de cinco Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos (PAH) de 3, 4 y 5 anillos, en un suelo cambisol estéril y no estéril.

En suelo estéril, *Anthracophyllum discolor* fue capaz de degradar fenantreno (37%), antraceno (65%), fluoranteno (38%), pireno (47%) y benzo*(a)*pireno (66%), al cabo de 60 días. La degradación de antraceno fue confirmada por la producción de antraquinona y ácido ftálico. Los metabolitos de degradación de fluoranteno detectados fueron 4-hidroxi-9-fluorenona y 9-fluorenona y para pireno fue 4,5-dihidropireno. No se detectaron quinonas producto de la degradación de benzo(a)pireno y fenantreno. Sin embargo, *A. discolor* fue capaz de mineralizar un 9% de fenantreno. Ensayos enzimáticos indicaron que la enzima ligninolítica manganeso peroxidasa (MnP) tendría una participación importante en el proceso de degradación.

En suelo no estéril, el crecimiento de *A. discolor* y la eficiencia de degradación de PAH se vieron afectados, sugiriendo un efecto competitivo de *A. discolor* con la flora nativa del suelo.

Estos resultados experimentales sugieren la posibilidad del uso de *A. discolor* como un agente biodegradador de PAH en un suelo contaminado, sin embargo futuros trabajos deberán orientarse al estudio de la comunidad microbiana de este suelo frente a la bioaumentación del suelo por *A. discolor*.

Financiamiento. Trabajo financiado parcialmente por el proyecto FONDECYT N° 1050614, la beca de apoyo de tesis n° 24080012 CONICYT, Chile y el Departamento de Microbiología de la Universidad Sueca de Ciencias Agrícolas, Suecia.

CL-18

Construcción de una quimera entre PorA y un antígeno de *H. pylori* como prototipo antigénico de vacuna oral. (Construction of a chimera between an H. pylori antigenand the outer membrane PorA as an oral vaccine antigen prototype)

Mosqueira M[1], Melo F[1], Henriquez C[1], Venegas A[1]
[1]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. mamosque@uc.cl

Los epitelios responden inicialmente frente a patógenos mediante una respuesta inmune innata, que reconoce "patrones moleculares asociados a patógenos" (PAMPs) que luego se gatilla la respuesta inmune adquirida. Se ha observado que proteínas de membrana externa, LPS, flagelina y otros elementos estructurales de Gram negativos funcionan como PAMPs, mostrando inmunogenicidad en ausencia de adyuvantes, como las toxinas CT y LT y alúmina ($AlOH_3$), los que se han requerido para mejorar la respuesta inmune de sustancias poco inmunogénicas, como péptidos pequeños y polisacáridos capsulares. En contraste, algunos PAMPs de *Helicobacter pylori* (LPS, flagelina) no son reconocidos como tales por el sistema inmune, por lo cual se diseñó una fusión traduccional usando la porina PorA de *N. meningitidis* como PAMP y un antígeno de *H.pylori* con la finalidad de estimular una respuesta protectora contra *H. pylori*. Esta fusión se clonó en el vector shuttle pSEC, inducible por nisina, para su expresión en *L. lactis* NZ9000. La ventaja de utilizar un microorganismo probiótico como portador de antígenos es que no es dañino al ser humano y además posee la capacidad de modular el sistema inmune innato intestinal, pudiendo ser utilizado en la producción de una vacuna oral viva. Así, se ha fusionado PorA y HpaA en el vector pSEC y se ha logrado expresar esta fusión en el probiótico NZ9000, siendo detectable mediante Western blot. En un estudio preliminar, se ha observado que esta fusión es capaz de activar células dendríticas lo que sugiere que funcionaría como un buen adyuvante-antígeno.

Financiamiento: FONDECYT #1085232.

CL-19

Análisis de proteómica y metabolómica en la levadura *Xanthophyllomyces dendrorhous* en diferentes fuentes de carbono. (Proteomic and Metabolomic analysis of the yeast *Xanthophyllomyces dendrorhous* grown with different carbon sources).

Martínez CP[1]., M. Baeza[1] y V. Cifuentes[1].
[1]Centro de Biotecnología y Departamento de Cs. Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
pilarmmm@gmail.com

La levadura *Xanthophyllomyces dendrorhous* se considera una alternativa promisoria para la producción natural de astaxantina. En el proceso de optimización de las condiciones de crecimiento y de la producción de pigmentos de la levadura, la fuente de carbono es un parámetro determinante.
En este trabajo, empleando técnicas de proteómica y metabolómica se realizó el análisis del patrón de proteínas solubles y el perfil de metabolitos producidos por la cepa UCD 67-385 crecida en medio mínimo suplementado con glucosa o succinato como fuente de carbono.
Alrededor de 500 spots fueron visualizados en los geles bidimensionales (2D), se identificaron cerca de 130 proteínas no redundantes empleando MALDI-TOF MS, con las cuales se construyó el primer mapa de referencia de geles 2D para la levadura. Aproximadamente el 60% de las proteínas identificadas están relacionadas con procesos metabólicos como glicólisis, TCA y síntesis de aminoácidos. Adicionalmente, se identificaron enzimas de la vía de mevalonato y de carotenogénesis. Además, fueron identificados 109 metabolitos mediante GC-MS, lo que permitiría estudiar cómo el cambio en el patrón de proteínas puede influir en diversos procesos biológicos de la levadura. Empleando este análisis combinado, ha sido posible obtener evidencia que permitiría correlacionar la influencia de fuentes de carbono fermentable y no fermentable en las vías metabólicas relacionadas con la síntesis de astaxantina e identificar puntos clave de su regulación.

Financiamiento. Beca DAAD, INNOVA-CORFO 07CN13PZR-17.

CL-20

Citoesqueleto bacteriano: polaridad estructural de la tubulina bacteriana de *PROSTHECOBACTER DEJONGEII*. (Bacterial Cytoskeleton: Structural polarity of the bacterial tubulin of *Prosthecobacter dejongeii*).

Díaz Celis, C.D.[1,2], Hurtado, F. [2], y Monasterio, O. [2]
[1]Programa de Doctorado en Microbiología, Universidad de Santiago de Chile. [2]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
anandamida@gmail.com

El *phylum Verrucomicrobia* es un *phylum* divergente dentro del dominio de las bacterias, que incluye miembros de comunidades microbianas de suelos y agua dulce y salada. Al menos un género, *Prosthecobacter*, incluye especies con genes homólogos a la tubulina eucarionte (*btubA* y *btubB*). Se postula que *Prosthecobacter dejongeii* adquirió BtubA/B por transferencia genética horizontal desde un eucarionte primitivo y que participaría en la forma celular alargada de las bacterias que la poseen. En este trabajo se caracterizó la polimerización *in vitro* de BtubA/B. Se observó que los filamentos de BtubA/B son helicoidales y de doble hebra y que al igual que los microtúbulos eucariontes, presentan extremos de rápido y lento crecimiento, lo que les confiere polaridad estructural. Además, se observó que los filamentos de BtubA/B tienden a interactuar entre si para formar manojos de filamentos, los que se reordenan continuamente con un mecanismo de "treadmilling" que usa la energía de hidrólisis del GTP. Estas propiedades de los filamentos, propias de proteínas del citoesqueleto, tendrían una directa relación con la forma alargada de la bacteria.

Financiamiento: FONDECYT 1095121; Conicyt; Mecesup.

POSTERS

P-001

Predicción computacional y validación Experimental de RNA regulatorios pequeños en la Bacteria acidofílica *Acidithiobacillus ferrooxidans*.
(Computational prediction and experimentalvalidation of small regulatory RNAs (srRNAs) in the acidophilic bacterium *Acidithiobacillus ferrooxidans*)

Shmaryahu A. and Holmes D.S.
Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida y Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. amir.shmaryahu@gmail.com

Small regulatory RNAs (srRNAs) are responsible for a significant proportion of the control of gene expression in both prokaryotes and eukaryotes. Unlike the more familiar regulation by proteins that takes place typically at the transcriptional level, control by srRNAs mainly occurs post-transcriptionally. Although more than one hundred srRNAs have been identified in various microorganisms, few have been functionally characterized. Those that have been characterized indicate that they act primarily in the regulation of stress and metabolism. srRNAs typically modulate the expression of many genes, usually acting in trans by pairing with the respective target mRNAs in a partially complementary fashion. The computational discovery of srRNAs is particularly challenging because they do not encode proteins, so bioinformatic tools such as ORF identification, codon usage and Hidden Markov Model searches based on conserved protein motifs cannot be used. In addition, srRNAs can be poorly conserved at the nucleotide sequence level and only some exhibit conserved secondary structure. We have developed a bioinformatic pipeline for srRNA gene discovery in *A. ferrooxidans* based upon: a focus within predicted intergenic regions; comparison of conservation with other Acidithiobacilli and other microrganisms; and association with potential transcription initiation and termination signals. The mutual incorporation of the different criteria resulted in the prediction of a total of 30 putative sRNA genes, of which the transcription of 11 have been experimentally validated. This information is being used to build models of srRNA-based gene regulatory pathways in *A. ferrooxidans* that will be extended in the future to other Acidithiobacilli.

Financiamiento. Fondecyt 1090451, DI-UNAB 25-04, Conicyt Basal CCTE PFB16 y Microsoft Sponsored Research Award.

P002

Reconstrucción bioinformática de la cadena de transporte de electrones en *Listeria monocytogenes*
(Bioinformatic reconstruction of the respiratory chain of *Listeria monocytogenes*)

Askenasy, I., Wilkens, M.
Laboratorio de Microbiología Básica y Aplicada. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile. marcela.wilkens@usach.cl

Listeria monocytogenes es un patógeno aerobio facultativo que produce listeriosis, mediado por la supervivencia intracelular y posterior diseminación. A pesar que su genoma está secuenciado, poco se sabe sobre los complejos presentes en su cadena respiratoria. En este trabajo se realizó una reconstrucción bioinformática de la cadena respiratoria de *L. monocytogenes* y se determinó la actividad de sus componentes.

La búsqueda de los diferentes complejos de la cadena respiratoria de *L. monocytogenes* se realizó en la base de datos NCBI usando la secuencia del genoma completo, y mediante p-Blast con las secuencias proteicas conservadas conocidas de otras bacterias, además de un análisis del contexto genómico de cada uno. Por otra parte, se evaluaron las actividades en extractos de membranas para los complejos I, III y VI de la cadena respiratoria. La reconstrucción bioinformática mostró que la cadena respiratoria de *L. monocytogenes* sólo codifica para la enzima NADH deshidrogenasa tipo II (complejo I), pero no presenta las de tipo I ó III. Posee las oxidasas terminales bd y bo_3 (complejo IV), pero no oxidasas alternativas. A pesar que la actividad citocromo c reductasa (complejo III) fue medida experimentalmente, no se encontró su secuencia en el genoma. Asimismo, los genes para la enzima succinato deshidrogenasa (complejo II), responsable de conectar el ciclo de Krebs con la respiración celular, no fueron encontrados.

Esta cadena respiratoria sería más simple que otras descritas para bacterias aeróbicas, lo que otorgaría una menor eficiencia energética a *Listeria*, pero podría ser compensado con la vida intracelular.

Financiamiento: Proyecto DICYT - USACH

P003

Análisis bioinformático y funcional de transportadores asociados a vías catabólicas de gentisato y p-cumato en *Burkholderia xenovorans* LB400.

(Bioinformatic and functional analysis of transport proteins associated to gentisate and p-cumate catabolic pathways in *Burkholderia xenovorans* LB400).

Romero, M.J., Agulló, L., Seeger, M.
Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental,Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María. coteromerosilva@gmail.com

Burkholderia xenovorans LB400 presenta en su genoma diversas vías catabólicas de compuestos aromáticos, veintitrés transportadores de ácidos aromáticos y cien transportadores MFS[1]. La abundancia de transportadores, sugiere una relación entre la diversidad catabólica y la capacidad de transporte. En la cepa LB400, existen vías centrales que presentan en su vecindario genes codificantes para transportadores. Este trabajo busca dilucidar la funcionalidad de las proteínas transportadoras asociadas a las vías del gentisato (BxeA2625) y p-cumato (BxeA3558). El análisis *in silico* reveló que el transportador asociado a BxeA2625 es diferente a los descritos en los géneros *Ralstonia*, *Acidovorax* y *Burkholderia*, mientras que el transportador codificado por BxeA3558 presenta una alta identidad con la familia OMPP1/FadL/TodX. El modelamiento tridimensional reveló que el transportador codificado por el gen BxeA2625 es del tipo MFS, mientras que BxeA3558 codifica una proteina tipo FadL. Estudios de crecimiento muestran que la cepa LB400 utiliza gentisato, p-cimeno, 3-hidroxibenzoato y 4-hidroxibenzoato como única fuente de carbono. Durante el crecimiento en estos compuestos aromáticos se observaron cambios en el patrón de proteínas totales de la cepa LB400. El gen BxeA2625 se expresó al crecer la cepa LB400 en glucosa, gentisato y 4-hidroxibenzoato, por su parte el gen BxeA3558 se expresó durante el crecimiento en glucosa, p-cimeno y succinato. Estudios futuros permitirán dilucidar los mecanismos de transporte de estas proteínas transportadoras.

Agradecimientos a proyectos FONDECYT 1070507 y 7090079, y USM 130836 y 130948.

Ref: (1) Chain, P., Denef, V., Konstantinidis, K., Vergez, L., Agulló, A., Latorre Reyes, V., Hauser, L., Córdova, M., Gómez, L., González, M., et al., 2006. PNAS 103: 15280-15287

P004

AlterORF: base de datos para descubrimiento de genes y depuración de genomas de microorganismos. (AlterORF: database for microbial gene discovery and genome depuration.

Ossandon FJ, Sepulveda R, and Holmes DS.
Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida and
Depto. de Ciencias Biologicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. fossandon@vtr.net

The origin of new genes by gene duplication followed by divergence is widely accepted as a major driving force in gene and genome evolution. However, we wished to explore the possibility that new genes could also arise by the capture of alternate open reading frames (ORFs) embedded in existing genes. For this purpose, we created the AlterORF database (http://www.alterorf.cl), consisting of a searchable repository of all six potential ORFs ($\geq$ 210 nucleotides without a stop codon) of all annotated genes from over 900 completely sequenced microbial genomes, summing to about 10 million ORFs. Searching the database has revealed examples of new genes and new protein domains that we suggest are derived from alternate ORFs and examples will be provided. In addition, thousands of cases of mis-annotation of genes were encountered, seriously compromising genome annotation and exacerbating the so-called "orphan gene" problem. This is especially true of high G+C (>65% G+C) genomes for reasons that we think we understand. Thus, the AlterORF database has becomes a valuable resource not only for new gene discovery but also for depuration of bad genome annotation.

Financiamiento. Fondecyt 1090451, Conicyt Basal CCTE PFB16, and a Microsoft Sponsored Research Award.

P-005

Base de Datos de Genes sin Intrones. (Intronless Gene Database)

Jorquera-Cifuentes R.[1,3], Ortiz R.[1,3], Wilson C.[2,3], Ossandon F.J.[3,5], Cárdenas J.P.[3], Holmes D.S.[3,4,5]
[1] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.[2] Facultad de Ciencias Quimicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile.[3] Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida, Santiago, Chile.[4] MIFAB
[5] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. Jcroddy1@gmail.com

Eukaryotic genes are usually interrupted by introns. However, an increasing number of intronless genes (InGs) are being discovered. Although some of these are pseudogenes and are probably not functional, many have been demonstrated to be expressed, raising questions as to their origin, evolution and function. In order to address these questions on a massive comparative genome scale, we constructed a publicly available, searchable database of 48 sequenced eukaryotic genomes including 23 eukaryotic microorganisms (6 protists and 17 fungi). Genes were parsed into InGs and intron-containing genes using an in-house Perl script. InGs were classified into orthologs and paralogs using OrthoMCL and by predicted function using KOG. This presentation describes the occurrence, properties and genomic distribution of 80,777 InGs out of a total of 143,867 predicted genes from 23 eukaryotic microorganisms. For example, of the 5546 predicted InGs in yeast, 851 (15.3%) are present in two or more copies per genome and 649 (11.7%) do not have orthologs in other species suggesting that they may have arisen from recent genetic events. The creation of the InG database provides an opportunity to address questions relating to the origin, evolution and function of such genes. It will provide useful information for the "introns early" versus "introns late" debate. It could reveal functional categories enriched in InGs, requiring a biological explanation, and it could serve as a useful tool to improve genome annotation by comparative genome analysis.

Financiamiento. Fondecyt 1090451, DI-UNAB 34-06, Conicyt Basal CCTE PFB16 and a Microsoft Sponsored Research Award.

P-006

DPAE: Una base de datos de proteínas en ambientes acídicos (DPAE). (A database of proteins from acidophilic environments (DPAE)

Duarte F, Sepúlveda R, Holmes D S
Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida and Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. Fra.duarte@gmail.com

Proteins outside the membrane of acidophilic bacteria must function at extremely acidic pHs (pH1-2). Proteins embedded in the membrane will also have loops exposed to acid pH. A particularly challenging problem is how these proteins fold, make protein-protein contact and function at extremely acidic pHs. Another question is how membrane transporters function when confronted by a ΔpH of 6 orders of magnitude across the periplasmic membrane (pH 6.5 inside to pH1 outside), including those using proton motif force to drive uptake or discharge of ions. Whereas an enormous amount of information has been generated regarding the biochemical and biophysical bases of protein function at extreme temperatures, virtually nothing is known about the physicochemical determinants of acidic proteins.

In order to address this problem, we have created a searchable relational database (DPAE) with over 170,000 proteins derived from acidophilic, neutrophilic, alkaliphilic and halophilic microorganism. Protein sequences are linked to information about organism habitat, cellular location, predicted function, orthologs and multiple physicochemical parameters. The creation of DPAE opens up new opportunities for revealing fundamental properties of the structure and functions of proteins in acidophilic and other environments and could contribute to the discovery of proteins with potential biotechnological applications.

Financiamiento: Fondecyt 1090451, DI-UNAB 34-06, Conicyt Basal CCTE PFB16 and a Microsoft Sponsored Research Award.

P-007

Actividad ATPasica y polimerización de FtsA de Escherichia coli (ATPasic activity and polimerization of FtsA from Escherichia coli)

David Weinstein[1], Daniel Maturana[1], Rosalba Lagos[1] y Octavio Monasterio[1]
[1]Laboratorio de Biología Estructural y Molecular. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias. Universidad de Chile. dmaturana@dim.uchile.cl

El divisoma bacteriano es un complejo multiproteico compuesto por aproximadamente 15 proteínas en Escherichia coli, que se localizan en el punto de división celular. Este complejo permite la separación de las células hijas y la segregación del cromosoma bacteriano. El primer componente en reclutarse es FtsZ, una GTPasa considerada homologo procarionte a la tubulina, generando un anillo al cual se le unen FtsA y ZipA para formar el protoanillo, el cual recluta el resto de las proteínas del divisoma. Mediante técnicas bioquímicas se estudió la polimerización y actividad enzimatica de FtsA. La polimerización se estudio mediante dispersión de luz a 350 nm. Se determinó que una alta concentración de proteína y pH ácido favorecen la polimerización, y esta es inhibida por sacarosa, fuerza ionica y pH alcalino. El ATP favorece la polimerización a baja concentración de proteína sugiriendo un efecto sobre el estado de agregación de la proteína cuando esta se encuentra como monómero u oligomero y no cuando está formando polímeros. Estudios de entrecruzamiento químico indican que la hélice C-terminal de FtsA está involucrada en la polimerización, pero esta no es esencial. Estudios de anisotropía de FtsA determinaron que FtsZ se une con una constante del orden micromolar y que la interacción se ve favorecida cuando FtsA está formando polímeros. Se determinó que FtsA posee actividad ATPásica y que la unión de FtsZ inhibe esta actividad. Todo nos indica que la polimerización de FtsA favorece la interacción con FtsZ y esto favorecería la formación de un anillo Z funcional.

Financiamiento. FONDECYT 1095121

P-008

El regulador transcripcional Fur de *Acidithiobacillus ferrooxidans* une un centro [4Fe-4S]. (*Acidithiobacillus ferrooxidans* transcriptional repressor Fur binds a [4Fe-4S] cluster)

[1]**Acuña, L.**, [1]Lefimil, C., [2]Alamos, P., [3]Bruno Guigliarelli, [1,4]Holmes, D. S. y [2]Jedlicki, E.
[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello; [2]ICBM, Universidad de Chile, Santiago, Chile; [3] CNRS, Marsella, Francia and [4]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida y MIFAB, Santiago, Chile. Lillian.gabriela@gmail.com

Acidithiobacillus ferrooxidans is an acidophilic (pH 2), chemolithoautitrophic, γ-proteobacteria that gains energy by the oxidation of ferrous iron (Fe(II)) and reduced sulfur compounds. Its habitat can contain up to 10^{16} times more soluble Fe(II) than is found in neutrophilic environments, potentially posing severe oxidative stress on the microorganism and challenging its mechanisms for iron uptake and homeostasis. In addition, *A. ferrooxidans* is unusual in that it must balance the need for Fe as a micronutient versus as an energy source. These peculiarities make it particularly interesting to study the structure and function of Fur, the master iron transcriptional regulator, in *A. ferrooxidans.* Previous bioinformatic and experimental studies have shown that Fur_{AF} binds DNA sequences upstream of a number of gene clusters involved in iron uptake, iron homeostasis and oxidative stress. Many of these gene targets are similar to those found in other bacteria. However, preliminary evidence from biochemical studies and UV spectroscopic and EPR (electron paramagnetic resonance) experiments suggests that Fur_{AF} is unique in that it is associated with a FeS center, most likely a [4Fe-4S] center. We speculate, as a working model, that the FeS center could be involved in measuring intracellular Fe and/or oxidative stress, affecting the regulation of selected target gene clusters perhaps by altering the affinity of Fur_{AF} for its DNA binding sites.

Financiamiento. FONDECYT 1090451

P-009

Determinación de la topología de MceB, la proteína que confiere inmunidad a la microcina E492. (Determination of the topology of MceB, the protein that confers immunity to microcina E492)

González, B., Monasterio, O., Lagos, R. Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Universidad de Chile. beaskywalker@hotmail.com

La microcina E492 es una bacteriocina que actúa sobre cepas de la familia *Enterobacteriacea* a través de la formación de canales iónicos que despolarizan a la célula. La proteína MceB es una proteína integral de membrana que confiere inmunidad a esta microcina. No se conoce aún su topología en la membrana citoplasmática, pero perfiles de hidropatía indican que tendría tres regiones transmembrana, con el extremo N-terminal en el periplasma y su C-terminal en el citoplasma. Tampoco se conoce su mecanismo de acción, pero se cree que las hélices transmembrana tienen distinta importancia en la función protectora.

Para estudiar la topología de esta proteína, se realizaron fusiones entre las hélices transmembrana y β–galactosidasa, y se estudió además la contribución a la actividad protectora de cada hélice. Los resultados obtenidos permiten afirmar que el extremo carboxilo terminal de esta proteína se encuentra hacia el citoplasma de la célula, de igual forma que el primer loop hidrofílico. Este resultado concuerda con los modelos obtenidos a partir de perfiles de hidropatía. En lo que se refiere a la protección entregada por las distintas hélices frente a la microcina E492, se observó que la fusión de la proteína completa con β–galactosidasa es resistente, mientras que la fusión de la primera hélice con β–galactosidasa es totalmente sensible a su acción. Por lo tanto, la primera hélice transmembrana no es suficiente para entregar protección frente a esta bacteriocina.

Financiamiento. Fondecyt 1061128

P-010

Papel del dominio de dimerización en la unión de hemo y la actividad de la glutamil-tRNA reductasa de *Acidithiobacillus ferrooxidans*. (Role of dimerization domain of glutamyl-tRNA reductase in the enzymatic activity and heme binding.)

de Armas, M.[1], Katz, A.[1], Levicán, G.[2], Moser, J.[3], Jahn. D.[3] and **Orellana, O.**[1]

[1]Programa de Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile[2]. Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago, Chile. [3] Institut für Mikrobiologie, Technische Universität zu Braunschweig, Braunschweig, Germany. omarore@yahoo.com

En todos los organismos vivos los tetrapirroles se sintetizan a partir de un precursor universal, el ácido δ-aminolevulínico (ALA). En la mayoría de las bacterias, este metabolito se produce a partir del glutamil-tRNA, que se transforma en ALA por la acción de la glutamil-tRNA reductasa (GluTR) y la glutamato semiladehído aminotransferasa. Se considera que la GluTR es la primera enzima y un punto de regulación de la vía. En *Acidithibacillus ferrooxidans*, una bacteria cuyo contenido de hemo varía según las condiciones de cultivo, se ha descrito que los niveles de la GluTR disminuyen al aumentar el contenido de hemo. El objetivo de este trabajo es estudiar el efecto del hemo sobre las propiedades catalíticas y moleculares de la GluTR de *A. ferrooxidans*. En *E. coli* la sobreexpresión de esta enzima produce colonias rojas. Al aislar la GluTR de esta fuente se obtiene una proteína dimérica y soluble que une hemo *b*. La unión de hemo a la GluTR ocurre en función de los niveles intracelulares del cofactor y no afecta el estado de oligomerización de la proteína, sin embargo, disminuye la actividad enzimática. Adicionalmente el análisis de mutantes que carecen del dominio de dimerización, indica que esta región es relevante para la unión de hemo y para la actividad enzimática. Estos resultados sugieren que la dimerización de la GluTR es necesaria para la actividad enzimática, favorece la unión de hemo y puede estar involucrada en la regulación de la función enzimática.

Financiamiento: Fondecyt 1070437.

P-011

Posible regulación de la síntesis de hemo por el estado redox de una Glutamil-tRNA Sintetasa en *Acidithiobacillus ferrooxidans*. (Possible regulation of haem synthesis through the redox state of a Glutamyl-tRNA synthetase of *Acidithiobacillus ferrooxidans*.)

Assaf Katz[1], Rajat Banerjee[2], Michael Ibba [2], Omar Orellana[1]
[1]Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
[2]Department of Microbiology, Ohio State Biochemistry Program and Ohio State RNA Group, Ohio State University.
assaf_katz@yahoo.com

El hemo es cofactor de diversas proteínas, pero también cataliza la producción de radicales libres, por lo que su síntesis debe ser estrictamente regulada. En todos los seres vivos este cofactor se sintetiza a partir del ácido delta aminolevulínico (ALA). La mayoría de las bacterias, incluida *A. ferrooxidans*, sintetizan el ALA desde glutamato por una vía de tres etapas catalizadas por la Glutamil-tRNA sintetasa (GluRS), Glutamil-tRNA reductasa y Glutamato semialdehido aminotransferasa. La regulación de la síntesis del ALA es relevante en la modulación de los niveles de hemo. En *A. ferrooxdians* la GluRS1, una de las dos GluRS existentes en esta bacteria, forma el Glu-tRNA^{Glu} para la síntesis del ALA y de proteínas. En este reporte mostramos que *in vitro* esta enzima se inactiva mediante oxidación por H_2O_2. La presencia de hemina (forma oxidada del hemo) hace a la GluRS1 más susceptible de oxidación por H_2O_2. Estudios estructurales y funcionales indican que el blanco de la oxidación son cisteínas que forman parte de un centro de unión a Zn^{+2} en el dominio catalítico de la enzima. Este ion se libera por la oxidación de las cisteínas, pero este proceso es más lento que la pérdida de actividad, indicando que la inactivación enzimática se debe a la oxidación de las cisteínas y no a la pérdida del Zn^{+2}. Este estudio sugiere que un aumento de los niveles de hemo y de especies reactivas de oxígeno podría inactivar a la GluRS1 regulando la vía.

Financiamiento. Fondecyt 1070437

P-012

Estudio de la transcripción global de un mutante de *Escherichia coli* deficiente en el metabolismo de los polifosfatos inorgánicos. (Transcriptome analysis of *Escherichia coli* mutant deficient in polyphosphate metabolism)

Mauriaca C.[1], Vergara A.[2], Jerez C.A.[1], Chávez F.P.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias e Instituto de Dinámica Celular y Biotecnología (ICDB), Universidad de Chile [2] Centro de Biotecnología Vegetal, Universidad Andrés Bello.
cmauriaca@gmail.com

Los polifosfatos (poliP) son biopolímeros lineares que se han encontrado en todos los seres vivos y en *Escherichia coli* son sintetizados por la enzima polifosfato quinasa (PPK1), mientras que son degradados por la exopolifosfatasa (PPX). Tanto la eliminación del gen *ppk1* como la sobreexpresión del gen *ppx* generan una carencia de los poliP celulares. Esta carencia en bacterias afecta funciones importantes como la motilidad, el quórum sensing, la formación de biopelículas y la virulencia, entre otras. Sin embargo, poco se conoce tanto de las causas que originan estas disfunciones como de los ajustes metabólicos que realiza la célula para sobrevivir dicha carencia. Con el objetivo de dilucidar esta respuesta, primeramente realizamos un mutante por deleción del gen *ppk1* de *E. coli* y mediante la técnica de los microarreglos de DNA, comparamos la expresión de los 4608 genes del transcriptoma con respecto a la cepa silvestre. Encontramos un total de 79 genes cuya expresión disminuyó durante la carencia de poliP y por el contrario, otros 91 genes aumentaron significativamente su expresión. Las categorías de ontología (GO) más representadas entre los genes que aumentaron su expresión fueron el Ciclo de Krebs (GO6099) y la respiración oxidativa (GO6119) indicando que durante la carencia de los poliP las bacterias aumentan el flujo del metabolismo energético. Por su parte, la única categoría destacada en los genes que disminuyeron su expresión fue la del componente celular flagelar (GO42995), lo que pudiera explicar la ausencia de motilidad reportada en numerosas bacterias. Esto concuerda con los resultados obtenidos previamente mediante proteómica diferencial en el género *Pseudomonas*.

Chávez, F.P., Mauriaca, C. and Jerez, C.A. (2009) BMC Research Notes 2: 50.

Financiamiento: Fondecyt 11070180 y 1070986 e ICM P-05-001-9F.

P-013

Identificación de proteínas de membrana que participen en la resistencia a cobre en *Acidithiobacillus ferrooxidans*. (Identification of membrane proteins involved in copper resistance in *Acidithiobacillus ferrooxidans*)

Almarcégui A[1]., Jerez CA [1].
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias e Instituto de Dinámica Celular y Biotecnología (IDCB), Universidad de Chile. almarcegui@live.cl

Acidithiobacillus ferrooxidans es una bacteria Gram-negativa, acidófila y quimiolitotrófica de gran importancia industrial debido a su participación en la recuperación de metales como cobre, oro y uranio mediante biominería. *A. ferrooxidans* es capaz de resistir altas concentraciones de cobre y otros metales, característica fundamental para sobrevivir a las condiciones de la biolixiviación de minerales, donde las altas concentraciones de cobre disuelto son muy tóxicas para la mayoría de las formas de vida existentes, principalmente por la generación de especies reactivas de oxígeno. Esta tolerancia a metales sugiere que esta bacteria presentaría eficientes mecanismos de resistencia al cobre. Sin embargo, estos mecanismos son escasamente conocidos. Para identificar los determinantes de resistencia a cobre que posee *A. ferrooxidans* se evaluó la expresión de proteínas de membrana en presencia y ausencia de cobre mediante análisis proteómico por electroforesis bidimensional. A través de esta estrategia se identificó la sobreexpresión de novedosas proteínas de membrana que forman parte de sistemas de eflujo del tipo RND, lo que sugiere un eflujo dinámico de cobre a través de las membranas. Además se identificó la sobreexpresión de la proteína superóxido dismutasa y de una proteína disulfuro isomerasa putativa similar a DsbG, sugiriendo que mecanismos antioxidantes y de reparación del daño generado por la presencia cobre también estarían involucrados en la resistencia. Estos resultados señalan por lo tanto que para resistir altas concentraciones de cobre, *A. ferrooxidans* presentaría un amplio repertorio de estrategias.

Financiamiento. Proyecto FONDECYT 1070986, ICM P-05-001-9F y Beca de Apoyo de Tesis Doctoral CONICYT AT24090138.

P-014

"Interacción telurito-bacteria, proyecciones biotecnológicas en biosíntesis de nanopartículas y potenciación de antibióticos" (Tellurite-bacteria interaction: biotechnological projections in bacterial nanoparticle biosynthesis and in antibiotic effect reinforcement").

Pérez J.M., Molina R.C., Monrás J.P., Sabotier M., Osorio-Román I. y Vásquez C.C.
Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. Jose.perez@usach.cl

En los últimos años, el interés en el oxianión telurito (TeO_3^{+2}) ha crecido producto de un aumento de su liberación al ambiente, su aplicación en discos ópticos magnéticos y celdas solares. K_2TeO_3 es tóxico para microorganismos a concentraciones nM-μM. El interés de nuestro grupo se ha centrado en el estudio de los mecanismos moleculares involucrados en la toxicidad de K_2TeO_3 en bacterias, lo que nos permitió determinar que parte importante de su toxicidad es debida a la generación de estrés oxidativo.

Nanopartículas de Teluro: Los compuestos nanoestructurados de teluro tienen variadas aplicaciones en nanotecnología. En particular, CdTe funciona como semiconductor y es capaz de formar quantum dots (QDs). A la fecha no ha sido comunicada la producción de NPs de CdTe utilizando microorganismos. Experimentos realizados con una cepa de *Aeromonas caviae* nos permitieron determinar la biosíntesis de NPs de CdTe con características espectroscópicas similares a las descritas en NPs sintetizadas químicamente. Experimentos en relación al efecto antimicrobiano, estabilidad de emisión y potencial uso como biosensores mediante la unión de NPs a proteínas de interés (anticuerpos) están siendo desarrollados.

Telurito y antibióticos: Hemos determinado que concentraciones subletales de K_2TeO_3 aumentan la sensibilidad bacteriana a cefotaxima (efecto sinérgico). Estudios en mutantes en genes de resistencia a ROS y sondas fluorescentes, sugieren que el efecto de telurito no sería consecuencia de estrés oxidativo. Debido a la alta toxicidad de telurito para bacterias y no para células eucariontes, el estudio del mecanismo de acción telurito-cefotaxima podría favorecer el desarrollo de nuevos tratamientos bactericidas.

Financiamiento: Fondecyt 3100049 e IFS 4733-1 a Pérez J.M. y Fondecyt 1090097 a Vásquez C.

P-015

Optimización de la relación C:N para la producción de enzimas ligninolíticas en el hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor*.
(Optimization of C:N for the production of ligninolytic enzymes by the white-rot fungi *Anthracophyllum discolor.)*

Bustamante M.[1], González M.E.[1], Diez M.C[2].
[1] Programa de Doctorado en Cs. de Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco
[2] Departamento de Ingeniería Química, Centro de Biotecnología Ambiental, Universidad de La Frontera, Temuco. ybustamante@ufro.cl

El interés por estudiar y aplicar hongos de pudrición blanca en procesos de biorremediación se basa en la capacidad de degradar un amplio rango de sustancias persistentes y/o tóxicas. Estudios previos han demostrado la capacidad degradativa de *Anthracophyllum discolor*, cepa nativa aislada desde bosques templados del Sur de Chile, que presenta una elevada actividad ligninolítica, con producción de manganeso peroxidasa (MnP), y un potencial degradador de clorofenoles y colorantes artificiales. En este contexto, el objetivo de este estudio fue determinar la relación C:N que optimice la actividad ligninolítica de *A. dsicolor*.
El estudio se realizó en seis relaciones C:N, entre 50 y 1000, utilizando como fuente de carbono glucosa y como fuente de nitrógeno tartrato de amonio. Los ensayos fueron realizados en medio Kirk modificado a pH 5,5 y 26°C. La actividad enzimática del fluido extracelular fue evaluada diariamente durante 23 días. La actividad lacasa (Lac), lignina peroxidasa (LiP) no superaron las 20 UL^{-1} para las distintas relaciones C:N evaluadas, mientras que manganeso independiente peroxidasa (MiP) presentó un máximo a la relación C:N 100 con 54,05 UL^{-1} ± 2,84 UL^{-1}. Por otro lado, la mayor actividad de MnP fue de 73,19 UL^{-1} ± 5,07 UL^{-1} a la relación C:N 250. Los procesos de biorremediación requieren que la actividad ligninolítica se mantenga durante el proceso de degradación. En este sentido, la mayor actividad acumulada para MnP fue 718,83 UL^{-1} ± 10,43 UL^{-1} cuando la relación C:N fue 250, siendo ésta significativamente diferente respecto de las otras condiciones evaluadas.
Financiamiento. Fondecyt 1090678

P-016

Potencial de enzimas ligninoliticas de pellets simples y complejos de *Anthracophyllum discolor*.
(Ligninolytic enzyme potential of simple and complex pellets of *Anthracophyllum discolor.*)

Elgueta S. [1], Bustamante M[2]. Rubilar O. [3], Diez M.C. [3]
[1] International Doctorate in "Enviromental Resource Science" Universidad de La Frontera, Chile-Universidad de Napoles Federico II, Italia.
[2] Programa de Doctorado en Cs. de Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco
[3] Centro de Biotecnología Ambiental, Scientifical and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera, Temuco. sebaelgueta@gmail.com

Se determinó el potencial ligninolítico de pellets del hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor*. Se elaboró pellets simples y complejos, estos últimos en base a un bioadsorbente y un residuo lignocelulósico (aserrín). La actividad enzimática de lacasa (Lac) y peroxidasas fue medida cualitativamente en medio sólido y cuantitativamente en medio líquido a 25°C por un período de 25 días.
Para los ensayos cualitativos en placa se utilizaron mediadores enzimáticos ABTS y Poly R-478, y la producción de Lac fue observada por la formación de un halo de color verde oscuro, que indica la oxidación de ABTS en presencia de la enzima. La producción de peroxidasas se observó a través de la decoloración de Poly R-478, que cambia de color púrpura a amarillo. La tasa de coloración y decoloración fue medida diariamente desde el centro de la placa hacia la periferia al igual que el desarrollo del micelio.
Los ensayos cuantitativos se desarrollaron en medio Kirk modificado y se evaluó la actividad enzimática de lignina peroxidasa (LiP), Lac, manganeso peroxidasa (MnP) y manganeso independiente de peroxidasa (MiP) para ambos pellets.
Bajo las condiciones evaluadas *A. discolor* fue capaz de producir en pellets simples MnP (28,5 UL^{-1}) y MiP (40 UL^{-1}). Por otro lado, *A. discolor* presento mayor actividad LiP (60,9 UL^{-1}) en pellets complejos. La producción de Lac en ambos pellets simple no superó las 5 UL^{-1} durante el período evaluado.
Financiamiento. FONDECYT 1090678.

P-017

Comparación de la estrategia de inoculación para la degradación microbiana de esteroles de madera.
(Comparison of inoculation strategies for the microbial degradation of wood sterols)

Olivares A.[1], Acevedo F. [1],
[1]Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

Las drogas esteroidales son compuestos de uso terapéutico y alto valor comercial. La preparación de precursores de dichos compuestos, como 4-androstene-3,17-diona (AD) y 1,4-androstadiene-3,17-diona (ADD), ha sido extensamente estudiada en las últimas décadas.
Los esteroles de madera son un sustrato nuevo, adecuado y económico, obtenido del proceso de revalorización de jabones de licor negro, residuo del proceso Kraft de pulpeo de celulosa, con pureza sobre 99%.
Se utilizaron dos cepas de *Mycobacterium* sp. donadas por DSMZ (Alemania) capaces de llevar a cabo el corte selectivo de la cadena lateral de los esteroles. Ambas cepas fueron cultivadas en un medio conteniendo (g/L): glucosa, (10); extracto levadura, (3); K_2HPO_4, (0.8); $MgSO_4x7H_2O$, (0.3); $FeSO_4x7H_2O$, (0.07), mientras que como fuente de nitrógeno se estudiaron 3 compuestos: $(NH_4)_2SO_4$, (4.0); NH_4NO_3, (2.5) y NH_4Cl, (3.3). Los cultivos fueron realizados a 30°C y 200rpm, con pH inicial 7.0 durante 4 días.
Para la biotransformación se estudiaron 2 estrategias de inoculación: i) 10mL dispersión de esteroles (86.2g/L) + 10mL caldo de cultivo y ii) 10mL dispersión de esteroles + pellet (obtenido de 10mL caldo de cultivo) + 10mL agua destilada. En ambos casos la concentración inicial de esteroles fue de 43.1g/L. Productos y sustratos cuantificados por cromatografía gaseosa previa extracción con mezcla etanol/cloroformo.
A 7 días de biotransformación la producción de AD y/o ADD, cuando se utilizó inóculo como pellet fue entre 2 a 15 veces mayor que cuando se utilizó caldo de cultivo. Y donde la mejor fuente de nitrógeno fue NH_4NO_3 para las dos cepas estudiadas.
Financiamiento. Consorcio Tecnológico Naturalis S.A. Becario Conicyt (Olivares A.)

P-018

Evaluación del efecto de Clorpirifos en la actividad biológica de una biomezcla de un lecho biológico
(Evaluation of the effect of chlorpyrifos on biological activity of the biobed biomix)

Fernández-Alberti, S.[1], Tortella G R.[2] Avendaño M[2], Diez M.C.[2]
[1]Programa de Magíster en Ciencias de la Ing. mención Biotecnología, Universidad de La Frontera, Temuco
[2]Environmental Biotechnology Center, Scientifical and Technological Bioresource Nucleus. Universidad de La Frontera, Temuco

Diversos estudios realizados, han demostrado que los lechos biológicos pueden retener y degradar pesticidas producidos por derrames accidentales. En este contexto, el objetivo de este estudio fue determinar el efecto de una elevada concentración del insecticida Clorpirifos (160 mg/kg) sobre la actividad respiratoria y enzimática de la biomezcla de los lechos biológicos.
La biomezcla consistió en paja de trigo, suelo alofánico serie Gorbea y turba (50-25-25% (v/v)) y se evaluó el efecto de 3 tiempos de pre-incubación de la biomezcla (0, 15 y 30 días) a 20 °C en oscuridad. Se evaluó periódicamente la actividad respiratoria (CO_2); actividad manganeso peroxidasa (MnP) e hidrólisis de la fluoresceína diacetato (FDA).
Los resultados obtenidos muestran que la actividad respiratoria fue superior en la biomezcla incubada a 15 y 30 días (> 450 mg CO_2/100g de suelo) respecto de la biomezcla no incubada (230 mg CO_2/100g de suelo). No se observó diferencia por la adición de clorpirifos en relación al control, en los 3 tiempos evaluados. Se observó una disminución de la actividad FDA, por la presencia de clorpirifos en la muestra no incubada, sin embargo, esta tiende a aumentar en el tiempo en la biomezcla incubadas a 15 y 30 días. La actividad MnP no se ve afectada por la presencia de clorpirifos, sin embargo, se observa una mayor actividad de ésta al tiempo 0.
Por lo tanto, se concluye que la presencia de clorpirifos en una dosis elevada no afecta mayormente la actividad biológica de la biomezcla de un lecho biológico.
Financiamiento. Trabajo financiado por los proyectos FONDECYT Nº 1090678 y 3090049.

P-019

Evidencia de actividad estrogénica y dioxin-like en sedimentos del río Biobío influenciados por descargas de efluentes de celulosa kraft, mediante Recombinant Yeast Assay (RYA) (Evidence of estrogenic and dioxin-like activity in sediments of Biobío Rivers influenced by discharge of kraft mill cellulose through Recombinant Yeast Assay (RYA)

Chamorro, S[2]., Olivares, A[1]., Hernandez[3], V., Vidal, G[2]. and Piña, B[1].
[1]Laboratorio de Biología molecular, Centro de Investigación superior (CSIC) IDAEA. España.
[2]Laboratorio de Biotecnología Ambiental, Centro EULA-CHILE. Universidad de Concepción.
[3]Laboratorio de Fitoquímica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción. E-mail: schamorr@udec.cl

Es conocido que las industrias de celulosa y papel contienen una gran variedad de compuestos orgánicos e inorgánicos y que sólo una fracción de ellos es eliminada mediante los tratamientos de depuración. En trabajos previos, se ha observado que estos efluentes pueden contener más de 300 compuestos orgánicos diferentes con una alta variedad de efectos tóxicos sobre las comunidades acuáticas. Sin embargo, existe poca información sobre la actividad biológica, específicamente estrogénica y asociada a dioxinas (dioxin-like), presente en los sedimentos cercanos a estas industrias. El objetivo de este trabajo, fue evaluar la actividad estrogénica y dioxin-like en sedimentos provenientes del río Biobío con influencia de descargas de efluentes de celulosa Kraft mediante la técnica RYA. Los resultados obtenidos en este trabajo indican que de nueve sitios de muestreo analizados (procedentes de Río Laja, Río Vergara y Río Biobío, además de zonas de referencia), sólo uno presenta actividad estrogénica. Dado que esta zona no está en contacto directo con las industrias de celulosa, aunque sí con una gran ciudad, se sugiere que la actividad estrogénica presente en ese punto se debe a las descargas municipales u otro tipo de actividades industriales. Por otro lado, se observó una débil actividad dioxin like en solo una de las muestras asociadas a efluentes de celulosa Kraft.
Financiamiento. Fondecyt 1070509 y realización Tesis Doctoral AT 24080124, Año 2

P-020

Biorremediación de metales pesados desde matrices contaminadas por una bacteria recombinante (Heavy metal bioremediation of polluted matrixes by a recombinant strain)

Rojas L.[1,2], Yáñez C.[1], González M.[1], Lobos S.[2] and Seeger M[1].
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile. [2]Laboratorio de Espectroscopía, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Chile. luisantonio.rojas@postgrado.usm.cl

Many human activities such as mineral exploitation or fossil combustion lead to heavy metal pollution of soil, sludge and water bodies. Mercury species and cadmium are very toxic for the environment. In this work we propose a bioremediation system for heavy metal removal from polluted matrixes. To obtain an efficient bacterium for heavy metal bioremediation, mercury and cadmium resistances of *Cupriavidus metallidurans* CH34 were improved by incorporation of the plasmid pTP6 harboring a complex set of *mer* genes. CH34 (pTP6) strain possesses a novel organomercurial compounds resistance.

The aim of this study was to analyze the potential of strain CH34 (pTP6) for heavy metal bioremediation. Three polluted matrixes, water, sludge and soil, were studied. The experiments were performed in a bioreactor containing 20 g of the matrix in presence of ~10^9 cells/ml. Residual heavy metals were quantified by inductively coupled plasma optical emission spectrometry (ICP-OES).

Strain CH34 (pTP6) volatilized completely Hg^{+2} (20 ppm) in water after 2 h. In sludge strain CH34 (pTP6) was able to remove Hg^{+2} (40 ppm) and $CH3Hg^{+}$ (20 ppm). Studies in soil revealed that CH34 (pTP6) strain removed more than 75% of both mercury (II) species (Hg^{+2} and $CH3Hg^{+}$) and Cd^{+2}, and 65% of Cu^{+2} after 3 days. No heavy metals removal was observed in non-inoculated matrixes. These results indicate that *Cupriavidus metallidurans* CH34 (pTP6) is an efficient microorganism for heavy metal bioremediation.

Financiamiento: P04/007-F (Mideplan), USM 130836, USM 130948 and FONDECYT 1070507.

P-021

Consumo de oxígeno durante la fermentación vínica: análisis cuantitativo y cualitativo (Oxygen consumption during wine fermentation: quantitative and qualitative analysis)

Moenne M.I.[1], Orellana M.[1], Laurie F.[2], Peréz-Correa R[1]. y Agosin E.[1]
[1]Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Pontificia Universidad Católica de Chile
[2]Centro Tecnológico de la Vid y el Vino, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca. mimoenne@ing.puc.cl

La importancia del oxígeno en la fermentación vínica es bien conocida. Favorece la viabilidad de las levaduras, asegurando la total transformación del azúcar inicial en etanol. Sin embargo, la información sobre los niveles, cinética de consumo y vías metabólicas involucradas en la utilización del oxigeno, requieren una mayor investigación para su manejo a nivel productivo.
Aquí se exponen los resultados de las primeras mediciones realizadas para determinar la concentración y evolución del oxígeno disuelto a nivel industrial en cubas de 40000L, durante la producción de Cabernet sauvignon y Carménère cosecha 2009.
Las medidas de oxígeno disuelto se tomaron antes, durante y después de cada remontaje abierto, empleando un equipo basado en fotoluminiscencia que incorpora compensación automática por temperatura. La concentración de oxígeno, al interior de la cuba, en mostos fermentando incrementa durante los remontajes hasta un máximo de 2,6 ppm en C. sauvignon y 0,6 ppm en Carménère. Al terminar el proceso de remontaje el oxígeno disuelto nuevamente decrece.
Basado en los datos obtenidos industrialmente y con el objetivo de realizar estudios transcriptomicos y metabolómicos en condiciones estrictamente controladas, se ha montado un sistema de cultivo continuo multietapa capaz de controlar el oxígeno disuelto. Con esta implementación se busca explicar los principales mecanismos y vías metabólicas involucradas en el consumo de oxígeno, por parte de la levadura industrial, en condiciones de fermentación vínica.
Los resultados de este estudio, entregarán sólidos conocimientos que permitirán utilizar la adición de oxigeno, como herramienta para mejorar los resultados del proceso fermentativo.
Financiamiento. Fondecyt 1090520

P-022

Accuracy and Inter-Laboratory Reproducibility of MALDI-TOF Mass Spectrometry based Bacterial Species Identification

George Goedesky, Uli Giessmann, and Markus Kostrzewa
Bruker Daltonics Inc., Billerica, MA, USA

Recently, the use of MALDI TOF Mass Spectrometry has been developed as a technique to identify microorganisms at the genus and species level. This technique involves direct analysis of protein patterns unique to a particular species of microorganism to make a species determination. Use of the technique is very attractive as it is significantly faster than conventional biochemical methods and does not require any *a priori* assumptions or knowledge of the sample.
To test the capabilities of the technique to accurately and reproducibly identify microorganisms, eight laboratories in the US and across Europe analyzed 60 blind coded samples of gram negative non fermenting bacteria and identified the bacteria with MALDI TOF Mass Spectrometry. The accuracy of these analyses was compared to other molecular identification techniques (16S RNA). Reproducibility of results was cross compared across all laboratories. All laboratories were given a standard protocol to follow for sample preparation and all utilized a MALDI TOF Mass Spectrometer.
Results from this study indicate that in total almost 99% (474/480) of all bacterial samples were identified accurately at the genus and species level. Six of the eight laboratories reported 100% correct identifications of all samples. This result compares very favorably with the results obtained by 16 S RNA methods. In addition, the reproducibility of identification from laboratory to laboratory was also almost 99%. These results clearly demonstrate some of the capabilities of a MALDI TOF Mass Spectrometry based technique for microbial identification.

P-023

Caracterización del gen *sigA* en cepas clínicas de *Shigella* spp y utilización en el desarrollo de vacunas de ADN. (Characterization of *sigA* gene in clinical isolates of *Shigella* spp and utilization in the development of DNA-based vaccines)

Marcoleta, A. A.[1], Velozo, P. E.[1,2], Silva, C. A.[1], Santiviago, C. A.[1] y Toro C. S.[1]
[1]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
[2]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.
amarcoleta@uantof.cl

La shigelosis representa un gran problema de salud pública en países en vías de desarrollo. El control de *Shigella* se ve dificultado por la resistencia múltiple a variados antibióticos y porque las vacunas atenuadas producidas hasta la fecha no han resultado eficaces en la prevención de la enfermedad. Considerando la distribución de la isla de patogenicidad (PAI) *she* en cepas de *Shigella* spp y su asociación con cuadros clínicos más severos, se caracterizó mediante PCR la presencia y distribución del gen *sigA*, que codifica uno de los factores de virulencia hipotéticos identificados en esta isla. Nuestros resultados indican que *sigA* está presente en el 100% de las cepas de *S. flexneri* 2a (n=26) y de *S. sonnei* (n=48). Por su parte, el gen está ausente en todas las cepas de *S. flexneri* no 2a (n=7) analizadas. Análisis de RFLP indican que este gen es conservado en *Shigella* spp por lo que podría constituir un interesante blanco para el desarrollo de vacunas de DNA. De esta forma, se identificaron dos fragmentos inmunogénicos de *sigA*, predichos mediante los softwares "Protscale" y "DS Gene". Estos fragmentos se amplificaron a continuación de la secuencia Kozak para permitir su traducción en células eucariontes y se clonaron individualmente en el vector pVAX-Flag. Este vector se construyó modificando el vector comercial pVAX1 con el fin de detectar la expresión de fragmentos de *sigA* fusionados al epítope 3xFLAG, tanto en bacterias como en células eucariontes. Posteriormente, se evaluará la inmunogenicidad de esta construcción en un modelo de ratones.

Financiado por Proyecto Anillo ADI-08/2006.

P-024

Remoción de colorantes por *Inonotus sp.*, un hongo de pudrición blanca nativo de los bosques del sur de Chile (Removal of dyes by *Inonotus sp.*, A white rot fungus native from the forest of southern Chile.)

R. Cuevas [(1)], F.Acevedo[(1)], E. Contreras [(2)], C. Palma [(2)], M.C. Diez[(1)]
[(1)]Departamento de Ingeniería Química, Centro de Biotecnología Ambiental, Universidad de La Frontera
[(2)]Departamento de Ingeniería Civil Química, Universidad de Santiago de Chile.
R.cuevas04@ufromail.cl

Hongos ligninolíticos, como *Phanerochaete chrysosporium*, *Trametes versicolor*, *Pleurotus ostreatus* han demostrado ser capaces de degradar una variedad de compuestos orgánicos recalcitrantes, como los colorantes. Sin embargo, pocos estudios se han realizados utilizando hongos nativos en la degradación de colorantes. Por lo tanto, el objetivo general de este trabajo fue evaluar el potencial del hongo *Inonotus sp.*, nativo del sur de Chile, en la degradación de colorantes.
Se utilizaron 10 colorantes, Basic Violet 4, Basic Blue 3, Basic Blue 41, Basic Blue 24, Reactive Orange 16, Reactive Blue 5, Reactive Blue 19, Poly R 478, Basic Orange 2 y Acid Orange 6, con diferentes características químicas. En matraces de 100 mL, se colocó 15 mL de medio Kimura, se adicionó cada colorante en una concentración de 100 mg/L, se inoculó con 3 plugs (5 mm) del hongo *Inonotus sp.* y se incubó a 28 °C en condiciones estáticas por 15 días. Se midió la remoción de los colorantes por espectrofotometría. Los colorantes presentaron diferentes porcentajes de remoción por *Inonotus sp.*: 96,75 % de Basic Blue 41, 63,30% de Basic Blue 24, 86,64 % de Orange 16, 98,13 % de Reactive Blue 5, 93,67 % de Reactive Blue 19, 63,64 % de Poly R 478, 56,17 % de Basic Orange 2 y 78,26% de Acid Orange 6. Para los colorantes Violet 4 y Basic Blue 3, no se detectó remoción en el medio líquido. *Inonotus sp.* presenta potencial para la remoción de la mayoría de los colorantes estudiados.
Financiamiento. Trabajo financiado por los proyectos FONDECYT 1090678 y 1090098.

P-025

Determinar la capacidad de saponina para producir inflamación en el intestino de peces cebra (*Danio rerio*). (Determination of the capacity of saponin to induce inflammation in the intestine of zebrafish (*Danio rerio*).

Navarrete P[1], Magne F[2], Opazo R[1], Appelgren P[1], Rubilar P[1], Espejo R[1], Romero J[1]
[1]Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad de Chile
[2]Laboratoire de Biologie, CNAM, Paris, France.

La harina de soya es uno de los ingredientes que reemplaza la harina de pescado en el alimento de salmónidos. Su uso está restringido a bajos porcentajes de incorporación, porque provoca inflamación del intestino (enteritis) que reduce el crecimiento de los peces. Se ha sugerido que saponinas y lectinas de soya y bacterias de la microbiota intestinal participarían en la inflamación. El estudio del rol de la dieta y microbiota en la enteritis en salmonídeos adultos se dificulta por los largos periodos de crecimientos de estos peces. Objetivo: Evaluar si el pez cebra, de crecimiento rápido, puede ser un modelo de enteritis. Métodos: Treinta peces cebra fueron distribuidos en tres acuarios, a 28°C y alimentados una semana con una dieta comercial y posteriormente una semana, con dieta comercial suplementada con saponina (*Quillaja saponaria*) al 0% (control), 0.3% y 1%, respectivamente. Finalizada la semana, cinco peces de cada grupo fueron sacrificados y fijados en paraformaldehído 4%. Los signos de enteritis fueron examinados en cortes histológicos teñidos con azul alcian-PAS y hematoxilina-eosina. Resultados: no se detectaron signos de inflamación en los peces alimentados con saponina. La morfología de las vellosidades, presencia de vacuolas, células caliciformes, granulocitos eosinofílicos, ancho de la lámina propia y submucosa, fueron similares en los grupos tratados y control. No se observaron alteraciones en las bacterias de la microbiota. Conclusiones: En las condiciones ensayadas, que simulan las dietas de salmón en cuanto a tiempo de exposición y concentración de saponina, el pez cebra no presenta inflamación.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1080480, 3100075, ECOS-C07B04

P-026

Degradación de oligosacáridos de soya en fermentación sólida usando microorganismos aislados desde el tracto digestivo de peces. (Degradation of soy oligosaccharides using solid fermentation and isolates retrieved from fish gut).

Ortuzar F[1], Opazo R[1], Hernandez C., Navarrete P[1], Espejo RT[1], **Romero J[1]**.
[1]Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad de Chile.

La harina de soya es uno de los ingredientes alternativos que reemplaza la harina de pescado en el alimento de salmónidos. Su uso está restringido porque contiene algunos elementos considerados antinutricionales. Entre ellos se mencionan los oligosacáridos del tipo rafinosa, estaquiosa, los cuales no son digeridos por peces de cultivo como los salmónidos. Objetivo: Evaluación de microorganismos para reducir los oligosacáridos presentes en la harina de soya mediante un proceso de fermentación sólida. Métodos: Los aislados se seleccionaron por su capacidad de degradar rafinosa en estudio previo. Las condiciones a ensayar involucraron las variables pH (5 a 7) y % de humedad (60 a 80%). Los aislados se incluyeron como inóculo de 10^7microorganismos por gramo de harina de soya. La fermentación se realizó por 10 días a 25°C. Luego se analizó la concentración de rafinosa mediante kit enzimático y se estimó la reducción de oligosacáridos mediante cromatografía en capa fina. Resultados: La reducción de rafinosa se logró en todas las condiciones con valores de al menos 60% de reducción. Los mejores resultados se lograron en condiciones de 80% de humedad, lográndose más del 90% de reducción de rafinosa. La variable pH no tuvo influencia. La cromatografía en capa fina mostró la reducción de rafinosa, la desaparición de otros oligosacáridos y también de disacáridos como la sacarosa. La presencia de las cepas inoculadas se confirmó por aislamiento y el ensayo de RFLP de genes ribosomales. Conclusiones: Los resultados sugieren que los microorganismos obtenidos pueden ser aplicados con éxito en un proceso de fermentación destinado a reducir los oligosacáridos de la soya.

Financiamiento: CORFO_INNOVA 05CT6 PP-09, FONDECYT 1080480

P-027

Purificación y caracterización de una enzimaa glutamato deshidrogenasa altamente termoestable a partir de un microorganismo aislado de una estufa de esterilización.

Amenabar M. y Blamey J.M.
Fundación Científica y Cultural Biociencia, Santiago, Chile. mamenabar@bioscience.cl

La enzima glutamato deshidrogenasa (GDH) relaciona el metabolismo del carbono y nitrógeno, catalizando reversiblemente la desaminación oxidativa del glutamato a alfa-cetoglutarato y amoníaco. Si bien esta enzima se ha purificado de distintos tipos de microorganismos, todos ellos de ambientes de origen natural, hasta la fecha no se ha informado ninguna enzima de este tipo proveniente de algún microorganismo obtenido de una estufa de esterilización. Estas estufas se caracterizan por poseer distintas condiciones extremas, como son: altas temperaturas, ciclos de deshidratación y rehidratación y desinfecciones químicas periódicas. Por lo anterior, se esperaría que microorganismos encontrados bajo estas condiciones debieran ser resistentes a altas temperaturas, radiación y desecación, pudiendo presentar además enzimas con propiedades inusuales como una gran termoestabilidad. Es por esto que en este estudio se eligió a un microorganismo aislado de una estufa de esterilización, el cual se denominó GWE1, como fuente de una GDH termoestable, debido a que a diferencia de otros microorganismos hipertermófilos, este puede soportar condiciones antropogénicas extremas como son las altas temperaturas (esterilizantes). En este estudio se purificó y caracterizó la enzima GDH del microorganismo GWE1 con el fin de compararla con sus contrapartes ya informadas. Los resultados obtenidos indicaron que esta enzima presentó una gran termoestabilidad, siendo una de las enzimas más termoestables informadas dentro de la familia de las deshidrogenasas.

P-028

Construcción de quimeras entre subfragmentos del gen *OmpA* de la proteína de membrana externa de *Klebsiella pneumoniae* y genes de *Helicobacter pylori* con potencial antigénico mediante fusiones traduccionales a expresar en probioticos.
(Construction of chimeras between *Klebsiella pneumoniae* OmpA gene subfragments and different *Helicobacter pylori* genes with antigenic potential to be expressed in probiotics).

Hernández C., Henríquez C., Cabezas F., Venegas A.
Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile. Cdhernal@uc.cl

Helicobacter pylori, bacilo microaerofílico Gram-negativo infecta al 50% de la población mundial y 73% de la población chilena. La infección por *H. pylori* causa gastritis crónica, úlcera péptica y cáncer gástrico entre otras patologías. El tratamiento con antibióticos e inhibidores de la bomba de protones es un método eficaz en la erradicación, no obstante, la resistencia a antibióticos y la reinfección agravan el problema. Además, casi el 90% de los pacientes son asintomáticos, por lo que la vacunación sería el método más efectivo para combatir la infección. Existen diversos modelos de vacunación frente al patógeno, superando el 75% de protección en el caso de vacunas que usan un antígeno y cerca del 90% con dos, usando bacterias atenuadas como vector de antígenos. La mayoría de estos modelos son murinos, requiriéndose adyuvantes como toxina colérica o enterotoxina termolábil, no pudiendo aplicarse en humanos por su toxicidad. Por esto, se propone la construcción de fusiones traduccionales entre el PAMP OmpA con propiedades adyuvantes y antígenos de *H. pylori*, para ser expresadas en el probiótico *Lactococcus lactis* NZ9000. Se comparó la expresión de los genes silvestres y las fusiones; si bien el crecimiento de las cepas con las fusiones tienen un retardo en crecimiento comparado con la cepa sin plásmido, la expresión de las proteínas silvestres y quiméricas se mantiene al menos durante 3 días de cultivo contínuo en dos medios diferentes, siendo detectable en lisados totales, por lo que pueden ser buenos candidatos para ensayarlos como potenciales vacunas orales.

Financiamiento: FONDECYT #1085232

P-029

Remoción biológica de sulfato presente en riles Mineros con bacterias sulfato reductoras
(Biological removal of sulfate present in mine drainages with sulfate reducing bacteria)

Meza, C., Mateo, M., **Wilkens, M.**
Laboratorio de Microbiología Básica y Aplicada. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile. marcela.wilkens@usach.cl

Los procesos mineros generan grandes cantidades de residuos industriales líquidos (riles) ácidos con altas concentraciones de metales y sulfatos disueltos con gran impacto ambiental. El tratamiento químico de estos riles requiere de plantas especiales y de elevado costo. Una alternativa es el uso de bacterias sulfato reductoras (BSR), que utilizan sulfato como aceptor final de electrones generando sulfuro que precipita metales disueltos y carbonato que eleva el pH del medio. En este trabajo se estudiaron las condiciones de cultivo y la eficiencia de remoción de sulfato de dos consorcios de BSR y de un aislado de *Desulfovibrio desulfuricans*. Además, se realizó un estudio preliminar del efecto de la temperatura sobre las comunidades bacterianas asociadas a los cultivos y al ril minero.
Las muestras bacterianas se crecieron en medio PostgateC modificado a pH 6 en condiciones anaerobias y temperaturas entre 35 y 10 °C. Se observó el crecimiento por aparición de precipitado negro y se determinó el sulfato con un kit. La mayor eficiencia de remoción de sulfato (85%) se logró a temperaturas entre 23 y 19 °C con las tres muestras de BSR. Lo mismo se determinó en el ril minero suplementado con ácido láctico y vitaminas, logrando 88% de remoción de sulfato. Adicionando sólo vitaminas o sin suplemento, se llegó a un 52 y 40%, respectivamente. Se analizaron las comunidades bacterianas presentes en los cultivos y en el ril mediante TRFLP. A 28 y 23 °C se observó una mayor riqueza y diversidad poblacional de las comunidades de BSR.
Financiamiento: Proyecto DGT - USACH

P-030

Identificación del gen *cd* de *Brettanomyces bruxellensis* responsable de la producción de derivados vinilfenolicos en vinos. (Identification of *Brettanomyces bruxellensis cd* gene which responsible of vinyl phenolic derivates production in wines.)

Godoy, L[1], García, V[1], Osorio, P[1], Martínez, C[1,2] y Ganga, A[1].
[1] Departamento en Ciencia y Tecnología de los Alimentos.
[2] Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Santiago de Chile. Obispo Manuel Umaña 050. Estación Central. Email: angelica.ganga@usach.cl

Brettanomyces bruxellensis es uno de los principales microorganismos que contaminan los vinos, entregando olores descritos como porotos quemados, sudor de perro o caballo, cuero, establo, llamados en su conjunto aromas fenólicos. Estos son producidos debido a la metabolización de los ácidos hidroxicinámicos (ácido ferúlico, ácido p-cumárico y ácido cafeico), que están presentes naturalmente en el mosto. Esta levadura convertiría los ácidos hidroxicinámicos en etil derivados por la acción de dos actividades enzimáticas: una cinamato descarboxilasa y una vinilfenol reductasa. Nuestro grupo de trabajo confirmó esta ruta de producción mediante la purificación y caracterización de las enzimas cinamato descarboxilasa (CD) y vinilfenol reductasa (VR). Junto con ello, se ha determinado la secuencia del gen que codifica para la proteína CD, el cual presenta baja homología entre los genes que codifican para una actividad enzimática similar en otras especies de levaduras vínicas. Este gen fue clonado y expresado en *Saccharomyces cerevisiae*. Los resultados indican que el extracto protéicos de esta levadura transformada tiene una mayor actividad CD que la levadura control (sin transformar), lo cual se reflejó en la mayor producción de 4 vinilfenol de este extracto en comparación con aquel de la levaduras sin transformar, confirmando de esta manera que la secuencia clonada corresponde al gen que codifica para la enzima CD. La identificación del gen *cd* permitirá estudiar los factores enológicos que regular su expresión.
Proyecto Fondecyt 1080376

P-031

Estudios de expresión de los antígenos HspB y Lpp20 de *Helicobacter pylori* como candidatos para el desarrollo de un prototipo de vacuna oral.
(Expression studies on *H. pylori* HspB and Lpp20 antigens as candidates for development of an oral vaccine prototype.)

Melo F[1], Mosqueira M [1], Venegas A[1]
[1]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. Email: famelo@uc.cl

Helicobacter pylori es un bacilo gram-negativo que coloniza preferentemente el antro del estómago humano y se encuentra asociado a enfermedades como gastritis crónica, úlcera péptica, adenocarcinoma gástrico y linfoma MALT. Un 73 % de la población chilena es hospedera de este patógeno y, aunque la mayoría de los casos son asintomáticos, un 10% puede desarrollar enfermedades gastrointestinales serias. Se ha explorado el uso de diversos antígenos como UreB, HpaA, VacA, y CagA en el diseño de vacunas pero aún no se ha obtenido una suficientemente efectiva para erradicar este patógeno. En busca de nuevos antígenos se propone evaluar las proteínas HspB y Lpp20 de *H. pylori* como candidatos para el diseño de una vacuna oral, ya que se encuentran altamente conservadas entre cepas de *H. pylori* y son inmunogénicas. Inicialmente se clonaron por PCR en *E. coli* y luego se transfirieron al vector shuttle pSEC, el cual es inducible por nisina y permite la secreción de proteínas cuando el vector se traspasa a la cepa probiótica *Lactococcus lactis* NZ9000. Los probióticos son considerados buenos candidatos como portadores de antígenos heterólogos en el diseño de vacunas orales, debido a su capacidad de estimular el sistema inmune en forma local y sistémica, sin representar un riesgo para el consumo humano. A la fecha se ha logrado la expresión de HspB y Lpp20 en *L. lactis* NZ9000, en un nivel adecuado, lo que se detectó mediante Western blot usando un anticuerpo anti-histidina. Un ensayo preclínico en ratones permitirá evaluar su eficiencia.
Financiamiento. Proyecto Consorcio BioMedicina BRMC CTU 06 Área 5.

P-032

Diseño y construcción de vacunas de ADN para el control de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis.
(Design and construction of DNA-based vaccines against *S.* Enteritidis)

Velozo P. E.[1, 2], Zaldívar, M.[2], Contreras, I.[2], Toro C. S.[1] y Santiviago, C. A.[1]
[1]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
[2]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. E-mail: paulavelozoh@gmail.com

Actualmente, las infecciones causadas por *Salmonella enterica* serovar Enteritidis constituyen un problema global de salud pública y un riesgo importante para la economía mundial. Las estrategias implementadas para el control de *S.* Enteritidis incluyen terapias antimicrobianas y vacunación de aves de postura usando cepas atenuadas del patógeno. Sin embargo, la resistencia a antibióticos y una limitada eficacia de las vacunas existentes han impulsado la búsqueda y el desarrollo de nuevos métodos de control, tales como las vacunas de última generación. Con el fin de generar vacunas de ADN para el control de *S.* Enteritidis, construimos el vector pVAX-Flag modificando el vector comercial pVAX1 (Invitrogen) para permitir la expresión de proteínas de interés fusionada el epítope 3xFLAG. Posteriormente, identificamos genes específicos de *S.* Enteritidis que codifican proteínas con potencial actividad inmunogénica. En una primera etapa seleccionamos los genes *SEN1395* y *SEN1002*, que codifican una lisozima hipotética en la isla genómica GEI-*ydaO* y una proteína de la familia Hcp en la isla SPI-19, respectivamente. Los marcos de lectura de estos genes se amplificaron a continuación de la secuencia Kozak (GCC$^{A}/_{G}$CCATGG) para permitir su traducción en células eucariontes y se clonaron individualmente en el vector pVAX-Flag para su posterior uso como vacunas de ADN. Los plasmidios generados fueron transformados en la cepa *E.* **coli** ***BL21***(DE3) y las proteínas recombinantes fueron detectadas mediante inmunoblot usando anticuerpos monoclonales anti-3XFLAG. Actualmente, estamos determinando la expresión de estas proteínas en células eucariontes *in vitro* y evaluando su inmunogenicidad en ratones BALB/c.
Financiamiento: Proyecto Anillo ADI-08/2006.

P-033

Pigmentos de origen microbiológico obtenidos desde muestras de la Antártica

(Pigments from Antarctic microbial sources)

Correa-Llantén D.[1,2], Castro M. [1], Blamey L.[1], Blamey JM[1]. [1]*Fundación Biociencia, Santiago, Chile*

[2]Doctorado en Biotecnología, Universidad de Santiago de Chile. dcorrea@bioscience.cl

Entre los agentes no enzimáticos que actúan como estabilizadores de radicales libres, bajo condiciones normales y de estrés oxidativo, podemos encontrar Glutatión (GSH), vitaminas y pigmentos. Estos últimos, pueden ser producidos por plantas, hongos, algas y bacterias. Una de sus funciones es la de actuar como antioxidantes, ayudando a prevenir las reacciones que inducen la peroxidación de las membranas lipídicas, además de regular la fluidez de las membranas en Procariotas.

La Antártica alberga una gran diversidad de nuevos microorganismos, con características únicas que les permiten sobrevivir en ambientes extremos, al estar sometidos a una selección natural producida en parte, por las bajas temperaturas extremas, desecación y radiación ultravioleta (UV) elevada. Dentro de estos microorganismos muchos de ellos poseen pigmentos con variados colores, que podrían poseer modificaciones específicas que les permitieran tener un mayor poder antioxidante que sus contrapartes mesofílicas.

El interés por el estudio de los microorganismos, que sobreviven en ambientes fríos como el existente en la Antártica reside en conocer su fisiología para direccionar este conocimiento hacia la utilización de sus propiedades y biocompuestos. Se ha sugerido además que este tipo de microorganismos poseen importantes adaptaciones, ente las que se encuentran, aumento del contenido de grupos lipídicos, proteínas y pigmentos carotenoides no polares.

En el presente trabajo se estudia la capacidad antioxidante de algunos pigmentos obtenidos desde microorganismos antárticos.

P-034

Desarrollo y evaluación de un *kit* múltiple de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real para la detección de virus herpes simplex 1 y 2. (Development and Evaluation of a Real Time Polymerase Chain Reaction (PCR) detection kit for Herpes simplex virus 1 and 2).

Lizama L.[1], Cifuentes M.[2], Alvarez I.[3], Pardo M.[1], Villegas K.[1], Guajardo V.[1], Torres J.[1], Jamett E[1], Banfi A.[3] Bioscan S.A.[1] Hospital San Borja Arriarán[2] Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna[3] llizama@bioscan.cl

El diagnóstico de infección por virus herpes simplex (HSV) se realiza habitualmente mediante métodos basados en la amplificación de ácidos nucleicos, siendo estas técnicas las más sensibles y específicas. Se propuso desarrollar y evaluar un *kit* de reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (PCR-TR), para la detección de virus herpes simplex 1 y 2 (HSV-1 y HSV-2). El *kit* consiste en una reacción de PCR-TR múltiple, donde partidores y sondas de hidrólisis hibridan en regiones del gen *pol* de los virus herpes simplex 1 y 2. Se diseñó controles positivos e internos, para confirmar el óptimo funcionamiento del *kit* y para detectar posibles inhibiciones en la reacción. Para la evaluación, se obtuvo 202 muestras (LCR, vaginales, uretrales y suero) y se les extrajo ADN con un *kit* comercial. Luego, se realizó PCR-TR con el *kit* múltiple. Como técnica de referencia, se utilizó PCR tiempo final (PCR-TF). Del total de muestras analizadas, se detectó con las dos técnicas 39 muestras (19,3%) positivas para uno de los dos virus y 161 (79,7%) muestras negativas. Del total de muestras positivas, 17 (43,5%) corresponden a HSV-1 y 22 (56,4%) a HSV-2. En 2 (1%) muestras los resultados son discordantes. La sensibilidad y especificidad son de 94% y 100% para la detección de HSV-1 y de 100% y 99% para la detección de HSV-2, respectivamente. La alta sensibilidad y especificad encontradas indican que el uso de este nuevo *kit* podría constituir una herramienta de diagnóstico confiable y rápida.

P-035

Bacterias resistentes a Selenio y su aplicación en la obtención de nanopartículas de Se(0) (Selenium resistant bacteria and the aplication in the **obtaining** nanospheres of Se(0)).

Torres S[1]., Campos, VL[1,2]., Mondaca,MA[1].
[1]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
[2]Centro EULA-CHILE. Universidad de Concepción.
soltorres@udec.cl

El selenio es un metaloide presente en el ambiente tanto en forma natural o como consecuencia de actividades antropogénicas y dependiendo del estado químico en que se encuentre puede ser esencial o tóxico dentro de un rango relativamente estrecho de concentración. El objetivo fue investigar la reducción bacteriana de Se(IV) y/o Se(VI) para la obtención de nanopartículas de selenio. Se estudiaron 21 cepas bacterianas, reductoras de arseniato, aisladas desde sedimentos del río Camarones. Las cepas fueron sembradas en placas sin y con Se^{+4} y Se^{+6} (0.5 mM) e incubadas a 25°C por 48 hrs. Se seleccionaron las colonias de color rojo que indica la reducción de Se^{+4} y/o Se^{+6} a Se^{0}. Se determinó el nivel de tolerancia a Se por dilución seriada en tubos. La formación de nanopartículas de Se^{0} fue estudiada mediante Microscopía Electrónica de Transmisión (MET) y Microscopía Electrónica de barrido. Se seleccionaron 9 de 21 cepas, capaces de tolerar y reducir concentraciones entre 10 y 100 mM de Se^{+4} y Se^{+6}. Las bacterias seleccionadas pertenecieron a diferentes géneros del domino bacteria. Los análisis por MET y MEB-EDS detectaron la presencia de nanopartículas de Se^{0} tanto a nivel extra como intracelular. El aislamiento de cepas reductoras de selenio es de gran importancia por su potencial aplicación biotecnológico y en sistemas de tratamientos de aguas contaminadas con selenio.
DIUC(208.036.035-1.0)

P-036

Caracterización de potenciales cepas probióticas respecto a su transformabilidad genética y actividad bactericida. (Characterization of potential probiotic strains regarding their genetic transformability and bactericidal activity.)

Olmos M[1], Durán P[1], Henríquez C[1], García A[2], Venegas A[1]
[1]Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica, , Santiago, Chile.
[2]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Chile. maolmos@uc.cl

Los probióticos, aplicados en la dosis adecuada, otorgan beneficios para su hospedero. Se les han asociado diversas propiedades, como la modulación de la respuesta inmune y la protección ante patógenos. Un probiótico ideal debe presentar varias características para poder ser utilizado en la prevención y tratamiento de cuadros infecciosos humanos. Entre éstas resultan relevantes la resistencia al ácido estomacal y a las sales biliares, con el fin de disponer de una vía de administración sencilla, como la oral, y la resistencia a estrés ligados a procedimientos biotecnológicos (secado, congelamiento). En este contexto, es interesante disponer de probióticos que posean una capacidad bactericida intrínseca contra patógenos conocidos, y que, además, puedan ser manipulados genéticamente, para mejorar sus características y aumentar las posibilidades potenciales de utilización. Tomando esto en cuenta, se aisló y caracterizó, en medio MRS, selectivo para lactobacilos, cepas bacterianas a partir de biopsias gástricas. Su capacidad de ser transformadas fue evaluada mediante electroporación, encontrándose algunas que pueden aceptar plásmidos con una eficiencia aproximada de 10^2 transformantes/µg DNA. Se realizó cocultivos de estas cepas con patógenos conocidos (Ej. *Salmonella*, *Klebsiella*) y se determinó el potencial bactericida de sobrenadantes y lisados totales. Se encontró que todas las cepas, además de ser factibles de modificación genética y expresión heteróloga, poseen la capacidad de disminuir efectivamente, en cocultivo, el número de células viables de los patógenos analizados, por lo que podrían constituir una alternativa en el tratamiento o prevención de enfermedades asociadas a éstos.

Financiamiento. FONDECYT #1085232, FONDEF DO31-1105 y Consorcio CTU06-Biomedicina-PUC

P-037

Copper bioaccumulation in *Stenotrophomonas* sp. C2-1 isolated from a copper-polluted agricultural soil. (Bioacumulación de cobre en *Stenotrophomonas* sp. C2-1 aislada desde suelo agrícola contaminado con cobre)

Yáñez C. [1,2], González, M. [1] y Seeger, M. [1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso.
[2]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontifica Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso. carolina.yanez@usm.cl

Heavy metals represent a great threat to the environment due to their non-degradability and hazardous properties. Therefore, metal–microbe interactions and its applicability in bioremediation have gained growing attention. Copper is an essential trace element for both eukaryotic and prokaryotic cells. However, copper at elevated concentrations can be toxic to plants and soil organisms. To tightly regulate intracellular copper concentrations, bacteria have developed mechanisms of copper resistance and homeostasis. The study of the bacterial metal resistance and their mechanisms provides valuable information for the development of strategies for their removal from the environment.

The objectives of the present study were to identify and characterize a copper resistant bacterium isolated from an agricultural soil. The identity of the strain was determined by 16S rRNA gene sequencing. Bacterial growth was evaluated in the presence of the metal (50 mg L^{-1} Cu^{2+}). Bacteria cells were further studied using transmission electron microscopy (TEM) and scanning electron microscopy (SEM) associated to electron diffraction scanning analysis.

Growth of strain C2-1 was not altered by the presence of copper. The 16S rRNA gene sequence of strain C2-1 possesses high similarity to *Stenotrophomonas* genera. SEM and TEM analysis showed that copper promotes changes in the bacterial membrane and accumulates associated to the membrane and in the cytoplasm. Our results suggest that resistant strains have the ability of sequestering copper. The described resistance mechanism of *Stenotrophomonas* sp. C2-1 could be useful for bioremediation strategies.

Financiamiento: FONDECYT 3090071, USM 130836 and 130948, and P04/007-F (Mideplan) grants.

P-038

Impacto económico, oportunidades, y mercados para la Microbiología en Chile. Análisis del subsector biomedicina. *(Economic impact, opportunities and markets for Microbiology in Chile. Analysis of biomedical subsector.)*

Cabezas F. [1], Venegas A. [1]
[1] Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas. Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Pontificia Universidad Católica de Chile. fecabeza@uc.cl

En el análisis económico de los países desarrollados, es destacable el factor residual de la ecuación de Solow, que explica el 60% del crecimiento anual, este factor corresponde al aporte de la tecnología sobre el PIB de los países. Chile mediante el Consejo Nacional de Innovación (CNIC) ha planteado políticas, para convertir a Chile en un país competitivo internacionalmente, donde la microbiología puede jugar un rol clave. En el presente trabajo se analizan las políticas públicas sobre innovación y el rol que juega la microbiología dentro de la política de Clusters priorizados que plantea el CNIC, mostrando que la microbiología presenta una fuerte distribución pero baja penetrabilidad en los subsectores, destacándose en los sectores de Minería y Acuicultura, en conjunto con esto se observa un fuerte desarrollo en aquellos sectores con bajo impacto económico. A partir de la información recogida y ocupando herramientas de vigilancia tecnológica se plantean indicadores de impacto económico para proyectos en microbiología, principales oportunidades y mercados potenciales donde la microbiología puede tener una alta penetrabilidad. Se desarrolló el caso del subsector biomedicina en la cual se ejemplifican las principales oportunidades de algunas investigaciones detallando el caso de las vacunas para *Helicobacter pylori*. Se concluye que la microbiología en Chile presenta marcados nichos de desarrollo en sectores económicos relevantes. Existe un claro mercado que es reducido, pero muy rentable para productos derivados de este sector. Es importante el desarrollo de indicadores y metodologías que permitan delinear el impacto económico y social de los proyectos microbiológicos.

P-039

Análisis de flujos metabólicos y evaluación sensorial de perfiles aromáticos de mutantes Knock-out en oxidoreductasas de *SACCHAROMYCES CEREVISAE.* (Metabolic flux analyses and sensory evaluation of aroma profile of *Saccharomyces cerevisae* oxidoreductase knock-outs).

Aceituno, FF. [1,2], **Pérez FI.**[1], **Vargas FA.**[1], **Casaubon G**[3]., **Agosín E.**[1]. [1]Laboratorio de Biotecnología, Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Facultad de Ingeniería, P. Universidad Católica de Chile, [2]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile; [3]Centro de Aromas, DICTUC, P. Universidad Católica de Chile. fgperez@uc.cl

El aroma es una cualidad distintiva de cada vino. El aroma del vino tiene un componente varietal (es decir, de la uva) y fermentativo (es decir, de la levadura). La producción de aromas fermentativos depende del estado fisiológico de la levadura durante la fermentación. Uno de los parámetros fisiologicos más importantes que debe asegurar el metabolismo de la levadura es el balance redox. La mantención de este balance en respuesta a perturbaciones puede llevar a reconfiguraciones metabólicas que afecten la producción de aromas. En este trabajo, se utilizó una perturbación interna en el balance redox a través de diversas cepas knock-out en genes que codifican para oxidoreductasas y deshidrogenasas. Se simularon los flujos metabólicos globales de estas cepas a través de la fermentación, utilizando un modelo metabólico dinámico, a escala genómica, desarrollado en nuestro laboratorio. Se analizó especialmente los flujos a través de los precursores de compuestos sensorialmente importantes, para intentar predecir un perfil aromático producido por la perturbación redox. Esta predicción se contrastó con el análisis sensorial de las fermentaciones vínicas realizadas con cada una de las cepas, el cual se llevó a cabo por un panel de expertos entrenado. Esta aproximación multidisciplinaria es el primer paso para la identificación de blancos de manipulación génica y de selección de cepas de levadura que confieran características sensoriales únicas al vino.

Financiamiento: FONDECYT 1090520

P-040

Diseño de un PCR múltiple para la detección de *S. agalactiae*, *E. coli*, *L. monocytogenes* y otras bacterias asociadas a bacteremias neonatales. (Disegn of a Multiplex PCR to detect *S. agalactiae*, *E. coli*, *L. monocytogenes* and others bacterias associated to neonatal bacteremia.)

Oliver MI[1], Strahsburger E[1], Tapia A[1], Campano MS[1].
[1]Universidad Andres Bello, Facultad de Ciencias Biológicas, Departamento de Ciencias Biológicas, Viña del Mar, Chile. moliver@unab.cl

La sepsis neonatal de recién nacidos de bajo peso es una de las complicaciones más frecuentes en las Unidades de Cuidados Intensivos Neonatales y el diagnóstico precoz del agente etiológico es fundamental para orientar al clínico en el tratamiento. Entre los agentes bacterianos aislados con mayor frecuencia en nuestro país están: *Streptococcus* del grupo B, *Escherichia coli* y *Listeria monocytogenes*. El diagnóstico estándar de la sepsis neonatal consiste en aislar e identificar al patógeno, lo cual puede demorar entre 24 a 48 horas según la carga bacteriana. Nuestra propuesta consiste en colectar gotas de sangre en papel filtro a fin de utilizar la menor cantidad de muestra posible y un método rápido basado en el PCR múltiple, que detecta específicamente a *S. agalactiae*, *E. coli*, *L. monocytogenes* o cualquier otra bacteria. Los genes blanco utilizados en el PCR múltiple son *scpB* para *S. agalactiae*; *uidA* para *E. coli*; hly para L. monocytogenes y 16SrRNA para identificar bacterias en general. Como control interno amplificamos el gen de la albúmina humana. Los productos amplificados pueden observarse en un solo gel y las tres amplificaciones no interfieren entre sí. Los partidores propuestos son altamente específicos y mediante la amplificación del gen 16SrRNA, podemos detectar otras bacterias asociadas a bacteremias neonatales como *S. aureus* y *K. pneumoniae*. Actualmente, nuestra técnica presenta una sensibilidad capaz de amplificar desde 70pg de DNA bacteriano presentes en la muestra.

Financiamiento. Proyecto DI-42-08, UNAB.

P-041

Prevalencia de la portación nasal Staphylococcus Coagulasa Negativos en niños de Escuela Básica (Nasal carriage prevalence of coagulase negative *Staphylococcus* in children from elementary school).

Valenzuela N, Gahona J , Silva J.

Programa de Magister en Ciencias Biomédicas y Departamento de Microbiologia, Universidad de Antofagasta. nvalenzuela@uantof.cl

Staphylococcus coagulasa negativo (SNC) habitan normalmente en piel y mucosas del hombre. Su aislamiento en infecciones era poco frecuente, pero el uso creciente de catéteres y otros dispositivos, han contribuído a su emergencia como agentes importantes de infecciones nosocomiales.. El propósito de este estudio es conocer la prevalencia de portación nasal de SCN en niños de una escuela básica. Para ello, se tomaron muestras nasales de 132 niños de primer año básico, previo consentimiento de los padres. Las muestras se cultivaron en caldo tripticasa y posteriormente, en agar sangre de cordero (5%). La identificación se realizó por pruebas bioquímicas y API Staph. El sistema Phene-Plate se usó para identificar los fingerprinting bioquímico de las cepas de SCN. La susceptibilidad antibiótica fue determinada por técnica de difusión por discos y la resistencia a meticilina por el método del disco con oxacilina y cefoxitina (CLSI, 2008). Se aislaron 44 cepas de SCN que incluían 7 especies diferentes, siendo más frecuente *S. epidermidis* (48%). Las cepas de SCN presentaron una elevada resistencia a penicilina (84%), moderada resistencia a eritromicina y cloranfenicol, y ausencia de resistencia a otros antibióticos. Se identificaron los fenotipos bioquímicos de *S. epidermidis*, y se encontró el tipo C6 (55%) predominante. Estos resultados señalan una prevalencia de 33% de portación nasal de SCN en niños de primer año básico y un 23% de las cepas de SCN eran resistentes a meticilina. Estos hallazgos señalan que las fosas nasales de los niños pueden constituirse en un reservorio importante de SCN, pudiendo ser causa de posibles infecciones.

Financiamiento: Proyecto 4546, DINV, Universidad de Antofagasta

P-042

Inducción de inmunidad efectiva contra *S. agalactiae* en modelo murino

(Induction of effective immunity against *S. agalactiae* in murine model)

Lagos F[1], Figueroa C[1], Barrientos M[1], Soto D[1], Riveros B[1], Vásquez A[1].

[1]Sección de Biotecnología e Inmunobiológicos. Departamento de Salud Ambiental. Instituto de Salud Pública de Chile. avasquez@ispch.cl

Streptococcus agalactiae (SGB) es la principal responsable de infecciones neonatales, provocando meningitis y septicemia. El tratamiento en la actualidad es el uso de antibióticos en altas dosis, tanto para la madre colonizada como para el neonato, causando resistencias a muy temprana edad y alergias en algunos casos.

En la actualidad no existen vacunas disponibles contra este patógeno, solo esfuerzos para el desarrollo de ésta, basadas principalmente en polisacáridos conjugados. Diferentes estrategias se ha empleado para el desarrollo de vacunas, sin embargo la proteína inmunogénica de superficie (SIP), es una interesante alternativa para este desafío por ser altamente inmunógena y conservada en los serotipos más prevalentes de SGB.

La proteína rSIP fue expresada y purificada desde *E. coli* BL21 (DE3), formulada con el adyuvante AbISCO. Su capacidad inmunogénica fue evaluada en modelo murino mediante cuantificación de citoquinas (IL-4 e IFN-γ) e inmunoglobulinas especificas (IgG e IgA). Además, se realizó un desafío con una cepa patogénica de *S. agalactiae* vía tracto vaginal, homologando lo que ocurre en el humano.

Los resultados obtenidos en este modelo experimental nos indican que la formulación ensayada en modelo murino es capaz de inducir una respuesta inmune específica (humoral y celular), además de observar un menor recuento bacteriano en el modelo de infección con SGB. Esto demuestra que la inducción de inmunidad especifica contra la proteína SIP que es capaz de aminorar o impedir la colonización por parte de esta bacteria

Financiamiento: Instituto de Salud Pública de Chile.
Financiamiento. Fondecyt 111110

P-043

Detección de región génica homóloga a un sistema de secreción tipo III (TTSS2) de *Vibrio parahemolyticus* en una cepa de *Vibrio cholerae* no-O1, no-O139, aislada de un cuadro de septicemia fatal en Chile.

Osorio Carlos G. [1], **Camilli A.** [2]
[1] Programa de Microbiología y Micologia, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile.
[2] Tufts University Medical School, Boston, MA, USA.
gonosorio@med.uchile.cl

Los factores de virulencia de *Vibrio cholerae* no-O1, no-O139 no se conocen. La mayoría de estas cepas no presentan la toxina del cólera denominada CTX (*ctxA* negativos) y tampoco el pilus de adherencia tipo IV denominado TCP (*tcpA* negativas), siendo ambos los factores de virulencia más importantes descritos en *V. cholerae* O1. Nuestro grupo previamente reportó la caracterización microbiológica y molecular de un aislado clínico de *V. cholerae* no-O1, no-O139, causante del fallecimiento por septicemia de una paciente en el año 2005 en Valparaíso. Mediante la secuenciación del genoma de esta cepa, se demostró que este aislado clínico de *V. cholerae* no-O1, no-O139 posee en su genoma una región génica homóloga a un sistema de secreción tipo III descrito previamente en *V. parahaemolyticus* (denominado TTSS2). Esta región tiene un tamaño de aproximadamente 30 kpb y un ordenamiento genético similar entre ambas especies. Este hallazgo es concordante con un trabajo reciente que determinó, por primera vez, que un aislado de *V. cholerae* no-O1, no-O139 de un caso de gastroenteritis en Bangladesh portaba una región genómica homóloga al sistema TTSS2. Se plantea la posibilidad que esta región genómica otorgue a este tipo de cepas de *V. cholerae* un mayor poder patogénico.

P-044

Caracterización del antagonismo exhibido por bacterias antárticas sobre patógenos acuícolas
(Characterization of antagonism exhibited by Antarctic bacteria against pathogens for aquatic cultures)

Ruth Sánchez[1], Karen Alegría[2], Mariana Domínguez[2], Helia Bello[2], Claudio Miranda[3], Rodrigo Rojas[3], Gerardo Gonzalez[2].
[1]Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. U. de Concepción
[2]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, U. de Concepción
[3] Departamento de Acuicultura, Facultad de Ciencias del Mar, U. Católica del Norte
ruthsanchez@udec.cl

La Antártica posee condiciones extremas en que la interacción entre los microorganismos es un fenómeno biológico frecuentemente descrito. El antagonismo es una forma natural de control del crecimiento de microorganismos y por ello es interesante investigarlo, en especial porque puede ser la fuente para la búsqueda de nuevos antibióticos o biocidas que pueden ser utilizados en acuicultura para el control de patógenos.
En este estudio se caracterizó el antagonismo exhibido por 25 cepas bacterianas aisladas en Isla Rey Jorge, Territorio Chileno Antártico, sobre patógenos de cultivos acuícolas de importancia comercial. Se evaluó la actividad antagónica de las cepas sobre cepas de los Géneros *Vibrio*, *Halomonas*, *Aeromonas* y *Flavobacterium*, realizando ensayos en placas con agar (*diffusion well*) con el sobrenadante del cultivo de la cepa antártica con y sin tratamiento a 100°C.
Se encontró que el sobrenadante del cultivo de 8 cepas antárticas presentó actividad inhibitoria sobre patógenos acuícolas y que, al someterlo a ebullición, sólo se mantuvo el antagonismo con el sobrenadante de dos de las cepas, aunque los halos de inhibición disminuyeron considerablemente. Estos resultados indican que la actividad antagónica exhibida por las 8 cepas es mediada por un compuesto termolábil que se excreta al exterior, sugiriendo que la actividad inhibitoria podría ser causada por un compuesto de naturaleza proteica.
Aunque este estudio de caracterización del antagonismo está en fase inicial, los resultados son promisorios para su potencial aplicación como biocidas en el control de enfermedades infecciosas en acuicultura intensiva.

Financiamiento: proyecto INACH T-17-2008

P-045

Estudio Microbiológico y molecular para caracterizar cepas de *SHIGELLA SONNEI* aisladas en Antofagasta. (Microbiologic and molecular study to characterize *Shigella sonnei* strains isolated in Antofagasta).

Silva J, Guerrero K, González D, Gahona J, Herrera N, Valenzuela N.
Unidad de Microbiología, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta.
jsilva@uantof.cl

Shigella es la principal causa de gastroenteritis, con elevada morbilidad y mortalidad, en los países en vías de desarrollo. En Chile, *Shigella* causa un 4%-12% de casos de diarrea aguda y 22%-30% de diarrea disentérica en menores de 5 años. *S. flexneri* se aísla con mayor frecuencia en América Latina. En este trabajo se estudian las características fenotípicas y genético moleculares de cepas de *S. sonnei* aisladas en Antofagasta. Se recopiló información retrospectiva durante Enero 2006-Junio 2008 en Centros de Salud de Antofagasta. A su vez, se recolectaron 40 cepas de *Shigella* aisladas en los meses Marzo–Junio 2008. Se identificaron por pruebas bioquímicas y serológicas. La susceptibilidad a los antibióticos se determinó por técnica de difusión en agar. También, se detectó la presencia de β-lactamasas y la clonalidad fue ensayada por Electroforésis de Campo Pulsado (PFGE). En los Centros de Salud de Antofagasta, Enero 2006 a Junio 2008, se aislaron un total de 268 cepas de *Shigella* spp, siendo el 79% identificadas como *S. sonnei*. El 40% de los aislamientos correspondió a niños menores de 10 años con diarrea. Se observó resistencia a ampiclina (94,8%), Sulfametoxazol-Trimetoprim (97,1%) y cloranfenicol (94,3%). El 90% de las cepas presentó resistencia múltiple a A-SX-C. En 30 cepas recolectadas e identificadas como *S. sonnei*, el 100% exhibió el mismo patrón de resistencia y la presencia de β-lactamasa. Los ensayos de PFGE revelaron que 27/30 de las cepas correspondían a mismo clon genético. Estos resultados señalan la existencia de un brote epidémico de shigellosis producido por un mismo clon genético de *S. sonnei* en el verano de 2008 en Antofagasta.

Financiamiento. DINV, Universidad de Antofagasta.

P-046

Agentes causantes de vulvovaginitis y cervicitis en mujeres atendidas en el Consultorio Centro-Sur de la ciudad de Antofagasta.(Microorganisms that were causing vulvovaginitis and cervicitis in women asking for attention in the Center-South Consulting Office in Antofagasta city).

Urdanivia R[1], Mendizábal G[2], Gutiérrez C[3], Joo A[3], Soza K[3], Carvajal R[3], Godoy A[3], Rojas C[3], Ríos I[3] y Martinez E[3].
[1]Laboratorio de Microbiología, FACSA; [2]Consultorio Municipalizado Centro Sur, COMDES; [3]Tesistas Carrera Licenciatura en Tecnología Médica,UA.
rurdanivia@uantof.cl

Las ETS son importantes a nivel mundial por su elevada morbi/mortalidad, afectar desde diferentes ángulos a nuestra sociedad, algunas con sintomatología específica y otras inespecifica en el hombre y la mujer, afectando aparato génito-reproductor y sus anexos; causando morbilidad fetal y secuelas en la descendencia.

El objetivo del estudio fue buscar estas bacterias en mujeres sexualmente activas que acudieron voluntariamente para atención gíneco-obstetrica al Consultorio Municipalizado Centro-Sur de la ciudad de Antofagasta, entre Junio y Noviembre de 2006.

El estudio descriptivo-transversal incluyó 138 casos con consentimiento informado y que reunían cuatro condiciones de ingreso

Las muestras vagino/endocervicales fueron tomadas empleando tórulas de algodón adecuadas y espéculo, transportadas en receptáculo con temperatura alrededor de 35-37ºC y procesadas en el Laboratorio de Microbiología del Departamento de Tecnología Médica, FACSA, según protocolos estandarizados:cultivos primarios corrientes, criterio microbiológico de Nugent y clínico de Amsel, Mycofast[R] Evolution 2 (BioMérieux), *Chlamydia* Clearview MF (Unipath).

El 48.7% presentó *Mycoplasma hominis*(M.h.) y *Ureaplasma urealyticum* (U.u), correspondiendo a U.u.23.5%, M.h.8,7% y 16,5% presentó ambas bacterias. *Chlamydia trachomatis* 35,3%, la mayoría de las cuales se presentaron acompañadas de otros patógenos. Vaginosis Bacteriana 15,2% y otros microorganismos con frecuencias menores.

Éste es el primer estudio de esta índole que muestra lo que ocurre en un segmento de nuestra comunidad.

Fundación Andes C13955/17, FONDECYT 1051045 y Depto. Tecnología Médica, UA

P-047

Presencia del gen codificante del factor de colonización 21 (LONGUS) en cepas chilenas de *Escherichia coli* enterotoxigénica. (Prevalence of colonization factor 21 gene in chilean Enterotoxigenic *Escherichia coli* strains)

Felipe Del Canto[1, 2], Patricio Valenzuela[2], Jonathan Bronstein[2], Valeria Prado[2], Roberto Vidal[2]
[1]Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
[2] Programa de Microbiología y Micología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Escherichia coli enterotoxigénica (ETEC) es causa frecuente de diarreas en humanos, especialmente en países en desarrollo. ETEC se adhiere al epitelio intestinal utilizando adhesinas conocidas como factores de colonización (CF ó CS). Se conocen 22 variantes de CFs, denominadas como CS seguido por un número que indica su orden de descubrimiento (excepto CFA-I, que conserva su denominación original). En nuestro laboratorio se han caracterizado 103 cepas de ETEC obtenidas durante un estudio de vigilancia epidemiológica realizado en los años 80. Inicialmente se detectaron, mediante PCR, los genes de los factores CFAI, CS1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 12, 17 y 19; considerados como los más importantes de acuerdo a su prevalencia. Mayoritariamente se identificaron cepas $CFAI^+$ (23%), $CS1\text{-}CS3^+$ (13%) y $CS2\text{-}CS3^+$ (13%). En un 33% de los casos no se detectó ninguno de los genes. Recientemente, como parte de un estudio destinado a identificar nuevas adhesinas en ETEC, se ha incluido a nuestra caracterización la detección de los genes de CS 8, 13, 14, 15, 18, 20, 21 y 22. La mayoría de ellos no se detectó o se detectó en baja frecuencia. Sin embargo, el gen de CS21 (conocido como Longus) se detectó en el 75% de las cepas, incluyendo representantes de distintos serogrupos y perfiles toxigénicos. La alta prevalencia de CS21 en distintas regiones geográficas ha sido reportada por otros autores, por lo que resulta necesario implementar modelos experimentales para profundizar en su mecanismo de acción y evaluar su potencial uso como blanco de futuras terapias preventivas.

Financiamiento: Programa MECE Educación superior, proyecto UCH0407. Proyecto Fondecyt 1061088. Fundación Bill and Melinda Gates Grant 38874.

P-048

Determinación genotípica de cocaceas gram positivas aisladas de Infecciones Intrahospitalarias desde las unidades de cuidados intensivos neonatal y adulto, cirugía y medicina del Hospital Base Valdivia.

(Genotypes determination of gram positive cocci isolated of nosocomial infection from the neonatal intensive care unit and adult, surgery and medicine of Hospital Base Valdivia.)

María Angélica Gutiérrez E.[1], Ernesto Carreaúx U. [2]
[1] Docente Instituto Microbiología Clínica, Universidad Austral de Chile.
[2] Estudiante Tecnología Médica, Universidad Austral de Chile. ernestocarreaux@gmail.com

Se entiende por Infección Intrahospitalaria (IIH): *"Reacción adversa localizada o generalizada producida por microorganismos y/o sus toxinas, con antecedente que no estaba presente o en incubación al momento de ingreso del paciente al hospital"*. La prevalencia de cocaceas Gram positivo productor de IIH en el Hospital Base Valdivia corresponde a un 35%, siendo la septicemia la complicación más grave. Los microorganismos productores de IIH que se estudiarán pueden estar relacionados clonalmente, poseen distintos mecanismos de propagación y resistencia, lo cual posibilita la colonización de un mismo microorganismo en distintos servicios.

Se analizaron genotípicamente 39 cepas, correspondientes a *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus faecalis* y *Enterococcus faecium*, mediante la variante rep-PCR; técnica que se basa en el análisis del polimorfismo genético.

Una vez obtenido el perfil electroforético de cada microorganismo se procedió a calcular el porcentaje de similitud según el coeficiente de DICE, para luego realizar el análisis de agrupamiento según el algoritmo UPGMA utilizando el programa Gelcompar, mediante el cual se confeccionaron los respectivos dendrogramas. Nuestros resultados preliminares indican que no habría relación clonal entre las especies de *Enterococcus faecalis* ni en las de *Enterococcus faecium*, los microorganismos que poseían un antibiotipo idéntico no demostraron estar relacionadas clonalmente, quedando de manifiesto el poco poder de discriminación de las técnicas fenotípicas para tipificación bacteriana. La rep-PCR posee una alta reproducibilidad, bajo costo, fácil de montar y alta capacidad discriminatoria, lo cual ayuda a diferenciar entre brote o endemia, convirtiéndola en la técnica de elección para ser implementada en un centro hospitalario.

Financiamiento. DID – UACh S-2006-11

P-049

Determinación de la producción de ácido láctico y glicocálix en cepas de *Streptococcus mutans* y su relación con el grado de destrucción coronaria por caries. (Determination of lactic acid production and glycocalyx in strains of *Streptococcus mutans* and its relationship to the degree of coronary destruction by caries).

R. Castro[1], C. Padilla[1], O. Lobos[1]
[1]Universidad de Talca. Departamento de Ciencias Básicas Biomédicas y Microbiología. olobos@utalca.cl

La caries dental es una de las patologías crónicas más prevalentes a nivel mundial, siendo ésta un proceso multifactorial. La función de los microorganismos en el desarrollo de esta enfermedad infecciosa es determinante. *Streptococcus mutans* es una bacteria que cumple un rol importante durante el proceso carioso. Los principales mecanismos virulentos de esta bacteria son su capacidad de producir ácido láctico y glicocálix. La existencia de cepas bacterianas de *S. mutans* hiper-productoras de ácido láctico y glicocálix podría ser la explicación de la aparición de caries mucho más destructivas que comprometen gran parte de la corona dentaria. **Objetivo.** Demostrar que cepas de *S. mutans* provenientes de pacientes con gran destrucción de piezas dentarias, producen mayores cantidades de ácido láctico y glicocálix. **Metodología.** Se obtuvieron cepas de *S. mutans* desde 30 pacientes con más de dos piezas dentarias afectadas por caries Si/Sta mayor a 1.1 y de 30 pacientes con 2 piezas dentarias afectadas por caries Si/Sta menor a 1.1. Mediante pruebas bioquímicas y espectrofotométricas, se determinó la producción de ácido láctico y glicocálix para cada una de ellas. **Resultados**. El 100% de las cepas estudiadas fueron capaces de producir ácido láctico y glicocálix. La producción de ácido láctico fue mayor en cepas con Si/Sta mayor a 1.1. **Conclusión.** Las cepas de *S. mutans* que producen cantidades superiores de ácido láctico y glicocálix, son aisladas desde individuos con gran destrucción dentaria.

P-050

Asociación de gen *vacAi*, un nuevo determinante genético en *Helicobacter pylori*, con patologías gástricas severas en pacientes chilenos. (Association of gene *vacAi*, a new genetic determinant of *Helicobacter pylori*, with severe gastric pathologies).

Paredes E.[1], Rojas C.[2], Briones C.[2], Briceño C.[3], Jorquera A.[3], Gonzalez C.[1], Garcia A.[1]
[1]Departamento de Microbiología, Facultad Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
[2]Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción.
[3]Gastroenterología, Hospital Guillermo Grant Benavente, Concepción. esparedes@udec.cl

Un pequeño porcentaje de infectados por *Helicobacter pylori* desarrolla una patología maligna a nivel gástrico. Esto puede deberse a la diversidad genética entre individuos, a factores ambientales y a factores de virulencia específicos de la bacteria. Este estudio busca analizar la asociación de un nuevo marcador genético, el gen *vacAi*, y el nivel de severidad de la patología gástrica en población chilena. El gen presenta dos isoformas *i1* e *i2*, y se asocia como un potencial marcador de patogenicidad de patologías gástricas severas. **Materiales y método:** Se contó con 141 pacientes a los cuales se les realizó endoscopia digestiva alta y se tomaron biopsias desde porción antral y pilórica. Luego, a las biopsias se les realizó extracción de ADN para realizar la técnica de PCR para el gen de estudio. **Resultados**: Para el caso de *vacAi1*, los pacientes con patologías más severas, presentaron el gen en un 70.3%. Por otro lado, la isoforma *vacAi2* se detectó en un 32.4% del total de pacientes con patologías severas. Los resultados permitieron asociar el sexo con la presencia de los genes, destacándose que el gen *vaci2* en mujeres se comportaría como un marcador de patologías gástricas más severas. **Conclusión**: Los resultados permiten concluir que el gen *vacAi* en nuestra población, tendrían una asociación importante en el caso de la isoforma *vacAi1* con patologías severas y la isoforma *vacAi2* sería dependiente del sexo del paciente.

Financiamiento: Proyecto D.I. N°209085031-1.0

P-051

Estudio Molecular de cepas resistentes a Impenem de *Pseudomonas aeruginosa*. (Molecular studie of Imipenem resitans *Pseudomonas aeruginosa* strain.)

Kátia Fernández[1], Gino Corsini[1], Daniel Muñoz,[1], Cecília Tapia[2]
1Laboratorio de Bacteriología Molecular, Facultad de Medicina, Universidad Diego Portales.
[2]Laboratorio de Clínica Dávila.
Katia.fernandez@mail.udp.cl

El bacilo Gram negativo *Pseudomonas aeruginosa* es un patógeno oportunista aislado frecuentemente de infecciones intrahospitalarias (IIH) en pacientes inmunosuprimidos o con patologías de base. Es un agente ubicuo, lo que facilita su diseminación ocasionando brotes nosocomiales, presenta una resistencia intrínseca y/o adquirida a varios antibióticos incluyendo β-lactámicos y carbapenémicos como imipenem, lo que reduce aún más las alternativas terapéuticas. El objetivo de este estudio, fue caracterizar molecularmente cepas de *P. aeruginosa* resistentes a imipenem proveniente de pacientes adultos, que se pesquisaron el laboratorio de bacteriología de la Clínica Dávila en los meses de Marzo y Octubre de 2006, para determinar si estas cepas poseían un origen clonal y el tipo de mecanismo de resistencia que presentan a este antibiótico.
La resistencia a IMP fue confirmada mediante E-test y sistema automatizado Vitek. La caracterización molecular fue realizada mediante PCR usando partidores arbitrarios. Empleando los partidores ERIC1/ERIC2 y BOX se determinó la existencia de grupos clonales de *P. aeruginosa*. Para detectar la producción de productos difusibles con actividad degradadora de imipenem se empleó el test de Hodge y se empleó un test con EDTA para confirmar la producción de carbapenemasas. Como resultado se determinó que el 37,5% de las cepas analizadas son productoras de carbapenemasas y mediante PCR con partidores específicos se determinó que las carbapenemasas de estas *Pseudomonas* son del tipo VIM.

P-52

Participación de las Proteínas de Matriz Extracelular como receptores de cepas de *E. coli* diarreogénicas (Extracellular Matrix Protein as receptors for diarrheogenic *E. coli*)

Mauricio J. Farfán[1,2], Roberto Vidal, Alfredo G. Torres y James P. Nataro[2]
[1] Centro de Estudios Moleculares, Departamento de Pediatría, Campus Oriente, [2]Programa de Microbiología & Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. [3] Department of Microbiology & Immunology, University of Texas Medical Branch, TX, USA [4] Center for Vaccine Development, University of Maryland, MD, USA.
mfarfan@med.uchile.cl

La adhesión de cepas de *Escherichia coli* diarreogénicas (ECD) a células epiteliales intestinales es uno de los pasos más importante del proceso infeccioso. En el último tiempo, los componente de la matriz extracelular (ME) se han asociado como potenciales receptores de numerosos patógenos, entre los que se incluyen las cepas de ECD. En este proceso de unión participan mayoritariamente estructuras presentes en la superficie de la bacteria denominadas fimbrias. **Objetivos**. Determinar los perfiles de unión de cepas de referencia de ECD a proteínas de ME y establecer la participación de las principales fimbrias descritas para estos patógenos en la adhesión a estas proteínas. **Resultados**. Las cepas de referencia de *E.coli* enterotoxigénica (ETEC), enteroagregativa (EAEC) y enterohemorrágica (EHEC) presentan perfiles de unión significativos a las proteínas de ME fibronectina, laminina y colágeno tipo IV. Para el caso de EAEC, EHEC y ETEC se encontró que las fimbrias AAF/II, LPF y CFA/I son responsables de esta unión, respectivamente. Por otra parte, los ensayos de adhesión a células epiteliales intestinales muestran que la fibronectina aumenta significativamente la unión de estos patógenos. **Conclusión**. Las cepas de referencia de ETEC, EAEC y EHEC presentan la capacidad de unirse a las principales proteínas de ME presentes en el intestino, siendo las principales fimbrias descritas para este patógenos responsables de esta interacción. Esta situación, favorece la adhesión de estos patógenos a sus blancos celulares, lo cual potencialmente facilitaría el proceso infeccioso.
Financiamiento. Proyecto FONDECYT de Iniciación N° 11080180

P-053

CRP actúa como represor de la transcripción del operón fimbrial *stgABCD* de *S. enterica* serovar Typhi en ausencia de glucosa

(CRP is a repressor of the stgABCD fimbrial operon Transcription from *S. enterica* serovar Typhi in glucose deprivation)

Alexis Cuevas A. [1], Liliana Berrocal S.[1] y Guido Mora [1]

[1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello

Salmonella enterica serovar Typhi, agente causal de la fiebre tifoidea exclusivamente en el ser humano, tiene una docena de operones fimbriales de la familia chaperona-usher en su genoma, entre ellos *stgABCD* que no está en *S.* Typhiurium, serovar que produce una infección equivalente en el ratón. La fimbria Stg, que ha sido caracterizada en nuestro laboratorio, contribuye en la adherencia de la bacteria a líneas de células epiteliales y células fagocíticas humanas, y su transcripción se encuentra altamente reprimida *in vitro*. Con el fin de evaluar posibles factores transcripcionales que actúen sobre el operón *stg*, mediante análisis bioinformáticos del promotor de *stg* se encontró una secuencia de unión a *crp* (cAMP receptor protein), entre otras. Usando una cepa mutante en *crp* (STH2370Δ*crp::cat*), que fue crecida en presencia y ausencia de glucosa, se realizó RT-PCR de los genes *stgA, stgD y RNA16S* como control. Sólo en ausencia de glucosa se observó la transcripción de los genes del operón fimbrial *stg*, lo que indica que el factor *crp* actuaría como un represor sobre éste. Esto se correlaciona con la presencia del sitio de unión en el promotor.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1060999, Proyecto DI-11-06/I

P-054

Pesquisa del gen *adeB* en cepas de *Acinetobacter baumannii* resistentes a carbapenémicos aisladas en hospitales chilenos. (Detection of *adeB* gen among carbapenems resistant strains of *Acinetobacter baumannii* isolated from Chilean hospitals)

Opazo A. Alejandro[1], **Opazo Andrés**[2], Bello Helia[2], Domínguez Mariana.[2], García Patricia[3], San Martín Marcela[4], Sakurada Andrea[5], González Gerardo[2].

[1]Facultad de Química y Farmacia. Universidad de Concepción. Concepción

[2]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, U. de Concepción. Concepción

[3]Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago

[4]Hospital Barros Luco-Trudeau. Santiago

[5]Hospital Clínico Universidad de Chile. Santiago.

andopazo@udec.cl

Acinetobacter baumannii es un bacilo Gram negativo no fermentador que se considera un patógeno oportunista y con frecuencia se involucra en brotes epidémicos en unidades de cuidados intensivos, causando septicemia, neumonía e infecciones del tracto urinario. Se caracteriza por ser multiresistente a los antibióticos, por lo que los carbapenémicos, constituyen una importante alternativa terapéutica utilizada en el tratamiento de las infecciones, especialmente en pacientes con infecciones graves producidas por esta bacteria. Sin embargo, durante la última década ha aumentado considerablemente el número de cepas multiresistentes. Esta característica se debe a la combinación de distintos mecanismos, entre los cuales se destaca la expulsión de los agentes antibacterianos, mediante diferentes sistemas de expulsión. La bomba de expulsión AdeABC representa al principal sistema de expulsión inespecífica de antibióticos en *A. baumannii*, siendo el gen *adeB* un indicador de la presencia de dicho sistema de expulsión.

En este trabajo se investigó, mediante la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), la presencia del gen *adeB* en 37 cepas de *A. baumannii* multiresistentes, aisladas en tres hospitales de la Región Metropolitana. En todas las cepas analizadas se detectó el gen *adeB*, lo cual ratifica la importancia de este sistema en la multiresistencia presentada por estos microorganismos.

P-055

Propiedades de superficie celular asociadas a la patogenicidad en el patógeno de salmón del Atlántico cultivado en Chile, *Streptococcus phocae*. (Study of surface properties associated with pathogenicity in the pathogen of Atlantic salmon cultivated in Chile, *Streptococcus phocae*.)

González-Contreras, A[1]; Oliva, H[2]; Godoy, M[3]; Avendaño-Herrera, R[2,4]

[1] Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Nacional Andrés Bello.

[2] Laboratorio de Veterquímica

[3] Laboratorio de Diagnóstico Biovac S.A.

[4] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Andrés Bello.

albertogonzalezcontreras@gmail.co

Streptococcus phocae es una bacteria Gram positiva que produce altas mortalidades sólo en salmón del Atlántico cultivado en Chile y durante los meses de verano cuando la temperatura del agua supera los 16°C. Con el fin de determinar las propiedades de patogenicidad en condiciones *in vitro* asociadas a la superficie celular del patógeno, se analizaron un total de 10 cepas identificadas como *S. phocae* mediante PCR. Además, con fines comparativos se incluyó la cepa tipo de la especie ATCC 51973^T, la cual fue aislada originalmente de infecciones ocurridas en focas. Todos los aislados fueron sometidos a pruebas de hidrofobicidad, aglutinación de sales, adherencia e invasividad, capacidad de provocar rompimiento celular, actividades enzimáticas, entre otras. Los resultados obtenidos muestran que las cepas de *S. phocae* aisladas a partir de salmón del Atlántico poseen un carácter hidrófobo y capacidad de precipitar con sales a una baja concentración. Además, se detectó propiedades de adherencias, pero con una reducida capacidad de invadir la línea celular CHSE ni producir la lisis de las células. Sin embargo, a pesar de carecer de la capacidad de aglutinar eritrocitos de especies salmónidas, *S. phocae* se mantiene cultivable dentro del suero y mucus de salmón del Atlántico. Es interesante señalar la existencia de diferencias entre la cepa ATCC 51973^T y los aislados de peces en algunas éstas pruebas. Este estudio constituye la primera evidencia de algunas de las estrategias que posee *S. phocae* para colonizar e invadir a salmón del Atlántico, particularmente debido a que las primeras barreras defensivas de los peces no serían capaces de neutralizar a este patógeno en condiciones *in vitro*.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT N°1090054

P-056

Detección y caracterización molecular de las primeras cepas de *S. flexneri* resistentes a quinolonas en Santiago, Chile. (Molecular Characterization of fluoroquinolone-resistant *Shigella flexneri* in Santiago, Chile).

Ulloa M T,[1], Gonzalez J .[1], Toro, C. S. [1] Camponovo R [2], Garcia P.[3] Braun S. [4], Porte L. [3-4]

[1]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile.2Integramedca.3 Lab. Microbiología,U Católica,4.Lab Microbiología,H militar. mtulloa@med.uchile.cl

En la diarrea por *Shigella* el tratamiento antimicrobiano reduce el tiempo de excreción , la duración de los síntomas y la incidencia de complicaciones, sin embargo se encuentra limitado por la alta prevalencia de cepas multirresistentes. Una alternativa son las fluoroquinolonas, pero en el extranjero ya se han descrito cepas resistentes.

El **objetivo** de este estudio es comunicar la detección y caracterización molecular de las primeras cepas de S *flexneri* resistentes a quinolonas en Chile, durante el verano 2008-2009. Las cepas fueron aisladas en 3 centros asistenciales de la RM: Integramédica; Lab. Microbiología U Católica y. Lab Microbiología H militar.

Las cepa corresponden a *Shigella flexneri* serotipo 6 biotipo boydii 88. Se investigó la CIM a Acido nalidixico y ciprofloxacina. Las mutaciones en las QRDRs mediante PCR- secuenciación; tipo y organización de integrotes por PCR y clonalidad mediante PFGE. **Resultados:** Las cepas presentaron CIM a ácido nalidíxico y ciprofloxacina de 32ug/ml y 4ug/ml respectivamente. Todas las cepas tenían mutaciones en *gyr*A 83 [TCG (Ser)]- TTG (Leu); 87 [GAC (Asp)] -TAC (Tyr); y 3 cepas mutaciones en *parC* 80 [AGC (Ser)] TTG (Leu). Las 8 cepas presentaron Integrones clase 2: intl2- dhfrla- aad1a. El análisis PFGE reveló varios grupos y diferentes a cepas del mismo serotipo aisladas anteriormente.

Estas cepas corresponden al primer reporte de *Shigella* resistentes a quinolonas en nuestro país. Las cepas presentan las mutaciones mas comunmente descritas en la literatura. Considerando estos antecedentes, el estudio de susceptibilidad y el uso racional de antimicobianos en *Shigella* adquiere mayor relevancia.

P-057

Identificación y caracterización del factor de transcripción tipo GATA en el hongo basidiomicete *Phanerochaete chrysosporium.* (Identification and characterization of a GATA transcription factor from the basidiomycete Phanerochaete chrysosporium)

Muñoz F., Canessa P., Vicuña R
Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile. fsmunoz@uc.cl

El hierro es esencial para todos los microorganismos, incluyendo a los hongos, debido a sus propiedades como elemento de transición capaz de modificar su estado de oxidación reversiblemente y gracias a esta cualidad participar como cofactor de distintas enzimas. En nuestro laboratorio se ha caracterizado un nuevo cluster de enzimas ligninoliticas en el hongo de pudrición blanca *P. chrysosporium*, de las cuales se ha visto que los transcritos de *mco4* responden ante la presencia de hierro en el ambiente. En este trabajo se comienza la búsqueda y caracterización de un factor de transcripción tipo GATA, tipo de factores capaces de responder ante la presencia de hierro. Así, gracias a la disponibilidad del genoma completo del hongo fue posible encontrar un modelo génico que respondiera a las características de este tipo de factor de transcripción. Además, a través de un análisis computacional sobre todo el genoma del hongo, fue posible hallar las secuencias de reconocimiento de este tipo de factor en diversos promotores, de los cuales se seleccionaron genes relacionados al metabolismo del hierro para ver si efectivamente existia una represión por hierro sobre la expresión transcripcional de estos, mediante qRT-PCR de cultivos suplementados con hierro a distintos tiempos; este ensayo estableció que existe una regulación transcripcional mediada por hierro en el hongo. Finalmente el gen fue clonado y se realizó un estudio de su comportamiento *In vivo* gracias a la expresión heteróloga del gen en una cepa de *N. crassa*, carente del ortólogo de este factor de transcripción (SRE).

Financiamiento. FONDECYT 1070588 y MIFAB

P-058 Efecto del regulador Crp en la expresión del operón *taiA-hlyE* en *Salmonella enterica* serovar Typhi"

(Role of Crp regulator in the *taiA-hlyE* operon expression in *Salmonella enterica* serovar Typhi)

Jofré, M. R.[1], Fuentes, J. A.[1] y Mora, G. C.[1]
[1] Laboratorio de Microbiología, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.
mjofreb@gmail.com

La isla de patogenicidad 18 de *Salmonella* Typhi (SPI-18) posee dos genes que codifican para factores de virulencia, *hlyE* y *taiA*, los cuales están organizados en un operón. El gen *hlyE*, ortólogo de *hlyE* de *Escherichia coli*, codifica para una hemolisina formadora de poros y *taiA* codifica para una invasina que promueve la fagocitosis de la bacteria. En *Salmonella* Typhi, *hlyE* se encuentra en un contexto genómico distinto al de *hlyE* de *E. coli*, y además es transcrito desde el promotor del gen *taiA*. En enterobacterias, los genes implicados en virulencia son controlados por reguladores globales en respuesta a cambios ambientales asociados a estrés. En *E. coli*, *hlyE* está controlado positivamente por el regulador global Crp en respuesta a la escasez de glucosa del medio. Hasta la fecha, se desconoce el rol de Crp en la expresión de *hlyE* y *taiA* en *S.* Typhi, y se desconoce también el efecto de la disponibilidad de glucosa del medio en la expresión de este operón. Utilizando fusiones transcripcionales, RT-PCR y ensayos de hemólisis de eritrocitos, se determinó el efecto de Crp en la expresión de *hlyE* y *taiA*. Se demostró que la ausencia de *crp* aumenta la expresión de estos genes aún cuando cambios en la concentración de glucosa del medio de cultivo no afectan su transcripción. A partir de estos resultados se concluyó que Crp reprime, directa o indirectamente, la expresión de *hlyE* y *taiA* en *Salmonella* Typhi. Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1060999.

P-059

Identificación y caracterización de los genes *cd* y *vr* de *Brettanomyces bruxellensis* involucrados en la formación de etil derivados en vinos. (Identification and characterization of *Brettanomyces bruxellensis cd* and *vr* genes involved in the production of ethyl derivates in wines)

García, V[1]., Godoy, L.[1], Osorio, P.[1], Martínez, C.[1,2], Ganga, MA.[1]
1: Universidad de Santiago de Chile, Facultad Tecnologica, Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos.
2: Centro de Estudios de Ciencia y Tecnología de los Alimentos.vgarcia1977@gmail.com

Los componentes aromáticos presentes en el vino provienen de la uva y del proceso fermentativo, siendo una mezcla compleja de compuestos orgánicos con características organolépticas diferentes. Dentro de estos compuestos, los fenoles volátiles (4-vinilfenol, 4-vinilguiacol, 4-etilfenol y 4-etilguiacol) afectan el aroma de los vinos. Una alta concentración de estos compuestos produce aromas descritos como "remedios", "animal", etc., los cuales afectan negativamente la calidad del vino. Los ácidos fenólicos, también llamados ácidos hidroxicinámicos, han sido descritos como inhibidores del crecimiento de algunos microorganismos. Por ello, los microorganismos que crecen en presencia de estos cuentan con rutas metabólicas que permiten transformarlos en compuestos menos tóxicos, como por ejemplo etilfenoles. Estos son producidos mediante la acción de dos actividades enzimática, una descarboxilasa y una vinil reductasa. En vinos el principal productor de etilfenol es la levaduras *Brettanomyces bruxellensis*. En nuestro laboratorio se han purificado las enzimas responsables de la formación de derivados etilos de los ácidos. Nuestro grupo ha trabajado en identificar estos genes en *B. bruxellensis*. En estos momentos contamos con la secuencia del gen *cd* de esta levadura. Para la actividad vinil reductasa, mediante el dominio bacteriano 4VR, se ha logrado determinar la posible secuencia del gen *vr* de *B. bruxellensis*. En estos momentos se dispone de un segmento de aproximadamente 1700 pb que contiene una zona con homología al dominio 4VR.

Financiamiento: Fondecyt 1080376

P-060

Modificaciones covalentes del Lipopolisacárido de *Shigella flexneri* contribuyen a la resistencia a la acidez extrema. (Covalent modifications of the *Shigella flexneri* lipopolysacharide contribute to resistance to extreme acidity)

Martinić, M., Hoare, A., Álvarez, S. y Contreras, I.[1]
[1] Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. E-mail: martinicmara@gmail.com

Shigella flexneri es un patógeno altamente resistente a la acidez extrema (pH 2,5), propiedad que contribuye a su virulencia. En otros patógenos entéricos se ha reportado que el lipopolisacárido (LPS) puede sufrir modificaciones en respuesta a condiciones ambientales; como la adición de aminoarabinosa y/o fosfoetanolanima al lípidoA-core y la glisosilación del antígeno O (AgO). Los genes responsables de estas modificaciones son regulados por el activador transcripcional PhoP y el operón *gtr*, respectivamente.

Previamente demostramos que el AgO es necesario para la resistencia a pH ácido de *S. flexneri* y que una condición moderadamente ácida (pH 5,5) induce modificaciones del LPS; sin embargo se desconoce si estas modificaciones participan en la adaptación al pH ácido. En este trabajo demostramos, mediante un enfoque genético, que el nivel de glicosilación del AgO contribuye a la resistencia a pH ácido. Por otra parte, el análisis electroforético del LPS de mutantes *gtr* y de mutantes carentes de AgO indican que la acidez moderada induce modificaciones covalentes del LPS, diferentes a las glicosilaciones, probablemente en la región del lípido A-core. Sin embargo, éstas no dependerían de la actividad de PhoP.

Estos resultados sugieren que la glicosilación y otras modificaciones covalentes del LPS podrían ser parte de los mecanismos de adaptación de *S. flexneri* a la acidez extrema.

Financiamiento. Proyecto Anillo-ADI-08/2006.

P-061

Efecto del sistema de dos componentes PhoP/Q en la regulación del factor sigma alternativo RpoS en *Salmonella* Typhi (Effect of PhoP/Q in the regulation of RpoS in *Salmonella* Typhi)

Morgado, J., Retamal, P., Fuentes J.A., y Mora, G. Laboratorio de Microbiología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello. J.morgado.g@gmail.com

El factor sigma alternativo RpoS es un regulador global de la expresión génica en bacterias, responsable de la activación de genes en respuesta a estrés, (estrés oxidativo, shock osmótico, bajo pH y fase de crecimiento, entre otras). La regulación de RpoS es compleja, se produce a nivel de transcripción, traducción y estabilización de la proteína. Se ha demostrado que PhoP/Q participa en la regulación de RpoS en *Salmonella* Typhimurium. PhoP/Q, es considerado como el regulador global de las funciones de virulencia de *S.* Typhimurium, en condición de bajo Mg^{2+} y bajo pH

Objetivos: Determinar si PhoP/Q participan en la regulación de RpoS en diferentes condiciones de estrés en *S.* Typhi

Métodos: Para evaluar el papel de PhoP/Q en *S.* Typhi, se utilizaron las mutantes *rpoS::cam*, *phoP::cam*, la doble mutante *rpoS::cam/phoP::cam*, y las respectivas cepas complementadas. Se evaluó crecimiento y supervivencia en H_2O_2 en diferentes medios.

Resultados: En los ensayos de supervivencia a H_2O_2 en fase estacionaria, la mutante en *phoP::cam* no mostró mayor resistencia a estrés oxidativo en comparación a la cepa parental. En estrés ácido se observó mayor supervivencia de la mutante *phoP::cam* al igual que en medio LB 400 mM de NaCl y bajas condiciones de Mg^{+2}. Por lo que PhoP/Q está involucrado en la resistencia a estrés oxidativo dependiente de RpoS en diferentes medios.

Conclusión: En *S.* Typhi el factor sigma RpoS juega un papel importante en función de la fase de crecimiento. Las evidencias sugieren que PhoP/Q participan en la regulación de RpoS. Estos resultados se contraponen a lo descrito previamente en *S.* Typhimurium, y por lo tanto PhoP/Q estaría involucrado en la represión de RpoS.

Financiamiento. Fondecyt 1060999

P-062

Clonamiento y Expresión del Sistema de Secreción Tipo IV de *Helicobacter pylori* en *Escherichia coli* Medido Mediante la Inducción de Fenotipo Colibrí en Células AGS.

(Cloning and expression of *Helicobacter pylori* type IV secretion system in *Escherichia coli* measured by induction of hummingbird phenotype in cultured AGS cells)

Contreras O[1], Palacios JL[1], Bruce E[1], Mansilla I[1] y Venegas A[1]

[1] Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Vacunas. Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. locontre@uc.cl

El sistema de secreción tipo IV (T4SS) de *Helicobacter pylori*, codificado en la región del islote de patogenicidad de Cag (PAI) contiene alrededor de 30 genes en 40kb, incluyendo *cag*A. Este sistema transloca la proteína CagA al citoplasma de células epiteliales del hospedero, promoviendo colonización y cáncer gástrico. Este T4SS se ha caracterizado por similitud con el T4SS de *Agrobacterium tumefaciens* pero sólo algunos componentes del T4SS de *H. pylori* se han identificado, definiéndolo como un sistema incompleto. Para explorar si genes externos al PAI participan en la secreción, el islote completo de *H. pylori* J99 fue clonado en *E. coli*. El PAI fue ligado al fósmido pEpiFOS-5 y transferido a *E. coli* DH5α. Se aisló un solo clon con el islote completo. Sin embargo, el gen *cag*A, ubicado en un extremo, presentó una deleción y se complementó con *cag*A de la cepa G27 contenido en un plásmido. La funcionalidad del islote se evaluó por la inducción del fenotipo colibrí en células AGS infectadas con *E. coli*. Se encontró que infección con *E. coli* con PAI complementado con el gen *cag*A de G27 indujo este fenotipo. Los resultados mostraron que las células AGS después de 48hrs de infección (MOI ~ 100) contenían un 30% de células con fenotipo colibrí comparadas con 45.5% obtenido con *H. pylori* G27 y 5% en las células controles. Esto sugiere que cagPAI funciona en células *E. coli* y que CagA es translocado y probablemente fosforilado en las células AGS.

Financiamiento: CTU06 Biomedicina y Fondecyt 1085232.

P-063

Rol de la arginina 66 y la histidina 99 en el regulador transcripcional Fur de *Helicobacter pylori.* (Rol of the arginine 66 and histidine 99 in the transcriptional regulator Fur of *Helicobacter pylori*).

Toledo, H y Villafaena, C.
Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

El factor transcripcional Fur es un represor de la captura de hierro en bacterias Gram-negativas y positivas. También, está descrito que participa como un regulador frente a condiciones de acidez del medio. En *Helicobacter pylori* hemos identificado que la bacteria responde a condiciones moderada de acidez de manera Fur dependiente. En *Salmonella Typhimurium* los amino ácidos R57 y H90 de Fur estarían involucrados en su función. El aliniamiento de las secuencias amino acídicas del Fur de *S.* Typhimurium con el de *H. pylori* muestra que estos amino ácidos están conservados y corresponderían a la R66 y la H99 en la secuencia del Fur de *H. pylori*. En este trabajo analizamos la función de la R66 y la H99. Mediante mutagénesis sitio dirigida se introdujeron las sustituciones R66A y H99A en el Fur de *H. pylori* y mediante ensayos de funcionalidad con el sistema reportero *E. coli* H1780 *fiu-lacZ*. Con las construcciones obtenidas, en distintas condiciones de pH y de disponibilidad de hierro, observamos alteraciones en la función represora de Fur y en la capacidad de crecer en medio ácido. También, mediante la construcción de la cepa mutante *H. pylori* Fur-R66A, que posee la sustitución R66A en la proteína Fur, mediante experimentos de PCR-reverso, que midieron la expresión del gen *speA* en diferentes condiciones de acidez, se determinó que el residuo de R66 del factor transcripcional Fur de *H. pylori* estaría implicado en la detección de los cambios de pH y la respuesta de adaptación al estrés ácido en esta bacteria.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT # 1085193.

P-064

Cepas de H. Pylori aisladas de pacientes mapuches presentan alta conservación de secuencia en la región de fosforilación del gen *cagA*
(*H. pylori* strains isolated from Mapuche patients present high sequence conservation at the phosphorylation region of the cagA gene)

Diaz R[1]., Mansilla I[1]., Catrileo C[1]., Villagran A[2]., Harris P[2]., Venegas A[1].
[1]Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica. [2] Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, P. Universidad Católica de Chile. rddiaz@uc.cl

Helicobacter pylori, un Gram negativo, presente en el 73% de la población chilena, es considerado uno de los principales agentes causantes de enfermedades gastrointestinales y ha sido asociado al desarrollo de cáncer gástrico. La proteína CagA, un factor de virulencia, es translocada desde el citoplasma bacteriano hacia células epiteliales gástricas del hospedero, via un sistema de secreción tipo IV. Una vez dentro de la célula, CagA es fosforilada por protein-quinasas del hospedero del tipo Src. La fosforilación ocurre en residuos de tirosina conservados en los motivos EPIYA de la región C-terminal. CagA fosforilado altera múltiples vías de señalización intracelular como proliferación celular, morfología celular, apoptosis, respuesta inmunológica, etc. La secuenciación de CagA han revelado distintos tipos de motivos EPIYA: A, B, C y D. El número (1 a 6) y el tipo de motivo EPIYA presente en la cepa, se ha relacionado directamente con la virulencia de la misma. Los motivos EPIYA-C (occidental) y EPIYA D (Oriental-Asiático) han sido asociados a cepas más agresivas en relación a cáncer gástrico. Se ha descrito que la población autóctona Mapuche tiene alto riesgo de desarrollar cáncer gástrico. Para caracterizar el tipo de cepas presentes en la población Mapuche se determinó por PCR número y secuencia de los EPIYA de *cagA* en 9 pacientes. Se encontraron 3 EPIYAS (ABC) y gran conservación de secuencia aminoacídica, rasgos que no representan una cepa agresiva. Estos resultados se contraponen con el riesgo de cáncer gástrico descrito en esta población.

Financiamiento: FONDECYT #1085232, Consorcio BMRC CTU06 Area 5.

P-065

Análisis de los espacios intergénicos 16S-23S rRNA de cepas de *Vibrio anguillarum* y *Vibrio ordalii* aisladas a partir de peces de cultivo (Analysis of16S–23S rRNA gene internal transcribed spacer of Vibrio anguillarum and Vibrio ordalii strains isolated from fish)

Fernández J[1] & **Avendaño-Herrera, R** [1,2]
[1] Laboratorio de Veterquímica
[2] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Andrés Bello.
reavendano@yahoo.com

Los espacios intergénicos 16S-23S rRNA (ITS) son muy útiles en el estudio de la biodiversidad de comunidades bacterianas porque son regiones hipervariables en secuencia y tamaño aún entre cepas de la misma especie, y permiten inferir relaciones filogenéticas y estimar la divergencia evolutiva. *Vibrio anguillarum* y *Vibrio ordalii* (antes *V. anguillarum* biotipo 2) son dos patógenos acuícolas recientemente asociados a brotes en salmón del Atlántico en Chile. Pese a diferir en las propiedades bioquímicas como la reacción de la arginina dihidrolasa, β-galactosidasa, Voges– Proskauer y crecimiento a diferentes temperaturas, a nivel de secuencias del gen 16S rDNA, ambas especies muestran un alto grado de similitud como revelan los ensayos de hidridización DNA-DNA. El objetivo del presente trabajo es analizar el ITS de cepas chilenas de cada uno de estos patógenos. Además, se incluyó en el estudio las cepas de referencias de *V. ordalii* ATCC 33509^T and *V. anguillarum* ATCC19264 (serotipo O2). Al emplear la técnica de PCR y los partidores universales G1 y L1 (Jensen et al. 1993), todas las cepas estudiadas mostraron 5 productos de amplificación de tamaños entre 917 y 437 pb. De cada uno de los fragmentos, excepto aquel de 437 pb, tres clones fueron obtenidos y analizados. Los productos fueron designados como ITS-1, ITS-2, ITS-3 e ITS-4. El ITS-1 predice los genes que codifican proteínas, $tRNA^{Glu(TTC)}$, $tRNA^{Lys(TTT)}$, $tRNA^{Ala(TGC)}$ y $tRNA^{Val(TAC)}$, mientras el ITS-2 fue similar a la secuencia del ITS-1, pero sin el $tRNA^{Val(TAC)}$. En el caso del ITS-3 contiene los $tRNA^{Ala(TGC)}$ y $tRNA^{Ile(GAT)}$, mientras que el ITS-4 presenta sólo $tRNA^{Ala\ (GGC)}$ o $tRNA^{Glu(TTC)}$. En cuanto al número de copias de operones ribosomales (*rrn*) en el cromosoma de cada una de las especies, *V. ordalii* tiene al menos entre 6 a 7 *rrn* y *V. anguillarum* al menos 7. Las secuencias de los ITS-1, ITS-2 e ITS-3 entre *V. anguillarum* y *Vibrio ordalii* muestran una similitud entre 97,2% a 100%. Si bien, se detectó una pequeña variación en las secuencias del ITS-4, ésta no es suficiente para distinguir entre estas dos especies de *Vibrio* filogenéticamente relacionadas. Los resultados obtenidos nos permiten confirmar la existencia de una cerrada relación genética entre *V. anguillarum* y *V. ordalii*, así como sugerir que probablemente estas especies descienden de un ancestro común en la línea de la familia *Vibrionaceae*.

Financiamiento: Proyecto IPC 019 (Programa Bicentenario – CONICYT, Chile).

P-066

Expresión y prevalencia del sistema CRSIPR/Cas en *Acidithiobacillus ferrooxidans*. (Expression and prevalence of the CRISPR/Cas system in *A. ferrooxidans*.)

Cristian Silva, Paulo Covarrubias, Pamela Nieto, David Holmes, Raquel Quatrini.
Centro de Bioinformática y Biología Genómica, FCV-MIFAB-UNAB Santiago, Chile.
E-mail: cristian.biotecnologo@gmail.com

En un porcentaje substancial de los microorganismos secuenciados a la fecha se ha encontrado un arreglo genético particular, consistente de un número variable de secuencias cortas de DNA, repetidas en tándem, y separadas entre sí por secuencias no repetitivas de similar tamaño. Dichos arreglos han sido denominados Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats (CRISPR). Evidencia bioinformática y experimental generada en los últimos años indica que los arreglos CRISPR y un grupo de proteínas asociadas, designadas CAS (por CRISPR Associated), constituyen un "sistema inmune" microbiano dirigido contra bacteriófagos y otros elementos móviles. El estudio bioinformático del genoma de *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270 (AFE) reveló la presencia de un posible sistema CRISPR/CAS inserto en una isla genómica de 300 Kpb. A diferencia de la mayoría de los CRISPR conocidos, el sistema $CRISPR_{AFE}$ presenta un cierto grado de variabilidad a nivel de los repetidos, además de un grupo novedoso de proteínas CAS. A la fecha se desconoce si este representa un sistema funcional o en degeneración. Para empezar a responder esta interrogante se evaluó la expresión tanto de los repetidos como de las proteínas CAS asociadas mediante técnicas de biología molecular. La evidencia obtenida sugiere que el sistema $CRISPR/CAS_{AFE}$ se expresa tanto en la fase de crecimiento exponencial como en la estacionaria, pero que los repetidos son objeto de procesamiento principalmente a tiempos tardíos de crecimiento. Adicionalmente, se analiza la evidencia obtenida en relación a la prevalencia de este locus en otras cepas de la especie y se discuten sus implicancias.

P-067

Estudio del rol y regulación de la porina OmpL de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium. (Role and regulation study of OmpL porin from *Salmonella enterica* serovar Typhimurium)

José Miguel Villarreal [1], Juan Ignacio Gutiérrez [1], Nelson Caro [1], Bernardo Collao [1], Catalina Chahuán [1], Ismael Hernández-Lucas [2], Edmundo Calva [2], Claudia Saavedra [1].
[1] Universidad Andrés Bello
[2] Universidad Nacional Autónoma de México.
josemiguelva@gmail.com

Las porinas son proteínas de membrana externa que forman canales acuosos que permiten el paso de solutos hidrofílicos, tóxicos y nutrientes a través de la membrana externa de la bacteria.
El gen *yshA* que codifica para la porina OmpL, ha sido descrito como el responsable de mantener la homeostasis redox del periplasma, en conjunto con DsbA en *Escherichia coli*, permitiendo la difusión de pequeñas moléculas oxidantes o reductoras aún no identificadas. Ensayos preliminares en nuestro laboratorio han demostrado que el gen *yshA* de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium es requerido en la resistencia al tóxico generador de especies reactivas de oxígeno ROS, Metil Viológeno (MV). Además este gen es parte de un operón que transporta y procesa azúcares, y podría jugar un rol en el estrés oxidativo y formación de biofilms.
Hemos identificado que el operón es regulado por CRP y H-NS por medio de ensayos de transcripción *in vivo*, y que se su expresión aumenta en presencia de MV. También hemos comprobado que el gen *yshA* no participaría en la homeostasis del periplasma en *S.* Typhimurium por medio de ensayos de fosfatasa alcalina, motilidad y resistencia a DTT. En ensayos de expulsión *in vivo* e *in vitro* con liposomas reconstituidos determinamos que glutatión y peróxido de hidrógeno son transportados a través de OmpL desde el periplasma al extracelular, lo que confirmaría el rol dual en el transporte de moléculas a través de porinas.
Financiamiento. Fondecyt N°1085131, DI-UNAB 14-06/I y DI-50-09/R

P-068

Aislamiento y caracterización del gen arsenito oxidasa de *Pseudomonas* sp. FN-41. (Isolation and characterization of arsenite oxidase gene from *Pseudomonas sp.* FN-41).

Badilla, C[1]., Campos, V[1,2]., Mondaca, M. A[1].
[1] Laboratorio Microbiologia Ambiental, Departamento de Microbiologia, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
[2] Centro EULA-Chile. Universidad de Concepción.
cbadilla@udec.cl

El ciclo biogeoquímico del arsénico se encuentra regulado principalmente por la actividad bacteriana reductora y oxidante del metaloide. La oxidación de arsenito es un mecanismo de detoxificación del metaloide, que se relaciona con la presencia de una arsenito oxidasa.
El objetivo del presente trabajo fue caracterizar el gen arsenito-oxidasa de *Pseudomonas* FN-41, resistente a arsenito. Esta cepa fue aislada desde sedimentos del río Camarones (XV Región, Chile). Se estudió la ubicación celular de la enzima mediante la formación de esferoplastos, ruptura celular por prensa French y ultracentrifugación. La actividad enzimática se determinó mediante la reducción de DCIP (dicloroindofenol). La presencia del gen arsenito oxidasa se determinó mediante PCR. El producto de PCR fue clonado y secuenciado. Se realizó el análisis de comparación de secuencia aminoacidica mediante EMBOSS Pairwise Alignment Algorithms.
Los resultados muestran que el 74.8 % de la actividad enzimática total se encontró en la fracción periplasmática y el 87.1% en la fracción soluble obtenida por ultracentrifugación. Por PCR se obtuvo un amplicón de 1211 pb que corresponde a la subunidad mayor de la arsenito oxidasa. Se encontró una similitud aminoacídica del 45.1% con el gen *aoxB* de *Cenibacterium arsenoxidans*, un 49.6% con *asoA* de *Alcaligenes faecalis* y un 40.3% con *aroA* de *Rhizobium sp.* NT-26.
Los resultados permiten concluir que la arsenito oxidasa de *Pseudomonas sp.* FN-41 se ubica a nivel de espacio periplasmico y es codificada por genes distintos a los reportados.
Financiamiento. Fondecyt 111110

P-069

Genes codificados en la isla de patogenicidad IG-*asnT* son necesarios para la supervivencia intracelular de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis en macrófagos murinos. (Genes encoded in the *S.* Enteritidis pathogenicity island GEI-*asnT* are required for intracellular survival in murine macrophages.)

Quezada C. P.[1, 2], Zaldívar, M.[2], Contreras, I.[2] y Santiviago, C. A.[1]
[1]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. [2]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. carolina.pqb@gmail.com

Salmonella Enteritidis es actualmente el serovar de *Salmonella* más prevalente a nivel mundial. Mediante análisis bioinformáticos, identificamos una región del genoma de *S.* Enteritidis que se encuentra ausente en el genoma de otros serovares de *Salmonella* comúnmente aislados a partir de muestras clínicas. Esta región corresponde a una isla de patogenicidad que denominamos IG-*asnT*. En ella se encuentran genes que codificarían proteínas estructurales de un *pilus* tipo IV (SEN1977), una proteina involucrada en movilización de plasmidios (SEN1980) y TlpA (*TIR- like protein A*), que presenta homología con proteínas eucariontes que participan en la respuesta inflamatoria. En este trabajo se estudió la capacidad de mutantes en genes presentes en IG-*asnT* para sobrevivir al interior de macrófagos murinos *in vitro*. Nuestros resultados muestran que mutantes en los genes *SEN1977*, *SEN1980* y *tlpA* presentan una supervivencia intracelular disminuida en estos macrófagos en comparación a la cepa silvestre. Además, TlpA participaría en el proceso por el cual *S.* Enteritidis induce muerte celular de los macrófagos infectados. Por otra parte, determinamos que TlpA se produce en distintas condiciones *in vitro*, así como al interior de macrófagos infectados *in vitro*. El resto de los genes presentes en la isla no participa en la expresión ni en la producción de la proteína TlpA en las condiciones estudiadas. Estos resultados entregan nueva evidencia sobre factores de virulencia de *Salmonella* Enteritidis, involucrados en su adaptación a células hospederas y que pueden explicar en parte su prevalencia sobre otros serovares.

Financiamiento: Proyecto Anillo ADI-08/2006.

P-070

La disponibilidad de oxígeno afecta la expresión de los reguladores del largo de cadena del lipopolisacárido de *Salmonella entérica* serovar Enteritidis. (Oxygen availability affects the Expression of LPS chain-length regulators of *Salmonella entérica* serovar Enteritidis)

Álvarez, S.A, Tobar, P., Santiviago, C., Zaldívar, M., y Contreras, I.
Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. salvarez@uchile.cl

La adaptación de los patógenos a los ambientes del hospedero es clave para el éxito de la infección. En *Salmonella* Enteritidis, un patógeno de alta prevalencia mundial, la disponibilidad de oxígeno regula la expresión de factores de virulencia y de estructuras de la superficie bacteriana, como el lipopolisacárido (LPS). Anteriormente mostramos que los reguladores transcripcionales de la respuesta a la anaerobiosis ArcA y Fnr participarían en la regulación del LPS por oxígeno. Esto afecta la producción de las distribuciones modales del antígeno O (AgO) larga y muy larga (VL), determinadas por los reguladores Wzz y Wzz_{fepE}, respectivamente. Este trabajo profundiza la investigación del efecto del oxígeno sobre el LPS (perfil electroforético) y la transcripción de *wzz* y wzz_{fepE} (fusiones transcripcionales) en *S.* Enteritidis PT4. EL LPS de la cepa silvestre crecida aeróbica o anaeróbicamente en medio LB fue similar. En cambio, cuando se cultivó en medio E aeróbico (con glucosa o glicerol como fuente de carbono), el LPS no presentó VL-AgO. Bajo esta condición, la transcripción de wzz_{fepE} disminuyó 5 veces respecto al cultivo anaeróbico y el VL-AgO se recuperó al sobreexpresar Wzz_{fepE}, indicando que en nivel de esta proteina sería responsable del efecto. Por su parte, la cepa mutante Δ*arcA* no produjo VL-AgO tanto en aerobiosis como en anaerobiosis, en cambio la mutante Δ*fnr* presentó VL-AgO en ambas condiciones. Sin embargo, esto no correlacionó directamente con los cambios en la transcripción de Wzz_{fepE}, sugiriendo la existencia de mecanismos postranscripcionales involucrados en la regulación del nivel celular de esta proteina.

Financiamiento: Proyecto ADI08/2006

P-071

Caracterización genética y toxicológica de clones del dinoflagelado *Alexandrium catenella* productor de toxinas del VPM, aislados recientemente desde la Región de Aysén. (Genetic and toxicological characterization of clones of the PSP-toxin producing dinoflagellate *Alexandrium catenella*, isolated recently from Aysén region.)

Trefault N[1], **Pérez B**[1], Krock B[2], Delherbe N[1], Mujica J[1], Fuentealba M[1] y Vásquez M[1]
[1]Pontificia Universidad Católica de Chile
[2]Alfred Wegener Institut, Bremerhaven, Alemania
bmperez@ug.uchile.cl

Las floraciones algales nocivas corresponden a un aumento en la cantidad de determinadas microalgas fitoplanctónicas, algunas de las cuales son capaces de producir potentes toxinas. Es el caso del dinoflagelado presente en Chile *Alexandrium catenella* el cual produce neurotoxinas del tipo Veneno Paralizante de Moluscos (VPM), grupo de toxinas que bloquean los canales de sodio dependientes de voltaje.

El objetivo de este trabajo fue realizar una caracterización genética y toxicológica de los clones A50C1 y FR01 de *A. catenella* aislados en los años 2008 y 2009 respectivamente, desde la región de Aysén. Estos nuevos aislados fueron comparados con aquellos obtenidos el año 1994 desde la misma región. La secuenciación y análisis de la región hipervariable D1-D2 del 28S rDNA arrojó un 95,7% de identidad entre todos los clones chilenos de *A. catenella*. El análisis del perfil de toxinas producidas por cada clon reveló grandes diferencias entre los clones actuales y los del año 1994. El clon A50C1 presenta 6,5 veces más unidades relativas de toxicidad que los clones aislados anteriormente, lo que significa que no sólo contiene mayor cantidad de toxinas por célula sino que además se trata de los análogos más tóxicos. El perfil de toxinas de los clones actuales es similar al de moluscos contaminados con toxinas localizados en Aysén.

Nuestros resultados suguieren que ha existido un cambio en los clones predominantes, lo cual puede deberse a reordenamientos en la ruta de biosíntesis o a la introducción de nuevos clones, por ejemplo, por aguas de lastre.

Financiamiento: Fondecyt 1080075 y Fondef Marea Roja MR07I 1005

P-072

Expresión del gen *gluQ-rs* en *Shigella flexneri*: ¿controlado por el promotor del gen adjunto, *dksA* y/o su propio promotor? (Expression of *gluQ-rs* gene in *S. flexneri*: under promoter control of upper gene, *dksA* and/or its own promoter?)

Caballero, V., Maturana, C., Carrasco, R., Pezoa, D., Salazar, J.C.
Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
Valeria.caballero.c@gmail.com

La patogénesis de *Shigella flexneri*, bacteria responsable de shigelosis en humanos, depende de genes codificados en un plásmido de virulencia, cuya expresión se regula por una cascada de activadores, siendo VirF, el regulador general. La ausencia de modificaciones en el tRNA, como la base queuosina (Q34), disminuyen los niveles de VirF afectando la virulencia del patógeno. En *Escherichia coli* W3110, demostramos que la base modificada Q34, es posteriormente modificada mediante la adición de glutamato por la enzima glutamil-queuosina-tRNA sintetasa (GluQ-RS).

En *S. flexneri*, la organización genómica del gen *gluQ-rs* es idéntica a *E. coli* y otros microorganismos (*dksA–gluQ-rs*). Examinamos la expresión de ambos genes durante las etapas del crecimiento de *S. flexneri* y detectamos niveles constantes del mRNA. En cambio, analizando la co-transcripción observamos variaciones. Con estos resultados proponemos la presencia de algún elemento regulatorio de la expresión de *gluQ-rs* en la región intergénica. Estudiamos la existencia de un promotor utilizando fusiones transcripcionales. Diferentes fragmentos fueron clonados en el plásmido pQF50 y se midió la actividad β-galactosidasa. En las condiciones ensayadas, no se reconoció un promotor en la región intergénica y concluimos que la expresión de *gluQ-rs* depende exclusivamente del promotor de *dksA*. Además, mediante análisis bioinformáticos identificamos un posible terminador de la transcripción al inicio del gen *gluQ-rs*. La actividad β-galactosidasa en extractos obtenidos de bacterias transformadas con el plásmido recombinante que no posee el terminador, aumentó 7 veces, comparado con extractos de proteína cuyo gen posee el terminador, sugiriendo la funcionalidad de éste. Financiamiento: FONDECYT 1080308.

P-073

El canal CFTR no participa en la invasión de células epiteliales por *S.* Typhi (CFTR is not relevant in invasion of epithelial cells by *S.* Typhi).

Bravo D.[1], Hoare A.[1], Valvano M.A.[2], Contreras I.[1] [1] Fac. de Cs. Qcas. y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
[2] Microbiology and Immunology, Dental Sciences Building. University of Western Ontario, London, ON, Canada. denbravorod@yahoo.com

Se ha reportado que el canal de conductancia de cloruro de fibrosis quística (CFTR) es un receptor que media la internalización de *Salmonella enterica* serovar Typhi por células epiteliales. Además, se ha sugerido que el canal CFTR reconoce a la proteina PilS, principal componente estructural del pili tipo IV de *S.* Typhi, el cual sería necesario para la internalización de la bacteria a células epiteliales. En este trabajo, realizamos ensayos de invasión en células epiteliales BHK, utilizando una mutante en el gen *pilS* de *S.* Typhi. Los resultados confirmaron que el pili tipo IV contribuye a la invasión de este serovar a células epiteliales. También definimos que el defecto en la capacidad de invasión de *S.* Typhi no se debe a una menor capacidad de adherencia a la célula. Por otro lado, evaluamos si el CFTR participa en la internalización de *S.* Typhi mediante el reconocimiento del pili IV. Con este objetivo, realizamos ensayos de invasión en células epiteliales BHK que expresan la variante silvestre y con la mutación ΔF508 de CFTR, la cual disminuye la destinación de la proteína a la membrana plasmática. Nuestros resultados mostraron que CFTR no es relevante en la internalización de *S.* Typhi, ya que mostró la misma capacidad invasiva en células con CFTR silvestre y mutado. Más aún, mediante ensayos de inmunofluorescencia demostramos que no hay interacción directa entre *S.* Typhi y CFTR. En consecuencia, contrario a lo descrito anteriormente, CFTR no participa en la invasión de *S.* Typhi en nuestro modelo de estudio.

Financiamiento: Beca Apoyo de Tesis AT 24071038 Conicyt, ADI-08 Conicyt/Banco Mundial, Beca Estadías en el Extranjero Universidad de Chile (2007), Proyecto Anillos (ACT08/2006).

P-074

Análisis de la actividad proteolítica de *Penicillium. camemberti* cepa CECT 2267, y caracterización parcial del gen *aspA* que codifica para una proteasa ácida. (Analysis of the proteolytic activity from *Penicillium camemberti* strain CECT 2267 and partial characterization of the *aspA* gene encoding for an acid protease.)

Trebotich J[1], Espinosa Y[1], Bull P[2], Chávez R[1].
[1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
[2]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
Jovita.tz@gmail.com

La producción de proteínas heterólogas en hongos filamentosos tiene entre sus principales limitantes la degradación de las mismas por proteasas del hospedero. Mediante el uso del sustrato azocaseína, hemos analizado la producción de proteasas en el hongo modelo *Penicillium camemberti*. Nuestros resultados indican que comparado con cepas control, *P. camemberti* sería un productor moderado de proteasas, y por tanto apropiado para la producción de proteínas recombinantes. Dado que en hongos filamentosos se ha descrito que la principal contribución a la actividad proteolítica extracelular proviene de proteasas ácidas (aspartil proteasas), decidimos comenzar la caracterización genética de esta actividad. Usando técnicas de PCR y "Genome Walker", hasta ahora hemos secuenciado 2.232 pb del extremo 5' del gen *aspA*, que codificaría para una aspartil proteasa de *P. camemberti*. De la secuencia, 1.607 pb corresponden a la región promotora y 625 pb al marco de lectura abierto del extremo amino terminal, el cual contiene un intrón. El análisis *in sílico* indica que este gen posee alta identidad con otras proteasas ácidas fúngicas. En la secuencia aminoacídica deducida de AspA se observa una zona característica que correspondería al péptido señal de esta proteína. Además, se encontraron residuos importantes, entre ellos glicina 74, que correspondería al posible sitio de corte de una pro-región, indicando que la proteasa podría ser secretada como una proenzima. Finalmente, análisis de Southern blot sugieren que *P. camemberti* tendría sólo una copia de este gen, sugiriendo la existencia de una única aspartil proteasa ácida en este organismo.

Financiamiento: FONDECYT 11060003 y DICYT-USACH

P-075

Obtención de una cepa de *Shigella flexneri* 2457T mutante en el gen *gluQ-rs*. Caracterización fenotípica y análisis transcripcional. (A *Shigella flexneri* 2457T *gluQ-rs* mutant strain obtained. Phenotypic characterization and transcriptional analysis)

Maturana, C.[1,2], Pezoa, D.[1], Carrasco, R.[1], Caballero, V.[1], Salazar, J.C.[1]
[1] Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
[2]Área de Bioquímica, Facultad de Odontología, Universidad de Chile. cmaturana@med.uchile.cl

Shigella flexneri, enteropatógeno humano, es responsable de la Shigelosis, enfermedad que provoca sobre un millón de muertes anuales. Esta bacteria invade el epitelio intestinal gracias a proteínas codificadas en el plásmido de virulencia. La expresión de sus genes depende de los activadores transcripcionales VirB y VirF, siendo VirF el regulador general de la virulencia.
La ausencia de la base modificada queuosina (Q34) en algunos tRNAs disminuye los niveles de la proteína VirF y la patogenicidad bacteriana. En *E. coli*, la base Q34 del $tRNA^{Asp}$ es hipermodificada a glutamil-queuosina (gluQ34) por la glutamil-queuosina-$tRNA^{Asp}$ sintetasa (GluQ-RS). En *S. flexneri*, *gluQ-rs* se expresa constitutivamente. Proponemos que la modificación $tRNA^{Asp(gluQ34)}$ permite una mejor eficiencia de la lectura de codones GAU de aspártico del mRNA de *virF*.
Mediante transducción con el fago P1, obtuvimos una cepa de *S. flexneri* mutante en *gluQ-rs* utilizando una cepa de *E. coli* Δ*gluQ-rs::kan* como dadora. *In vitro*, la cepa crece similar a la silvestre y concluimos que el gen *gluQ-rs* no es esencial. Se analizó la transcripción del gen *virF* siendo detectable sólo cuando se utilizaron partidores del extremo 5' codificante. Análisis bioinformáticos nos permiten proponer que el gen *sitA* (codifica un sideróforo) posee un uso de codones similar a *virF*. En resultados preliminares no detectamos el transcrito de éste gen. Los mRNAs de *virF* y *sitA* presentan una mayor representación del codón GAU. Adicionalmente, no se detectaron diferencias en el transcrito del gen *virB*, donde el codón GAU no está sobre representado.
Financiamiento. Fondecyt 1080308.

P-076

Regulación de la producción de antígeno O por efecto de la alta osmolaridad y baja tensión de O_2 y su relevancia en la infección por *Shigella flexneri*
(Regulation of the O antigen production in response to high osmolarity and low O_2, and its effect on infection by *Shigella flexneri*)

Hoare A.[1], Bravo D[1]., Valvano M.A.[2], Contreras I.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. [2]Infectious Diseases Research Group, Siebens-Drake Research Institute, Department of Microbiology and Immunology, University of Western Ontario, Canada. ahoare@cig.uchile.cl

S. flexneri invade las células epiteliales colónicas. En el lúmen intestinal, este patógeno se encuentra con condiciones de alta osmolaridad y baja tensión de O_2. El lipopolisacárido (LPS) está en contacto directo con el ambiente. *S. flexneri* 2a produce LPS con antígeno O (AgO) bi-modal, una moda corta (S-AgO) y una larga (VL-AgO). En este trabajo demostramos que la alta osmolaridad y baja tensión de O_2 aumentan la producción tanto de S como de VL-AgO. Para evaluar si este aumento le confiere una ventaja en la infección, realizamos ensayos de resistencia al suero humano con la cepa silvestre y mutantes en cada uno de los reguladores del largo del AgO. Demostramos que se requiere del VL-AgO para la resistencia al complemento. Por otra parte, en ensayos de invasión a células epiteliales colónicas Caco-2, ambas mutantes fueron menos invasivas. Este defecto no se debió a una menor adherencia, como tampoco a una menor proliferación intracelular de las mutantes. Para definir si el LPS actúa como un ligando reconocido por la célula epitelial para la entrada de la bacteria, las células fueron preincubadas con LPS purificado desde las mutantes o con las cepas inactivadas por calor. Los resultados no mostraron una menor entrada de la cepa silvestre. En conjunto, estos resultados indican que el AgO de alto peso molecular participa en la invasión y en la resistencia al suero. Es posible que el ambiente intestinal regule la producción de este AgO para conseguir una infección exitosa.
Financiamiento: Proyecto Anillo ADI-08/2006 CONICYT/Banco Mundial. Beca de Apoyo de Tesis CONICYT A.Hoare.

P-077

MarA regula la expresión del gen *ompW* de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium en respuesta a estrés oxidativo (MarA regulates the expression of *ompW* gene from *Salmonella enterica* serovar Typhimurium in response to oxidative stress)

F. Gil[1]; **B. Collao**[1]; N. Pacheco[1]; N. Caro[1]; S. Parra[1] y C. Saavedra[1].
[1] Laboratorio de Microbiologia Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello. Ber.collao@gmail.com

Salmonella Typhimurium es un patógeno de amplio rango de hospedero, al colonizar, es fagocitada por el macrófago, en donde es capaz de resistir el ataque de una serie de especies reactivas de oxigeno (ROS), destacando el anión superóxido (O_2^-) y peróxido de hidrogeno (H_2O_2). *Salmonella* genera una serie de respuestas frente a estas moléculas, activando genes regulados por el regulón SoxRS, SoxR es un regulador constitutivo que censa la cantidad de O_2^- activando a SoxS, el cual se une a una serie de promotores de genes en respuesta al O_2^-.
El gen *ompW* de *Salmonella* Typhmurium codifica para una porina menor involucrada en osmorregulación. Evidencia de nuestro laboratorio indica que OmpW participa en la expulsión de moléculas toxicas como paraquat (PQ) y que su expresión es activada en presencia de este compuesto, el cual es un gatillador de O_2^- , mediante una regulación positiva por el factor transcripcional SoxS.
El regulador SoxS pertenece a una familia de reguladores transcripcionales AraC/XylS, dentro de los que encontramos a MarA y Rob. En *E.* coli las proteinas MarA y Rob comparten cerca de un 50% de identidad aminoacidica con SoxS, siendo la mas similar MarA.
El objetivo de este trabajo es evaluar la participación del regulador MarA en respuesta a PQ y su posible relación con la expresión del gen *ompW*.
Mediante ensayos de susceptibilidad a PQ, RT-PCR, Western Bloting y EMSA demostramos que MarA, al igual que SoxS, participa en respuesta a PQ, regulando la expresión de ompW.
Financiamiento. Proyecto Fondecyt 1085131, DI-UNAB DI-39-06/R

P-078

Caracterización Molecular del Factor de Iniciación de la Traducción 4E en *Trypanosoma cruzi*. (Molecular Characterization of Translation Initiation Factor 4E in *Trypanosoma cruzi*)

Castillo SP[1]., Márquez CA[1]., Villalobos NE[1]., Orrego PR[1]., Cortes W[1]., y Araya JE[1].
Laboratorio de Parasitología Molecular, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta.
porrego@uantof.cl

Uno de los mecanismos principales mediante el cual los eucariontes controlan la expresión de diversos genes es el control de las tasas de traducción, pudiendose esta controlarse en la iniciación, elongación y terminación, pero la regulación ocurre predominantemente en la iniciación. En células de eucariontes superiores el factor de iniciación de la traducción eIF4E, el cual se une al cap 5´ de los ARNm, juega un importante papel en el control del crecimiento celular. La sobre expresión de eIF4E en diferentes células de mamíferos deriva en su transformación maligna. La actividad de eIF4E es regulada a través de la fosforilación en una única serina (Ser53), estudios han demostrado que eIF4E es rápidamente fosforilado en presencia de factores de crecimiento celular, en este estado puede jugar un importante papel en el patrón de expresión génica durante la diferenciación celular.
De dicha molécula, en *Trypanosoma cruzi*, no se sabe nada. En nuestro laboratorio realizamos un análisis *in silico* en el genoma de *Trypanosoma cruzi*, evidenciando la existencia de este gen en el parásito. Nuestro objetivo es caracterizar desde el punto de vista molecular el factor de iniciación eIF4E presente en *Trypanosoma cruzi*, dada la importancia que tiene por la conexión con otras moléculas que están siendo estudiadas en nuestro laboratorio (Calcineurina). Para ello inicialmente, clonamos y caracterizamos este gen, utilizando diferentes técnicas moleculares.
Esta caracterización molecular puede ser el punto de partida, para otras investigaciones relacionadas a la funcionalidad de esta importante molécula de *Trypanosoma cruzi*.
Financiamiento: Fondecyt 1051045

P-079

Estudio genético del rasgo consumo de nitrógeno en cepas vínicas endémicas de Chile (Genetic study of the nitrogen uptake phenotype in Chilean endemic wine yeasts)

Contreras, A1. García, V1. Ganga, A 1. y Martínez, C 1,2.
1Departamento de Ciencia y Tecnología de Alimentos y 2Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de Alimentos, Universidad de Santiago de Chile.

La levadura *Saccharomyces cerevisiae* posee una gran variabilidad genética lo que ha permitido su aplicación en diferentes áreas, donde una de ellas es la industria vitivinícola. Los rasgos de interés enológico son en su mayoría poligénicos, como por ejemplo la tolerancia al etanol y la producción de acidez volátil. En este sentido, el consumo de fuentes nitrogenadas es de gran importancia para esta industria ya que un déficit de este nutriente en el mosto influye en el desarrollo de la levadura generando fermentaciones lentas o paralizadas, lo que se traduce en cuantiosas pérdidas.
Con el objeto de determinar la característica genética del fenotipo consumo de fuentes nitrogenadas, en este trabajo nosotros realizamos cruzamientos de dos cepas vínicas colectadas en Chile que presentaban consumos diferentes de nitrógeno, obteniéndose un híbrido que presentó un consumo intermedio al de las cepas parentales.
Posteriormente, este híbrido fue esporulado obteniéndose una descendencia con una distribución continua para el fenotipo analizado. Este resultado sugiere que este fenotipo también es poligénico. Además, otros parámetros genéticos fueron determinados.
Financiamiento: FONDECYT 1070154 y Beca CONICYT para estudios de Doctorado en Chile.

P-080

Predicción bioinformática de nuevo peptido sintetizado por la vía no ribosomal en *Cylindrospermopsis raciborskii cepa CS-505.* (Bioinformatic prediction of a new peptide synthesized by a non ribosomal pathway in C. raciborskii strain CS-505)

Fuentes J.J.[1], Stucken K.[2], Krock, B[2] . Mandakovic D.[1] y Vásquez M[1]. [1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile[2] Alfred Wegener Institute. jsfuente@uc.cl

La cianobacteria filamentosa fijadora de nitrógeno *C. raciborskii*, cepa CS-505, se caracteriza por ser productora de la hepatotóxica Cylindrospermopsina (CYN), la cual corresponde a un metabolito secundario sintetizado por enzimas del tipo NRPS (non-ribosomal peptide synthetase). Esta toxina es sintetizada por un complejo multienzimático codificado por un cluster génico de 41.6 kb. La presencia del cluster fue confirmada mediante el análisis del genoma de *C. raciborskii*. Además de identificar este cluster, utilizando el software de uso en línea *webcite*, (http://www.nii.res.in/nrps-pks.html). el cual utiliza como base de datos secuencias tipo NRPS/PKS (Non-ribosomal peptide synthase/polyketide synthase), descritas en actinomicetes, se logró identificar un cluster génico de alrededor de 37.6 kb, compuesto por cuatro genes tipo NRPS. Se realizó una reconstrucción filogénica en base a las secuencias aminoacídicas de los dominios de condensación, para determinar el sitio de inicio de la síntesis peptídica. En base a los resultados obtenidos, se generó un modelo estructural de un péptido cíclico no toxico nunca antes descrito, al que denominamos Cylindropeptólido, el cual presentaría actividad proteasa-inhibitoria, dada la presencia de un posible depsipéptido cíclico, Ahp (3-amino-6-hydroxy-2-piperidona), característico de péptidos no tóxicos ya descritos en otras cianobacterias. La expresión de los cuatro genes NRPS del cluster se confirmó mediante RTPCR después de 45 días de cultivo. Considerando el momento de expresión de los genes, se diseñó una estrategia de extracción y purificación para confirmar la existencia del péptido mediante análisis por cromatografía líquida y espectrometría de masas (LC/MS). El análisis de los resultados obtenidos y la posible función del cylindropeptolido son discutidos.
Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1080075

P-081

Ruta biosintética de la toxina cilindrospermopsina (CYN): ¿Cuáles son los genes que realmente forman parte de la ruta?

(Biosynthetic pathway of the toxin cylindrospermopsin (CYN): which are the genes really part of the pathway?)

Soto-Liebe K[1], Fuentes J J[1], Stucken K[2], Trefault N[1], Murillo A[1], Vásquez M[1]

[1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Pontificia Universidad Católica de Chile. E-mail: mvasquez@bio.puc.cl

[2]Alfred Wegener Institute for Polar and Marine Research, Bremerhaven, Alemania.

Diversas especies de cianobacterias que habitan cuerpos de agua dulce tienen la capacidad de sintetizar compuestos que pueden ser perjudiciales para animales y plantas. Estas toxinas han sido clasificadas como paralizantes, dermotoxinas y hepatotoxinas. Ejemplo de éstas últimas es la toxina cilindrospermopsina (CYN).

Recientemente ha sido descrito en *Cylindrospermopsis raciborskii* AWT205 un *cluster* génico (*cyr*) que sería el responsable de la síntesis de CYN. Éste codifica, entre otros, para una amidinotransferasa, un híbrido NRPS (nonribosomal peptide synthetase)/PKS (polyketide synthase) y una PKS. En uno de los extremos del cluster *cyr* se encuentra *cyrO*, cuya función es desconocida. Este cluster está presente en nuestro modelo de estudio *C. raciborskii* CS-505. Recientemente secuenciamos el genoma de CS-505 y hemos identificado que existen al menos 10 ORFs que codifican para proteínas que poseen más de un 75% de identidad aminoacídica con CyrO.

El *cluster cyr* se encuentra interrumpiendo en AWT205 y CS-505, un *cluster* que codifica para proteínas que participan en la maduración de hidrogenasas. En CS-505 el *cluster cyr* está flanqueado por *hypF* y *hupC*, el primer gen se encuentra invertido respecto de la orientación que presenta en la cianobacteria no productora de CYN, *Raphidiopsis brookii* D9. Utilizando partidores específicos amplificamos y secuenciamos una región de aproximadamente 2000 pb en 4 cepas de *C. raciborskii* no productoras de CYN e identificamos la presencia de *cyrO* entre los genes *hypF* y *hupC* en todas ellas. En este trabajo discutiremos respecto de la posible participación de *cyrO* en la síntesis de CYN.

Financiamiento. Fondecyt 1080075, FONDEF MR07I 1005

P-082

Identificación de una isla de patogenicidad inestable en el cromosoma de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis. (Identification of an unstable pathogenicity island in the chromosome of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis.)

Rodrigo Lizana[1], Hugo Tobar [1], Tania Quiroz [1], Carolina Quezada[2], Carlos Santiviago[2], Claudia Riedel[1,3], Alexis Kalergis[1], Susan Bueno[1]

[1]Núcleo Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Pontificia Universidad Católica de Chile [2]Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile [3]Laboratorio de Biología Celular y Farmacología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de la Salud, Universidad Andrés Bello.

Salmonella enterica serovar Enteritidis (*S.* Enteritidis) es una enterobacteria patógena capaz de causar cuadros de gastroenteritis en humanos y una enfermedad sistémica en ratones. Como otros serovares de *Salmonella*, *S.* Enteritidis posee islas de patogenicidad, las que pueden ser estables o inestables. En general, las islas de patogenicidad inestables poseen genes que codifican para integrasas, están bordeadas por secuencias directas repetidas y son capaces de escindirse de cromosoma y perderse. En este trabajo identificamos, mediante análisis del genoma completo de *S.* Enteritidis, una isla de patogenicidad inestable y evaluamos su capacidad de escisión y pérdida del cromosoma bacteriano. Utilizando herramientas bioinformáticas, identificamos una isla de patogenicidad presente sólo en el cromosoma de *S.* Enteritidis, que posee un gen que codifican para una integrasa y está bordeada por secuencias directas repetidas. Utilizando la técnica de PCR anidado determinamos que esta isla de patogenicidad puede escindirse del cromosoma bacteriano mediante dos eventos distintos de recombinación. Mediante PCR cuantitativo en tiempo real, determinamos que la escisión de la isla de patogenicidad ocurre con mayor frecuencia en etapas tempranas del crecimiento bacteriano. Además, utilizando una técnica de contraselección con tetraciclina, determinamos que la frecuencia de aparición de bacterias que pierden la isla de patogenicidad es baja y sólo ocurre cuando la escisión se produce por un solo tipo de recombinación. Nuestros resultados sugieren que la frecuencia de escisión de las islas de patogenicidad en *Salmonella* varía dependiendo de la condición de crecimiento y no necesariamente resulta en la pérdida de estos elementos genéticos inestables

Financiamiento. FONDECYT n° 1070352, FONDECYT n° 1050979, FONDECYT n° 11075060, FONDECYT n° 1040349, SavinMuco-Path-INCO-CT-2006-032296; IFS#B/3764-1, VRAID-INICIO 20/2007, Red-15 PBCT, y Millennium Nucleus on Immunology and Immunotherapy (P04/030-F).

P-083

Actividad micocida y elementos genéticos extracromosómicos en *Xanthophyllomyce dendrorhous*. (Mycocide activity and extrachromosomal genetics elements in *Xanthophyllomyces dendrorhous*).

Oriana Flores*, Vicente Oviedo, Juan Manuel Rozas, Victor Cifuentes, Marcelo Baeza. Depto. Ciencias Ecologicas, Fac. de Ciencias, Universidad de Chile. oriana.flores@gmail.com

La micocinogenia es un fenómeno presente en levaduras y que ha sido relacionado con la presencia de virus del tipo dsRNA y plasmidios lineales de dsDNA. Recientemente hemos determinado actividad micocida en la levadura *Xanthophyllomyces dendrorhous*, y en reportes previos se ha observado la presencia de dsRNA o plasmidios de dsDNA en algunas cepas. En el presente trabajo se analizó el contenido de elementos genéticos extracromosómicos (EGEs) de 11 cepas de *X. dendrorhous* y se relacionó con su respectivo espectro micocida. Además se analizó la actividad de extractos proteicos obtenidos a los largo de la curva de crecimiento de *X. dendrorhous*. El análisis de los EGEs muestra un alto grado de polimorfismo a nivel de dsRNAs entre las cepas, sin embargo, todas presentan plasmidios de dsDNA lineales de tamaños estimados de 5 y 2 kb. Durante la curva de crecimiento de *X. dendrorhous* se observa un aumento la actividad micocida de los extractos proteicos obtenidos durante la fase exponencial de crecimiento. Este aumento es diferencial ya que se observa inicialmente actividad sobre *Kloeckera apiculata* y después sobre *Rhodotorula sloffiae*. Del análisis por PAGE-SDS de los extractos obtenidos, se observa la aparición de una banda de alrededor de 30 kDa conjuntamente con la actividad sobre *K. apiculata* y otras bandas entre 25 a 29 kDa con la actividad sobre *R. sloffiae*. De los resultados obtenidos nos sugieren que la actividad de *X. dendrorhous* sobre ambas cepas sensibles se debería a toxinas distintas y las que probablemente estarían codificas en plasmidios de dsDNA.

Financiamiento: Fondecyt 11060157. * Becaria Conicyt.

P-084

Los marcos de lectura abiertos de la isla de patogenicidad 9 de *S.* Typhi participan en la interacción bacteria-célula hospedera. (The *S.* Typhi open reading frames found in the pathogenicity island 9 participate en the bacteria-host cell interaction.)

Velásquez JC[1], Berrocal L[1], Trombert A[1], Mora G[1].

[1]Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias Biológicas, Departamento de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Microbiología. Santiago, Chile. jcvelasquez@unab.cl

Salmonella enterica serovar Typhi es el agente causal de la fiebre tifoidea en el ser humano, su único hospedero. Durante la secuenciación de *S. enterica* sv. Typhi CT18, se identificó la isla de patogenicidad 9 (SPI-9), el cual contiene cuatro marcos de lectura abiertos (ORFs, de *open reading frames*), sin función conocida hasta el momento. Estudios bioinformáticos preliminares establecen que tres de estos ORFs, STY2876, STY2877, STY2878 tienen una alta identidad con un sistema de secreción tipo I, mientras que el cuarto ORF STY2875 codificaría una gran proteina, blanco del sistema de secreción tipo I. Con el objetivo de evaluar el rol de estos marcos de lectura en la patogénesis de *S.* Typhi, se obtuvieron mutantes que carecen del marco de lectura STY2875 así como de los marcos de lectura STY2876-2878, ambos a partir de la cepa silvestre STH2370, mediante la técnica de intercambio alélico descrita por Datsenko y Wanner. En ensayos de adherencia y de protección a gentamicina, se midieron los niveles de adherencia e invasión en líneas de células epiteliales HEp-2. La observación de los datos muestra una disminución en la adherencia de ambas mutantes con respeto a la cepa silvestre, pero sin cambios significativos en la invasión. Estos resultados sugieren una participación importante de los marcos de lectura de esta isla de patogenicidad en la interacción de la bacteria con el epitelio, evento inicial del proceso de patogénesis de *S.* Typhi.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1060999

P-085

Identificación mediante análisis genómico de las islas de patogenicidad SPI-19, SPI-20 y SPI-21 de *Salmonella*, codificantes para sistemas de secreción tipo VI (Genomic analysis identification of pathogenicity islands SPI-19, SPI-20 and SPI-21 of *Salmonella*, encoding Type Six Secretion Systems)

Jimenez, J.C. [1], Blondel, C. J.[1], Contreras, I. [1] y Santiviago, C. A.[2]
[1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.
[2]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
jjromaguera@yahoo.es

El sistema de secreción tipo VI (T6SS) representa un nuevo prototipo de secreción de proteínas en bacterias. Previamente, mediante estudios bioinformáticos realizados utilizando la información de los genomas bacterianos disponibles, se había identificado un único T6SS en *Salmonella*, codificado en la isla de patogenicidad 6 (SPI-6). Debido a que estos estudios sólo consideraron pocos de los genomas disponibles de *Salmonella*, en este trabajo nos centramos en identificar nuevos islas genómicas que codificaran putativos T6SS mediante análisis *in silico* de las secuencias de todos los genomas de *Salmonella* disponibles. El análisis de 44 genomas de *Salmonella* nos permitió identificar 3 nuevas islas que codifcan putativos T6SS, las cuales designamos SPI-19, SPI-20 y SPI-21. SPI-19 se encuentra presente en un subgrupo de serotipos de *Salmonella enterica* incluyendo Dublin, Weltevreden, Agona, Gallinarum y Enteritidis. Interesantemente, el T6SS codificado en SPI-19 esta filogenéticamente relacionado a sistemas descritos en *Vibrio cholerae* y *Aeromonas hydrophila* como esenciales para la interacción de las bacterias con células fagociticas. En este trabajo además analizamos el papel del T6SS codificado en SPI-19 en la interacción de los serotipos Gallinarum y Enteritidis con macrófagos murinos, mediante el análisis de las cepas silvestres y mutantes de genes esenciales para el funcionamiento de los T6SS.

Financiamiento: *Proyecto Anillo ADI-08/2006*

P-086

Genómica comparativa de bacterias autótrofas facultativas y obligadas: diferencias clave para la regulación del ciclo de Calvin y otros aspectos de la autotrofía (Comparative genomics of facultative and obligate autotrophic bacteria: key differences in Calvin Cycle regulation and other aspects of autotrophy)

Cárdenas J. P.[1], Esparza M.[1], Valdés J.[1], Quatrini R.[1] y Holmes D.S.[1,2]
[1] Center for Bioinformatics and Genome Biology (CBGB). Fundación Ciencia para la Vida, Millenium Institute for Fundamental and Applied Biology y
[2]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
juan.pablo.cardenas@gmail.com

Las bacterias autotróficas cumplen una función preponderante en sus respectivos nichos ecológicos como productores primarios de carbono. Utilizando la información genómica disponible, se realizaron comparaciones entre bacterias de autotrofia obligada y facultativa. Estos análisis detectaron diferencias en las propiedades génicas de las quimioautótrofas obligadas respecto a las de tipo facultativo. Una mayor riqueza en grupos de genes (posibles operones) asociados a fijación de CO_2, junto a la presencia de más de una copia del gen codificante para CbbR, regulador de los genes del ciclo de Calvin, además de un ciclo de Krebs interrumpido y una menor cantidad de transportadores de compuestos orgánicos, se distinguen en los organismos quimioautótrofos obligados como características diagnósticas. En este trabajo se comparó la filogenia construida en base al 16S rRNA con la obtenida en base a CbbR para un grupo de bacterias autótrofas. Esta comparación permite hacer inferencias acerca de cómo pudo evolucionar la autotrofia, obligada o facultativa, dentro de las proteobacterias y pone en evidencia cuáles son las principales habilidades con las que los autótrofos deben contar para enfrentar sus respectivos estilos de vida.

Financiamiento. Innova 08CM01-03, Fondecyt 1050063, 11060164 and 1090451, DI-UNAB 34-06, DI-UNAB 15-06/I y Microsoft Sponsored Research Award.

P-087

Predicción de genes y vías metabólicas para la obtención de energía en condiciones de anaerobiosis en la bacteria *Acidithiobacillus ferrooxidans*. (Genes and metabolic pathways predictions for anaerobic energy metabolism in the bacteria *Acidithiobacillus ferrooxidans*.)

Osorio, H.[1,2], Cárdenas, J.P.[1], Valdés, J.[1,2] and Holmes, D. S.[1,2]
[1]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia para la Vida.
[2]Andrés Bello University, Santiago, Chile.
hosoriou@gmail.com

Efficient bioleaching requires adequate access to oxygen to drive the biochemical reactions that underpin iron and sulfur oxidation and ultimately copper solubilization. However, microaerophilic or anaerobic conditions may occur in certain parts of the heap, especially in areas of intense microbial activity and in biofilms. Under anaerobic conditions, it has been shown that *Acidithiobacillus ferrooxidans* is capable of reducing metals such as iron and sulfur, and these reactions and their products may significantly impede efficient solubilization of copper and promote passivation of mineral surfaces. However, little is known about the electron transport and enzyme pathways used during anaerobic respiration in *A. ferrooxidans* and the sparse information available has not been linked to genome data, impeding a more detailed understanding of the versatility and dynamics of anaerobic respiration. This study was provoked by the need to fill this lacuna in our knowledge.

We report the prediction of genes and metabolic pathways potentially involved in anaerobic metabolism including energy, translation, fermentation and oxidative stress. In addition, predictions are made for how these metabolic routes might be regulated by Fnr, a master transcriptional factor that has bean shown to regulate many genes and pathways in anaerobic metabolism in other microorganisms. Several of these bioinformatics predictions have been validated by experimentation.

Financiamiento. UNAB DI-34-06-R, UNAB DI-15-06-I, Fondecyt 1090451,Microsoft Sponsored Research Award.

P-088

Evaluación de la citotoxicidad y búsqueda de los determinantes genéticos del péptidos antimicrobiano gicina A. (Evaluation of cytotoxicity and genetic determinants screening of antimicrobial peptides gicina A.)

Ferrer A.[1], Saavedra J. M.[1], Sepúlveda R.[1], Diaz C.[1], Navarro M.[1], Tello M.[2], Corsini G.[1]
[1]Laboratorio de Bacteriología Molecular, Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina, Universidad Diego Portales.
[2]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
aloferrer@gmail.com

En nuestro laboratorio hemos identificado un nuevo compuesto bioactivo con propiedades antibacteriana, de tipo bacteriocina, producido por la cepa de *Pseudomonas aeruginosa* O400, al que hemos denominado Gicina A. Esta bacteriocina posee una masa molecular de 7924 Da y actúa sólo sobre bacterias Gram positivas, permeabilizando su membrana celular. Debido a que no existen informes en la literatura de bacteriocinas producidas por bacterias Gram negativas que inhiban el crecimiento sólo de bacterias Gram positivas, y las posibles aplicaciones biomédicas, el estudio del efecto sobre células humanas y la búsqueda de los genes que codifican para esta bacteriocinas constituye un valioso aporte en el estudio de nuevos antimicrobianos.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la toxicidad que presenta gicina A sobre células eucarióticas y buscar los genes involucrados en la síntesis de esta bacteriocinas.

Para evaluar la actividad citotóxica se realizaron ensayos *in vitro* sobre lineas celulares normales y tumorales encontrándose que gicina A presenta una baja citotoxicidad sobre células eucarióticas.

Por otra parte, para encontrar los determinantes genéticos involucrados en la síntesis de gicina A se emplearon dos estrategia, por una parte se realizó una mutagénesis por transposición de *P. aeruginosa* O400 empleando un derivado del transposón Tn5 contenido en el vector pBSL202, generándose una colección de mutantes que presentaron los fenotipos de no producción de gicina A, producción disminuida de gicina A y aumento en la producción de gicina A., y por otra parte, se confeccionó una genoteca de *P. aeruginosa* O400 en *E. coli* empleando el cosmidio pHC79 encontrándose un grupo de clones que posee el fenotipo productor de gicina A.

Financiamiento. VRA-UDP CG13.03.25.015.

P-089

Prevalencia y caracterización de integrones clase 1, 2 y 3 en cepas de *E. coli* de ríos y lagos del sur de Chile. (Prevalence and characterization of class 1, 2 and 3 integrons among strains of *E. coli* from rivers and lakes of Southern Chile)

Yuly Lopez[1], **Tomas Kappes[1]**, Randall Singer[2], Helia Bello[1], Mariana Dominguez[1], Gerardo Gonzalez[1]
[1]Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Antibióticos.
[2]University of Minnesota. Faculty of Veterinary Medicine. Dept of Pathobiology, USA.
tkappes@udec.cl

La multiresistencia a antibióticos en medicina humana y animal ha generado problemas de salud pública a nivel mundial. Además, la presión selectiva ejercida sobre bacterias comensales, aisladas de ríos, lagos y suelo muestran que ellas pueden ser reservorio de genes de resistencia, potencialmente transferibles. El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de integrones clase 1, 2 y 3 en 814 cepas de *E. coli*, mediante hibridación en colonia y PCR. Se caracterizó la zona variable (ZV) de estos integrones por PCR y secuenciación. En el estudio de conjugación bacteriana, se utilizaron 5 cepas *intI1* (+) y una cepa *intI2* (+).
Los resultados indican 25 cepas con *intI*1 (3%), 2 cepas con *intI*2 (0,3%) y ninguna con *intI*3. Cinco ordenamientos se encontraron para la ZV en cepas con *intI1*: bla_{OXA1}+*aadA1* (2), *dfrA12*+*OrfF*+*aadA2* (2), *aadA1* (1), *aadA22* (12) y *dfrA7* (8). En cepas con *intI2* el ordenamiento fue: *dfrA1*+*sat*+*aadA1* (2). De las 5 cepas con *intI1*, sólo con 3 de ellas hubo conjugación, cuya frecuencia osciló entre $2x10^{-3}$ y 2,5 $x10^{-5}$ por célula receptora. Para la cepa con *intI2* la frecuencia de conjugación fue $9x10^{-5}$. Además, el perfil de susceptibilidad de las transconjugantes mostró co-transferencia de genes de resistencia. Se concluye que existe baja prevalencia de integrones clase 1 y 2 en ambientes acuáticos del sur de Chile, pero estos son transferidos por conjugación. Además se informa la primera descripción en Chile y cuarta en el mundo del gen *aadA22*.

P-090

Efecto antimicrobiano del cobre en plantillas de cuero "Protex Pies / King Cooper". (Antibacterial effect of cupper in leather insole "Protex Pies / King Cooper")

Askenasy, I., Norambuena, J., Espinosa, J., Wilkens, M.
Laboratorio de Microbiología Básica y Aplicada. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile. marcela.wilkens@usach.cl

El cobre posee propiedades antimicrobianas que han potenciado su aplicación en superficies, pinturas y en la fabricación de tejidos, con el fin de inhibir el crecimiento microbiano. Actualmente, el cobre se utiliza en superficies en ambientes clínicos para evitar la transmisión de patógenos. Las plantillas de cuero natural y aglomerado de cuero "Protex Pies/King Cooper" que se utilizan en el calzado están impregnadas con óxido de cobre (CuO) para controlar la flora bacteriana y fúngica asociada a los pies. En este trabajo, se analizó el efecto de las plantillas sobre tres microorganismos, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, y *Candida albicans*.
Se depositó un inóculo sobre trozos de plantilla impregnadas con CuO al 20, 10, 5 y 4% y se determinó la viabilidad en el tiempo hasta 5 horas. A la concentración de 20% de CuO, se observó una disminución de las unidades formadoras de colonias de todos los microorganismos analizados. Con CuO al 10% se inhibió el crecimiento de *P. aeruginosa* y *S. aureus*, en cambio *C. albicans* no fue afectado. *S. aureus* mostró más susceptible al óxido de cobre con inhibición del crecimiento con 5% de CuO. A la menor concentración ensayada (4%), no se observó efecto en la viabilidad en todos los microorganismos.
En conclusión, el cobre es un buen inhibidor del crecimiento bacteriano cuando es utilizado en la superficie de plantillas de cuero impregnadas con óxido de cobre, mostrando actividad tanto para bacterias, como para *Candida*.

P-091

Purificación y caracterización parcial de un péptido con actividad antibacteriana, aislado de una cepa de *Enterococcus faecalis*. (Purification and partial characterization of an antibacterial peptide, isolated from a strain of *Enterococcus faecalis*)

[1]**Toloza L.**, [1]Padilla C., [1]Lobos O.
[1]Departamento de Microbiología. Universidad de Talca. ltoloza@utalca.cl

El uso de preservantes químicos en la industria alimentaria ha llevado a la búsqueda de sustancias naturales, que cumplan con las normativas internacionales para la preservación de alimentos. Las bacteriocinas, péptidos con actividad antagónica producida por especies bacterianas surgen como alternativas naturales para la bioconservación: Cepas de *E. faecalis* han sido reconocidas por sintetizar éstos péptidos con actividad antibacteriana, los cuales han sido ya descritos. **Objetivo:** Determinar factores de virulencia en cepas de *E. faecalis* y la existencia de nuevas sustancias antimicrobianas no descritas con anterioridad. **Metodología**: Ensayos biológicos de actividad antibacteriana, PCR, diálisis, cromatografías de exclusión molecular e intercambio iónico, electroforesis en condiciones nativas y denaturantes y determinación de propiedades físico químicas de la sustancia antimicrobiana. **Resultado**: Se aisló, semipurificó y caracterizó un péptido con un peso molecular aproximado de 35.000 daltons, de amplio espectro antibacteriano no amplificable para factores de virulencia conocidos. **Conclusión**: Se obtuvo una sustancia con capacidad antagónica proveniente de *E. faecalis* de amplio espectro no descrita anteriormente

P-092

Evaluación *in vitro* de la actividad desinfectante de complejos metálicos de hierro, cobalto y níquel. (*In vitro* evaluation of disinfectant activity of iron, cobalt and nickel metal complexes).

Corsini G.[1], Atria A. M.[2] y Cortés-Cortes, P.[1]
[1]Laboratorio de Bacteriología Molecular, Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina, Universidad Diego Portales.
[2]Departamento de Química Inorgánica y analítica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.
gino.corsini@udp.cl

En los últimos años, la aplicación de complejos metálicos se ha incrementado en relación a su actividad como agentes antibacterianos y antifúngicos, así como también por sus propiedades citotóxicas como agentes antitumorales. En este trabajo hemos estudiado el efecto antimicrobiano *in vitro* de 7 complejos de metales de transición como agentes desinfectantes mediante ensayos de recuento de células viables sobre superficies tratadas.

Para ello previamente se sintetizaron los complejos: $[Co(2\text{-Fenilimidazol})_2(Ac)_2]$ **(1)**, $[Co(4\text{-fenilimidazol})_2(Ac)_2]$ **(2)**, $[Co(\text{pirazincarboxyaldehido})_2(H_2O)_2]$ **(3)**, $[Fe\ (5,6\text{-dimetilfenantrolina})_3]\ (ClO_4)_3(H_2O)$ **(4)**, $[Co\ (5,6\text{-dimetilfenantrolina})_3](ClO_4)_3(H_2O)$ **(5)**, $[Co(Imidazol)_2Cl_2(H_2O)]$ **(6)** y $[Ni(Imidazol)_2Cl_2(H_2O)]$ **(7)**, se caracterizaron mediante difracción de rayos-X de monocristal y se evaluó su actividad citotoxica *in vitro* sobre células eucarióticas.

Los resultados obtenidos en los ensayos sobre superficie, indican que todos los complejos sintetizados poseen actividad desinfectante a valores de concentración por sobre la concentración mínima inhibitoria (MIC). Pero cuando se emplean sustancias interferentes como aceite, leche o mezclas complejas, algunos de los complejos pierden su propiedad desinfectante, ya que la superficie previamente tratada con interferente enmascara el efecto antibacteriano a las concentraciones ensayadas. Por otra parte, los ensayos de citotoxicidad revelaron que los compuestos a concentraciones 10 veces por debajo de la MIC, no poseen efecto tóxico para células eucarióticas.

Financiamiento: Fondecyt 1071061, VRA Universidad Diego Portales.

P-093

Identificación de aislados silvestres de *Streptomyces* productores de compuestos bioactivos con propiedades antibióticas presentes en el Cajón del Maipo (Identification of wild type strain of streptomyces able to produce bioactive compounds with antibiotic properties in the Maipo Valley).

Soto P[1]., Polanco R.[2], Corsini G.[3], y Tello M[1]. ,
[1]Universidad de Santiago de Chile, Facultad de Química y Biología.
[2]Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Bioquímica.
[3]Universidad Diego Portales, Facultad de Medicina, Laboratorio de Bacteriología Molecular. Politasa1@hotmail.com

En microambientes complejos los microrganismos presentan una robusta comunicación química mediada por moléculas. Estas moléculas pueden actuar como señales de comunicación, inhibidores de crecimiento o promover el crecimiento de bacterias relacionadas. Además, son una importante fuente de antineoplásicos, antibióticos y en menor medida de antivirales. La diversidad de compuestos producidos en estos microambientes esta relacionada con el grado de endemismo del ecosistema. De esta forma para identificar nuevos compuestos bioactivos con propiedades antivirales, se tomaron muestras de tierra presentes en el bosque nativo del cajón del Maipo y se realizaron cultivos en medio mínimos en presencia de cicloheximida y nistatina para inhibir el crecimiento de hongos. Después de 20 días de cultivo se aislaron alrededor de 25 cepas de streptomyces. Estas cepas fueron crecidas en medios líquidos durante otros 20 días y posteriormente se realizaron extracciones orgánicas de los sobrenadantes de cultivo. La identidad genética de las cepas aisladas fue determinada mediante secuenciación de 16S RNA. Se analizaron las propiedades bioactivas de estos extractos determinándose que 5 de ellos presentan actividad antibiótica sobre bacterias Gram positivas o Gram negativas, sin embargo presentaron un bajo efecto antiviral sobre los virus analizados. Nuestros resultados indican que la microflora presente en los ecosistemas endémicos de Chile promete ser una buena fuente de nuevos compuestos bioactivos, con propiedades farmacológicas.

Financiamiento: Proyecto DICYT 020943TR, Proyecto Bicentenario PDA-20.

P-094

Caracterización molecular de resistencia a antimicrobianos en cepas de *Staphylococcus spp.* aislados desde otitis externa y pioderma en caninos. (Molecular characterization of antimicrobial resistance in strains of *Staphylococcus spp.* isolated from otitis externa and pyoderma in dogs).

Ulloa, M. [1], Muñoz, L. [2], Anticevic, S.[2], Borie, C. [2],

Molina, M. [1,2], Heresmann, M. [2], Abusleme, F. [2].
[1] Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile.
[2] Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, U. De Chile. mtulloa@med.uchile.cl

Staphylococcus spp, es parte de la microbiota de piel y mucosas de caninos, pero pueden causar pioderma y otitis, principalmente *S. intermedius* y en menor medida *S. schleiferi* y *S. aureus*. La terapia de estas patologías es empírica y prolongada, favoreciendo la resistencia antimicrobiana. El objetivo de este estudio fue caracterizar molecularmente la resistencia a antimicrobianos detectada fenotipicamente en *Staphylococcus spp* aislados de otitis y pioderma. Mediante PCR se investigó la presencia de genes de resistencia a macrólidos (*erm*B), tetraciclinas (*tet*M), B-lactámicos (*mec*A) y PCR-secuenciación para quinolonas (*gyr*A y *grl*A). De 170 cepas de *Staphylococcus spp* aisladas de otitis externa (53) y pioderma (117), 16 presentaron resistencia fenotípica a tetraciclinas, 1 cepa (*S. aureus*) a oxacilina, 15 a macrólidos y 15 a quinolonas. La detección del gen *tet*M fue de un 81,25% (13/16), *mec*A 100% y *erm*B 94% (15/18). De las 15 cepas R a quinolonas 8 fueron secuenciadas y todas presentaron mutaciones en *gyr*A en la posición 84 en el caso de *gyr*A reemplazando el aminoácido serina por leucina y además 2/8 cepas en *grl*A en la posición 80 se observó una sustitución de serina por isoleucina.

Nuestros resultados aportan información que podría ayudar a formular normas de uso racional de los antimicrobianos en veterinaria, considerando que cada día hay mayor número de consultas y tratamiento de mascotas . Finalmente hay que destacar que se detectó por primera vez a nivel nacional, la presencia del gen *mec*A en una cepa de *S aureus* aislada desde un canino.

P-095

Caracterización de bacterias pigmentadas violeta con actividad antimicrobiana aisladas desde la Antártica. (Characterization of violet pigmented bacteria with antimicrobial activity isolated from Antarctica.)

Asencio G.[1], Gimpel C.[1], Ogué E.[2], Domínguez, M.[3], Gonzalez, G.[3], Alegría K.[3], González M.[1]
[1]Instituto Antártico Chileno.
[2]Fundación Científica y Cultural Biociencia.
[3]Laboratorio de Investigación en Antibióticos. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. gasencio@inach.cl

Durante la campaña antártica de 2008 se colectaron 53 muestras de suelo, agua, hielo y macroalgas en Isla Rey Jorge (Islas Shetland del Sur, Península Antártica) para aislar bacterias con actividad antimicrobiana contra algunas cepas de colección y bacterias multirresistentes a los antibióticos de uso habitual en clínica humana.
De un total de 627 cepas, tres presentaron actividad antibacteriana asociada a la pigmentación violeta, propia del compuesto violaceína reportado anteriormente en bacterias mesófilas de Brasil y Norteamérica. Este pigmento posee propiedades antimicrobianas, antitumorales, antiparasitarias, fungicidas y antioxidantes. Se realizó la extracción fenólica del ADN logrando determinar por secuenciación del ADNr 16S y posterior análisis de identidad, que una de ellas tiene elevado porcentaje de identidad con el género *Janthinobacterium* y las otras dos con *Duganella*. También se realizó una caracterización clásica y bioquímica utilizando los kits comerciales API 20NE y API ZYM (BioMerieux), encontrando diferencias en la hidrólisis de esculina, β-galactosidasa, asimilación de manitol y malato para las tres cepas aisladas. Se desarrolló una metodología para aislar los pigmentos a partir de cultivos sólidos mediante extracción con solventes orgánicos y posterior purificación por HPLC. Los productos obtenidos fueron sometidos a ensayos de actividad antimicrobiana utilizando *well diffusion agar* y pruebas en medio líquido. La actividad ensayada sobre cepas hospitalarias multirresistentes demostró actividad inhibitoria con concentraciones que están en el orden de los 0,5 a 16 µg/ml. Este trabajo corresponde al primer informe de bacterias antárticas productoras de violaceína con actividad antimicrobiana sobre bacterias multirresistentes aisladas en hospitales chilenos.
Financiamiento. Proyecto Corfo-Innova de Biorrecursos Antárticos COD. 07CN13PXT-264.
Proyecto INACH T-17-08.

P-096

Estudio de compuestos antimicrobianos producidos por tres especies de *Trichoderma* contra microorganismos fitopatógenos. (Study of antimicrobial compounds produced by three *Trichoderma* species against phytopathogenic microorganisms).

Polanco R[1], Campos A[1], Peña R[1], Leiva C[1], Corsini G[2] y Tello M[3].
[1]Universidad Andrés Bello. Fac. Cs. Biológicas. Laboratorio de Bioquímica.
[2]Universidad Diego Portales. Fac. Cs. de la Salud. Laboratorio de Bacteriología Molecular.
[3]Universidad de Santiago de Chile. Fac. Química y Biología. Lab. de Bioinformática y Compuestos Bioactivos. rpolanco@unab.cl

El género *Trichoderma* debe su importancia a la producción de enzimas con aplicación industrial o a la capacidad para controlar el crecimiento de microorganismos fitopatógenos. En nuestro laboratorio hemos estudiado tres especies de *Trichoderma*: *T. harzianum* (*Th*-650), *T. piluliferum* (Tpil-33) y *T. polysporum* (Tpol-34), las cuales controlan el desarrollo de distintos fitopatógenos fúngicos, principalmente mediante la secreción de enzimas hidrolíticas, sin embargo, se desconoce la capacidad antibacteriana de estas especies mediada por factores no enzimáticos. El objetivo de este trabajo fue evaluar, en estos tres hongos, la producción de compuestos antimicrobianos secretados en cultivos líquidos sin agitación. El efecto antimicrobiano fue ensayado *in vitro* sobre cinco bacterias fitopatógenas: *Agrobacterium tumefaciens*, *Clavibacter michiganensis*, *Erwinia carotovora*, *Pseudomonas syringae* pv. syringae y *Pseudomonas syringae* pv. tomate y sobre el fitopatógeno fúngico *Rhizoctonia solani*. Estas tres especies de *Trichoderma* produjeron compuestos que inhiben el crecimiento bacteriano y fúngico. La producción de antimicrobianos se incrementó después de 15 días cultivo y mostró un efecto diferencial sobre las bacterias ensayadas, siendo la más sensible *C. michiganensis* y la más resistente *P. syringae* pv. tomate. La composición del medio de cultivo también afectó la producción de estos compuestos. Cultivos de *Trichoderma* suplementados con micelio de *R. solani* mostraron una mayor producción en fases más tempranas del cultivo. La naturaleza hidrofóbica de estos compuestos, junto con su estabilidad térmica y patrón electroforético, concuerdan con las propiedades de péptidos de la familia de los peptaiboles.
Financiamiento: Proyecto DI-20-08/R - UNAB.

P-097

Primera descripción de β-lactamasa de espectro extendido CTX-M en bacterias aisladas en Península Fildes, Territorio Antártico Chileno. (First description of CTX-M extended-spectrum β-lactamase in bacteria isolated from Fildes Peninsula, Antarctic Chilean Territory.)

Alegría Karen, Sepúlveda Juan I., Dominguez Mariana, Bello Helia, González Gerardo.
Laboratorio de Antibióticos, Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. Concepción.
Kaalegria.aiesec@gmail.com

La resistencia a antibióticos β-lactámicos se debe, principalmente, a síntesis de β-lactamasas, alguna de las cuales pueden ser de espectro extendido (BLEE) al hidrolizar cefalosporinas de tercera generación (C3G). Estas enzimas constituyen un problema epidemiológico de importancia y distribución global con impacto en salud pública. Sin embargo, en el último tiempo se ha descrito resistencia a antibióticos y metales pesados en bacterias de ambientes remotos y extremos, como la Antártica. En Península Fildes son escasos los estudios de mecanismos de resistencia que presentan las bacterias que allí habitan y, siendo este ambiente un lugar con escasa intervención humana, lo hace ideal para estudiar el comportamiento de las bacterias frente a los antibióticos.
El objetivo de este estudio fue investigar la presencia de genes bla_{CTX-M} en bacterias resistentes a C3G e identificar estas cepas aisladas de muestras recolectadas en Meseta Norte, Península Fildes.
La presencia de bla_{CTX-M} se investigó por PCR utilizando los partidores CTX-M-A (5'-CGCTTTGCGATGTGCAG-3') y CTX-M-B (5'-ACCGCGATATCGTTGGT-3') y secuenciación del amplificado. La identificación se realizó por amplificación y secuenciación del ADNr 16S.
Los resultados indican que dos cepas presentaron un amplicón de tamaño coincidente con la cepa control (551 pb) y al secuenciarlos correspondieron a $bla_{CTX-M-2}$. Las cepas se identificaron con 99% de similitud como la Proteobacteria no cultivada OCS7 (AF001645) y con 98% como *Pseudomonas chlororaphis* (D86004)
Se concluye que este es el primer informe de genes que codifican BLEE en bacterias aisladas en Antártica, constituyendo un importante hallazgo epidemiológico en la distribución geográfica de estas enzimas.
Financiamiento: Proyectos INACH G-03-07 y T-17-2008

P-098

Obtención y caracterización de una cepa de atenuada de *Salmonella enteritidis* para su uso como potencial vacuna oral viva. (Construction and characterization of a *Salmonella enteritidis* attenuated strain to be used as a potential oral live vaccine.)

Saba Badir, Moreno Francesca, Bruce Elsa, Venegas Alejandro. Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Vacunas, Departamento de Genética Molecular Y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile. Email: badirsaba@gmail.com

El incremento en consumo de productos derivados de las aves ha llevado también a un aumento de las enfermedades entéricas. *Salmonella enteritidis* es una de las causantes principales de salmonelosis, tanto en aves como en humanos. Al mismo tiempo, es capaz de generar una muy buena respuesta inmune, por lo que durante bastante tiempo se ha propuesto su forma atenuada como un buen candidato para desarrollar una vacuna contra salmonelosis y como posible vector de antígenos heterólogos.
Los cofactores juegan un papel muy importante en vías metabólicas. El NAD es sintetizado por *Salmonella* para mantener los niveles de potencial redox (NADH/NAD+) y además es cofactor importante de la DNA ligasa bacteriana. Mutantes en la vía de biosíntesis de NAD verán limitada en su capacidad de reparar DNA y son incapaces de sobrevivir en medio mínimo por agotamiento del reservorio de NAD.
Se obtuvo una cepa atenuada de *Salmonella* mediante la mutación del gen *pncB*, por la técnica de intercambio alélico. Este gen codifica una enzima clave en la vía de reciclaje de NAD. Esta cepa se administró en dosis única ($1x10^8$ UFC) a ratones hembras BALB/C de 8-10 semanas, observándose sólo colonización de bazo y de hígado y algunas muertes en los controles de ratones inoculados con la cepa silvestre, a los 10 y 12 días post-inoculación. Estos resultados sugieren atenuación de la cepa *S. enteritidis* ⌝*pncB* y se propone estudios adicionales para su evaluación como candidato a vacuna oral viva.
Financiamiento: Consorcio en Biomedicina BMRC CT06, Área 5.

P-099

Integrones clase 1 en cepas de bacilos Gram negativos resistentes sulfonamidas y/o trimetoprim aisladas desde cultivos de salmón en Chile.

(Integrons in strains of Gram negative bacilli resistant to sulfonamide and trimethoprim isolated from Chilean fish farming)

Fuentes, O.[1], Vergara, P.[1], López, Y.[1], Domínguez, M.[1], Bello, H.[1], Miranda, C.[2] y González, G.[1]
[1]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción y [2]Departamento de Acuicultura, Facultad de Ciencias del Mar. Universidad Católica del Norte.
ofuentes@udec.cl

En Chile se ha utilizado sulfonamidas y trimetoprim para prevenir y controlar bacterias patógenas en centros de cultivos de salmones, lo que ha seleccionado y mantenido bacterias resistentes a estos compuestos. Esta resistencia puede ser transferible produciendo efectos ambientales importantes y constituyendo un riesgo para la salud humana y animal.

El objetivo de este estudio fue determinar la presencia de integrones y caracterizar la zona variable (ZV) en cepas de bacilos Gram negativos (BGN) resistentes a sulfisoxazol y/o trimetoprim aisladas en centros de cultivo de salmón.

Se trabajó con 99 cepas de BGN aisladas desde salmones, agua, sedimento y alimento extruido. Se pesquisó integrones clase I y *cassettes* genéticos de resistencia a antibióticos insertos en la ZV, mediante PCR.

Se encontró 21 cepas con el gen *intI1* en las cuales se detectó las siguientes zonas variables (ZV): *aadA1* (5), *aadA3* (1), *aadA9* (1) *aadA2+cmlA* (4) *dfrA12+orfF* (2) bla_{OXA-35}+*aac(6')Ib* (1). Además, 4 cepas no presentaron el segmento 3'conservado del integrón clase I y 3 cepas tienen una ZV indeterminada por PCR. Por otra parte, en 10 cepas se pesquisó genes *dfrA*, pero no asociados a integrones.

Se concluye que cepas bacterianas aisladas en centros de cultivo de salmón portan integrones clase I con *cassettes* genéticos de resistencia, principalmente, a antibióticos aminoglicósidos, donde la resistencia a sulfonamidas estaría colaborando en la selección de estas estructuras genéticas.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt Nº 1040924

P-100

Detección de *Escherichia coli* O157:H7 y *Listeria monocytogenes* en carne molida mediante SISTEMA BAX® PCR (Detection of *Listeria monocytogenes* and *Escherichia coli O157*: H7 in ground beef using a BAX ® SYSTEM- PCR.

Vidal L., Figueroa G., Troncoso M.
Laboratorio de Microbiología y Probióticos, INTA, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
mtronco@inta.cl

Los vacunos y aves son los principales reservorios de varios patógenos bacterianos, como *Salmonella, C. jejuni, L. monocytogenes* y *E. coli 0157:H7*. La composición química propia de la carne así como factores intrínsecos y deficiente manipulación favorece la presencia y sobrevivencia de estos patógenos. **Objetivos**: Investigar la presencia de *E coli O157: H7* y *L. monocytogenes* en muestras de carne molida. **Métodos**: Se analizó mediante un sistema de PCR automatizado 90 muestras de carne molida obtenidas de supermercados de la Región Metropolitana, de ellas, 40 de vacuno, 40 de pavo y 10 de carne molida de pollo. Para *L. monocytogenes* se utilizó el método PCR automatizado (BAX- system, Género), las muestras positivas fueron analizadas posteriormente por el método del *Bacteriological Analytical Manual* y confirmadas mediante pruebas serológicas y PCR específico. **Resultados**: En total 72/90 (80%) muestras fueron positivas para *Listeria* género, de las cuales en 31 casos se confirmó la presencia de *L. monocytogenes*. Los resultados mostraron una elevada contaminación por este patógeno en carne molida de pavo (15/40, 38%) y bovino (15/40, 38%), mientras que en carne molida de ave fue sólo del 10% (1/10). *E coli O157: H7* se detectó sólo en 2 muestras, una de pavo (3%) y una de bovino (3%), las que fueron confirmadas por la metodología convencional. **Conclusiones**: La carne molida muestra alta contaminación por *L. monocytogenes* y presencia de *E. coli enterohemorrágica*, un hecho importante dado que con frecuencia este producto es utilizado como materia prima en la elaboración de variados platos. El sistema de PCR automatizado (BAX® PCR) demostró ser útil como método de screening para *L. mocytogenes* y en el caso de *E. coli 0157* confirmó su presencia en solo 30 horas.

P-101

Enriquecimiento de Bacterias Reductoras de Sulfato de tres termas de de la X región, Chile. (Enrichment of sulfate-reducing bacteria in three hot springs of the X region, Chile)

Abarzúa, L.[1], Pérez, N. [1], Mackenzie, R.[2], Sossa, K.[1], Urrutia, H.[1]
[1]Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.
[2]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
leabarzu@udec.cl

Los microorganismos reductores de sulfato son un grupo filogenéticamente diverso que se caracterizan por utilizar compuestos orgánicos o hidrógeno como donadores de electrones y sulfato como aceptor final de electrones, produciendo H_2S como resultado. Esta actividad metabólica y su ubicuidad les dan gran importancia en los ciclos del carbono y del azufre. En esta investigación se realizó un análisis de la comunidad de microorganismos reductores de sulfato de tres termas de la X región; Termas de Porcelana, Termas de Cahuelmó y Fumarola Porcelana. Para esto, se construyó una transecta de muestreo en un gradiente térmico en cada terma. Las muestras fueron inoculadas en 20 ml de medio Postgate C modificado y se incubaron a 37°C y a 60°C durante 30 días. Se realizó recuento de bacterias totales, y se determinó la morfología celular por SEM de las bacterias en crecimiento. Se analizó la diversidad de la enzima sulfito reductasa (Dsr) y del ADNr 16S mediante PCR-DGGE, se identificaron los grupos representativos de los cultivos por secuenciación de las bandas. Se detectó la presencia de la enzima Dsr en las tres termas, con una alta riqueza de especies reductoras de sulfatos en cada muestra. Fumarola Porcelana presentó mayor riqueza de microorganismos reductores de sulfato que las otras termas evaluadas. Se observaron bacterias cocáceas, bacilares y filamentosas formando agregados celulares. El alto número de especies identificadas indican que la reducción de sulfato es una actividad importante en estos ambientes.

Financiamiento: Fundación Huinay. Laboratorio de de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.

P-102

Perfil de ácidos grasos de un bacilo Gram negativo aislado desde un núcleo de hielo obtenido desde la Península Antártica chilena. (Fatty acids profile of Gram negative bacilli isolated from an ice-core obtained from the Chilean Antarctic peninsula)

Barros J[1*]., R. Mackenzie[1], C. González[1], V. Hernández[2], J., Becerra[2] & M., Martínez[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. [2]Laboratorio de Química de Productos Naturales, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción. Concepción, Chile. javbarros@ude.cl

En bacterias, las bajas temperaturas, y en especial cercanas a 0°C, pueden producir efectos deletéreos sobre las membranas citoplasmáticas, disminuyendo su fluidez. Para contrarrestar este efecto, las bacterias que habitan en ambientes fríos deben ser capaces de sintetizar e incorporar, principalmente, ácidos grasos mono-insaturados (MUFAs) y poli-insaturados (PUFAs) en su membrana.

Se determinó el efecto del congelamiento sobre la composición de ácidos grasos de un bacilo Gram negativo aislado desde un núcleo de hielo obtenido desde la Antártica chilena. Este fue cultivado durante 5 días a 5°C y posteriormente sometido a congelamiento (-20°C) durante 24h, seguido de un descongelamiento a 5°C. La caracterización e identificación de los ácidos grasos se realizó mediante GC-MS. La cepa bacteriana se caracterizó mediante propiedades bioquímicas (API 20NE). Los resultados muestran que luego del periodo de cultivo a 5°C y congelamiento a -20°C, los ácidos grasos predominantes fueron el 16:1Δ9 y el 18:1Δ9, representando una concentración relativa de más del 50% y 90%, respectivamente. Asimismo, se observó un aumento de la razón entre los pares de ácidos grasos 16:1Δ9/16:0 y 18:1Δ9/18:0, desde un 1,6 a 46,1 y desde 6,0 a 41,8, respectivamente. Además, se detectó la presencia de acido linoleico (18:2ω6) en bajas concentraciones ($\leq 5\%$).

La presencia de bacterias en ambientes extremos como el antártico, podría ser explicada por su capacidad de sintetizar altas concentraciones de MUFAs. Además, la capacidad de sintetizar PUFAs, sugiere que estos son una interesante fuente de bacterias con potencial aplicación biotecnológica, como fuente alternativa para la obtención de estos.

Financiamiento: FONDECYT 1070497

P-103

Movilización de arsénico por bacterias epilíticas, aisladas desde rocas volcánicas (Arsenic mobilization by epilithic bacteria isolated from volcanic rocks)

Campos, VL[1,3]., **Escalante, G[1]**., Zaror, C[2]., Mondaca, MA[1].
[1]Departamento de Microbiologia, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
[2]Departamento de Ingeniería Química, Facultad Ingeniería Química, Universidad de Concepción.
[3]Centro EULA-CHILE, Universidad de Concepción.

Los microorganismos resistentes a arsénico juegan un rol importante en la contaminación de los sistemas acuáticos, debido a que están envueltos directa o indirectamente en la movilización del arsénico y otros metales. El objetivo de trabajo fue evaluar el rol de los microorganismos en la especiación y movilización del arsénico en los sistemas acuáticos a pH circumneutral, desde rocas volcánicas, que entre sus constituyentes se encuentre arsénico. Se realizaron experimentos de microcosmos, incubando las rocas en medio químicamente definido. La comunidad bacteriana fue evaluada mediante microscopia electrónica de barrido asociada espectroscopia de energía dispersiva (MEB-EED), FISH, PCR y DGGE. Las bacterias aisladas fueron identificadas mediante la secuenciación del gen ADNr 16s y fueron caracterizadas mediante la detección de genes de resistencia a arsénico (*aox* y *ars*). Las bandas obtenidas mediante DGGE fueron secuenciadas y analizadas mediante el programa filogenético ABS. La detección de As(V) y As(III) fue evaluada mediante HPLC/HG/ASS. Los análisis mediante MEB y FISH muestran la presencia de una biopelicula bacteriana en la superficie de la roca. 8 cepas fueron aisladas, 4 presentaron actividad oxidante y 4 actividad reductoras. Los análisis filogenéticos de las secuencias obtenidas por DGGE detectaron la presencia de 4 grupos bacterianos diferentes. Los estudios de microcosmos demostraron que la comunidad bacteriana presente en la roca fue capaz de movilizar arsenito y arseniato, a concentraciones de 90 y 30 ug/L, respectivamente, a pH circumneutral, luego de 60 días de incubación.

(P_AT_24090120)

P-104

Análisis de microbiota en ambientes hipersalinos: El salar de Llamará.

Zúñiga Jorge[1], Azúa-Bustos A [1]& Vicuña Rafael.[1]
[1]Departamento de genética molecular y microbiologia. Facultad de ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile.
jmzuniga@uc.cl

Nuestro trabajo se enfoca en analizar la microbiota en un sector del Salar de Llamará, con el fin de describir los distintos microorganismos que pueden colonizar tal ambiente.

En una expedición previa se analizaron tapetes microbianos que colonizan lagunillas del salar, formadas por agua proveniente de napas subterráneas, (cuya molaridad de NaCl alcanza los 0.8M en el salar). Se establecieron las poblaciones de reinos por cada capa de uno de los tapetes. Además se lograron aislar y cultivar dos especies de cianobacterias filamentosas: Una crece en la zona fótica de un tapete microbiano, perteneciente al género *Oscillatoria*, mientras que la otra es capaz de colonizar la salmuera, también del mismo género. Esta última especie presenta una mejor tolerancia a la salinidad, pudiendo desarrollarse en el laboratorio en medios de 1,5M de NaCl, la otra, en tanto, logra tolerar aparentemente hasta 0,5M. Esta resistencia se puede deber a distintos mecanismos que confieran halotolerancia. Hemos descubierto que se encuentran envueltas en una densa capa de exopolisacáridos, y además creemos que hay otros factores participantes, como producción de solutos orgánicos y regulación de la permeabilidad de la membrana. Además en el Salar de Llamará, se pueden encontrar estromatolitos, cuyos cristales tienen incluidas cianobacterias, las que probablemente contribuyen a la formación de estas estructuras.

Financiamiento: MIFAB

P-105

Análisis filogenético de bacterias cultivables aisladas en Península Fildes, Isla Rey Jorge, Territorio Chileno Antártico. (Phylogenetic analysis of cultivable bacteria isolated from Fildes Peninsula, King George Island, Chilean Antarctic Territory).

Muñoz Gabriel[1], Domínguez Mariana[1], Bello Helia[1], González Gerardo[1], Hernández Cristian E[2].
[1]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción.
[2]Departamento de Zoología. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción. Chile. gabmunoz@udec.cl

El continente antártico es uno de los ambientes menos caracterizado microbiológicamente y la mayor parte de este territorio ha experimentado poca o ninguna influencia antropogénica; por tanto, ofrece oportunidades únicas para investigar la diversidad, ecología y evolución microbiana.
El objetivo de este estudio fue obtener la relación filogenética de 28 bacterias cultivables, recuperadas desde 4 sitios de muestreo en la Peninsula Fildes (Isla Rey Jorge, Territorio Chileno Antártico). El ADN genómico fue obtenido a partir del cultivo de las cepas en agar R_2A. El gen ADNr 16S fue amplificado mediante PCR con partidores universales para eubacterias. Las secuencias fueron alineadas y editadas manualmente usando el programa bioedit 7.0. El árbol filogenético fue construido mediante la aproximación máxima verosimilitud en el programa Treefinder. Para evaluar cual fue el mejor modelo que explicó la evolución de las secuencias se usó el Criterio de Información de Akaike (AIC). Adicionalmente, se realizó un remuestreo basado en *bootstrap* para evaluar el soporte de los nodos individuales del árbol filogenético, usando 1000 replicas de *bootstrap*.
Las cepas correspondieron, principalmente, a los linajes γ-Proteobacterias y Flavobacterias. Los linajes dentro de los clados constituidos por bacterias del género *Flavobacterium* y *Pseudomonas* se encontraron muy estrechamente relacionados entre si y albergan a las cepas en estudio que habitan, principalmente, sistemas lacustres. Además, se infiere que hay 4 clados principales; grupos bastante diferenciados debido a la gran cantidad de cambios presentados a lo largo de los linajes, apoyados por valores medios y altos de *bootstrap* en los nodos.

Financiamiento: proyectos INACH G-03-07 y T-17-2008

P-106

Aislamiento de un microorganismo hypertermófilo desde el campo geotérmico el tatio. (Isolation of hyperthermophile microorganism from the geothermal field the tatio.)

Valenzuela, B [1], Araya, R [2], Zamorano, P.[3]
[1]Programa Magister en Ciencias Biomédicas, Laboratorio de Microorganismos Extremófilos Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta
[2]Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta
[3]Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta
Extremelifehunters@gmail.com

El Tatio, es tercer campo geotermal más grande del mundo, el cuál presenta alrededor de 80 geyseres activos con temperaturas superficiales que alcanzan los 80°C. Características particulares como la gran altura (4.300 m.s.n.m), las altas radiaciones solares (6 Wm^{-2}) entre otras, hacen de esta localidad un lugar extremo para el sostenimiento de la vida para muchos organismos, no así para microorganismos extremófilos hypertermófilos, capaces de proliferar sobre los 80°C. Mediciones en el lugar de extracción de muestras de sedimento arrojaron magnitudes de temperatura de 80°C con un pH de 6,8. Cultivos líquidos con bajo contenido orgánico y en agitación constante a 80°C, nos ha permitido aislar un microorganismo capaz de proliferar entre los 50 y 85 °C. Este microorganismo denominado CT801 presenta en medios semisólidos, despues de cultivar 4 días en camara humeda a 70°C, colonias anaranjadas de elevación convexa y contornos regulares, compuesta por bacilos Gram positivos. Actualmente desde este cultivo axénico hemos extraído DNA genómico y amplificado el 16S ARNr para su caracterización filogenética.
Muchas son las proteinas que pueden ser extraídas desde Hypertermófilos con uso potencial en biotecnologia, la mayoria de estas son extraídas por técnicas moleculares desde ADN a partir de muestras ambientales y pocas son cepas axénicas en cultivo. Para nuestro laboratorio aislar y mantener en cultivo un hypertermófilo presenta una gran ventaja para la futura búsqueda de enzimas termoestables.
Financiamiento: MEL 4568

P-107

Aislamiento y caracterización de bacterias degradadoras de hidrocarburos desde suelos contaminados de la región de Valparaíso.

Fuentes S., Méndez V., Morgante V., Hernández M., Yañez C., González M. y Seeger M.
Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.

La contaminación del suelo con hidrocarburos altera sus propiedades, afectando el ecosistema y poniendo en riesgo las napas freáticas. Una estrategia ampliamente utilizada para la descontaminación de suelos ha sido la bioaumentación. El aislamiento y estudio de cepas bacterianas capaces de degradar hidrocarburos es crucial para la obtención de consorcios que posean capacidades para biorremediar los sitios afectados. En este estudio, se aislaron y caracterizaron cepas bacterianas desde suelos contaminados con hidrocarburos de la región de Valparaíso. Los aislados fueron capaces de utilizar hidrocarburos como única fuente de carbono en medio mineral Bushnell-Haas. La identificación de las cepas, mediante la secuenciación parcial del gen rRNA 16S, indicó que la mayoría de los aislados pertenecen a los géneros *Acinetobacter*, *Pseudomonas* y *Kocuria*. Se observó que las cepas poseen una variada resistencia a antibióticos y tolerancia a metales pesados. Especies de *Acinetobacter* presentaron tolerancia a cobre (Cu+2) y cadmio (Cd+2), metales comúnmente asociados a contaminación por hidrocaburos. Se estudió la presencia de genes catabólicos de las vias de (metil)tolueno y del naftaleno en los aislados. Se detectaron por PCR la presencia de los genes *xyl*E y *nah*Ac en cepas del género *Acinetobacter* y *Pseudomonas*. La presencia de estos genes en algunos aislados sugiere la metabolización de estos compuestos. En el futuro se realizará una caracterización fisiológica de las cepas para determinar su potencial aplicación en procesos de biorremediacion de suelos contaminados con hidrocarburos.

Agradecimientos: CIT NT&SB, Núcleo Milenio EMBA-P04/007-F, Red 12 PBCT, USM 130836, USM
130948 y becas doctorales Conicyt (SF,MH).

P-108

Bacterias de interés sanitario en el ecosistema del río almendares (Bacteria of public health interest in the river ecosystem almendares)

Sergio Chiroles Rubalcaba [1], Dra. C. Maria Isabel González González[2]
[1,2] Institución: Instituto Nacional de Higiene Epidemiologia y Microbiologia, Laboratorio de Microbiologia Sanitaria.
sergio@inhem.sld.cu

Se realizó un estudio de bacterias de interés sanitario en diferentes puntos del río Almendares, principal corriente superficial de la Ciudad de La Habana, que comprendió la parte media y parte baja del rio, determinándose los niveles de indicadores bacterianos de contaminación fecal (coliformes fecales actualmente coliformes termotolerantes y enterococos) y la presencia de patógenos bacterianos de los géneros ***Salmonella***, ***Aeromonas*** y ***Vibrio***; este último género en agua y plantas macrófitas acuáticas (***Eichhornia crassipes*** y ***Salvinia*** sp.). Se encontraron concentraciones del orden del 10^2 y 10^3 UFC/ 100 mL para los indicadores de contaminación fecal en ambos años de estudio, los que sí experimentaron variaciones dependiendo del punto de muestreo y del período estacional (lluvioso o poco lluvioso). Las especies predominantes entre los coliformes termotolerantes fueron ***Escherichia coli*** (biotipos 1,2 y 3 según esquema de clasificación de Crichton y Old (1979) seguido por ***Klebsiella pneumoniae*** y ***Enterobacter aerogenes***. ***Enterococcus faecalis*** y ***Enterococcus faecium*** predominaron dentro de los aislamientos del género ***Enterococcus***, encontrándose en estas cepas altos niveles de resistencia a la eritromicina y niveles medios de resistencia a vancomicina. Los mayores porcentajes de aislamientos para el género ***Vibrio***, en los dos biotopos estudiados, se encontraron en las estaciones con mayor salinidad (cerca de la desembocadura y en el estuario), hecho contrario a lo que ocurrió con las cepas de ***Aeromonas***, género bacteriano más asociado a ***Vibrio*** en agua y en plantas macrófitas acuáticas. Las bacterias del género ***Salmonella*** no experimentaron variaciones en los dos años en las tres estaciones estudiadas.

P-109

Diversidad de microorganismos oxidantes de amonio en distintos humedales del Altiplano Chileno (Diversity of ammonia oxidizing microorganisms in different wetlands of the Chilean Altiplano)

Cubillos C, Vazquez Y, Dorador C
[1]Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile

El Altiplano es una meseta de altura que presenta cerca de 50 cuencas hidrográficas que se caracterizan por estar expuestas a condiciones ambientales particulares como alta aridez, alta radiación solar y diferencias extremas de temperatura entre el día y la noche, además de una concentración salina variable. Se ha descrito limitación de N en varios humedales altiplánicos, por lo que se postula que los microorganismos oxidantes de amonio (AOM) estarían cumpliendo un rol significativo en el ciclo del N, específicamente en la oxidación biológica del NH_4^+ a NO_2^-. Estudios anteriores han demostrado la presencia del género *Nitrosomonas* sp. y de *Archaea* oxidante de amonio en el Salar de Huasco. En este estudio se analizó la diversidad de microorganismos oxidantes de amonio (Bacteria: AOB y Archaea: AOA) en cultivos de enriquecimiento (medios de cultivo con NH_4^+ como única fuente de energía) de muestras obtenidas de salares (Salar de Huasco, Salar de Ascotán, Salar de Tara, Salar de Atacama), lagunas altiplánicas (Lago Chungará, Laguna Cotacotani Laguna de Piacota) y sistemas termales (Geysers del Tatio, Salar de Aguas Calientes) del Altiplano Chileno, utilizando marcadores filogenéticos (gen 16S rRNA, PCR-DGGE) y genes funcionales (*amo*A). Se obtuvo un total de 61 cultivos de enriquecimiento los cuales fueron analizados de acuerdo a la producción de NO_2^-, encontrándose que en 28 de ellos ocurría nitrificación. Hasta la fecha se han obtenido 156 aislados microbianos nitrificantes. Actualmente se realizan análisis moleculares para la descripción filogenética de los aislados y la posible presencia de aislados nitrificantes del dominio *Archaea*.

Financiamiento: DAAD A/03/22010, Max Planck Society, Fondecyt 11080228, Proyecto Iniciación Universidad de Antofagasta.

P-110

Laguna de Piacota: *hot spot* de biodiversidad microbiana en el Altiplano Chileno (Laguna de Piacota: *hot spot* of microbial biodiversity in the Chilean Altiplano)

Aguilar P, Carvajal P, Justel F, Dorador C.
[1]Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile
cdorador@uantof.cl

La laguna de Piacota es un pequeño humedal de agua dulce (4 km^2), localizada en el Altiplano Chileno a 4.400 m.s.n.m. El aislamiento geográfico de este sistema junto con condiciones ambientales únicas (temperaturas frías y fluctuantes, alta radiación UV) ha generado un gran número de especies endémicas descritas en esta zona. La microbiota de la laguna de Piacota se estudió usando técnicas de cultivo e independiente de cultivo (clonamiento y secuenciación gen 16S rRNA, DGGE). Las secuencias fueron comparadas con secuencias publicadas en GenBank y RDP encontrándose una alta diversidad (H'=3.1), la cual incluye miembros de *Proteobacteria* (α, β, γ, δ) (55% de los clones), *Bacteriodetes*, *Actinobacteria*, *Chlorobi*, *Planctomycetes*, *Firmicutes* y *Acidobacteria*. El 4% de los clones no tuvo una afiliación clara en ningún grupo filogenético. Cerca del 63% de las secuencias presentaron una similitud bajo el 97% con su secuencia más cercana en GenBank, indicando un alto grado de secuencias únicas. Hasta la fecha se han obtenido 51 aislamientos bacterianos de los cuales 20% pueden ser consideradas nuevos taxa de acuerdo a la secuencia del gen 16S rRNA. La laguna de Piacota puede ser considerada un *hot spot* de biodiversidad microbiana debido a la presencia de microorganismos no descritos en otros ambientes, los cuales presentarían adaptaciones especiales en estas condiciones. La conservación de la laguna de Piacota es de gran importancia para la conservación y estudio de los microorganismos que la habitan. Estudios futuros incluyen caracterización y descripción de nuevos taxa y sus adaptaciones a este particular hábitat.

Financiamiento: DAAD A/03/22010, Max Planck Society, Fondecyt 11080228, Proyecto Iniciación Universidad de Antofagasta.

P-113

Efecto de bacterias productoras de Ácido indol acético (AIA), aisladas de plantas nativas, sobre el crecimiento de *Lycopersicum esculentum* Mill. (Effect of bacteria producing indole acetic acid (IAA), isolated from native plants, on the growth of *Lycopersicum esculentum* Mill).

Orellana, P., Robeson, J. Laboratorio de Bacteriología, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. jrobeson@ucv.cl

Las rizobacterias denominadas PGPR habitan en la rizósfera de plantas y pueden influir en su desarrollo mediante la producción de fitohormonas como el ácido indol acético (AIA), que estimula el crecimiento radicular. En esta investigación se ensayó el efecto de *Pseudomonas* productoras de AIA provenientes del rizoplano de las plantas nativas *Atriplex nummularia* y *Polypogon australis* sobre el crecimiento de plantas de *Lycopersicum esculentum* Mill. var. Flame.

Se evaluaron 4 tratamientos considerando las cepas bacterianas VAL 305 y VAL 306, con producción entre 4 a 10ug/ml de AIA y dos controles: VAL 304 , *P.putida* no productora de AIA, y control sin bacterias, en plantas de *L. esculentum*, mediante la inmersión de raíces en suspensiones bacterianas. Luego las plantas fueron traspasadas a macetas con suelo estéril y mantenidas durante 36 días con un fotoperíodo de 16 horas luz y 8 de oscuridad.

Se encontraron diferencias significativas ($p \leq 0.001$) con todos los tratamientos. La media de la longitud radicular de las plantas inoculadas con la cepa bacteriana VAL 305 fue 24,9cm y con VAL 306 fue 28,2cm en comparación a los controles VAL 304 con 21,3cm. y sin bacterias con 18cm . Resultados similares fueron obtenidos con biomasa radicular y aérea de las plantas. En consecuencia, bacterias rizosféricas de plantas nativas pueden ser utilizadas para favorecer el crecimiento de plantas de importancia agrícola y además para la biopotenciación de la rizósfera de *A. nummularia.* y *P. australis*, plantas que pueden servir en contextos de recuperación de suelos degradados y procesos de fitoestabilización.

Financiamiento: FONDEF Proyecto DO611097

P-114

Efecto de inoculación de una bacteria aglomerante de suelo en el desarrollo radicular de plántulas de *Lycopersicum esculentum* Mill (Effect of inoculation with a soil agglomerating bacterium on root development in plants of *Lycopersicum esculentum* Mill)

Bahamondes, C., Robeson, J. Laboratorio de Bacteriología, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, jrobeson@ucv.cl

Las interacciones entre las plantas y los microorganismos en la rizósfera son determinantes en la salud de la planta y la fertilidad del suelo. Los microorganismos y sus productos, interactúan con la raíz de las plantas con una variedad de efectos positivos, negativos y neutrales. Una variedad de bacterias han sido usadas en la inoculación del suelo para mejorar la disponibilidad de nutrientes para las plantas; en conjunto se las conoce como rizobacterias promotoras del crecimiento de plantas o PGPR. En este trabajo el objetivo fue determinar el efecto de la bacteria de suelo, ciclohexano resistente e hidrofóbica VAL 301, aglomerante de partículas de suelo, sobre el desarrollo radicular de plántulas de tomate. Para esto se inoculó un grupo de 30 plántulas por inmersión de las raíces en una suspensión de VAL 301. Luego se traspasaron a macetas con suelo estéril hy fueron mantenidas por 35 días con un fotoperiodo de 16 horas luz y 8 horas de oscuridad. Paralelamente se estableció un grupo de control sin inoculación. Luego se midió tanto la biomasa como la longitud de la raíz. Los resultados obtenidos indican diferencias significativas ($p<0,001$) en la biomasa y longitud de la raíz entre plantas tratadas con VAL 301 35,9 cm) y las plantas control (24,3 cm). También se encontraron diferencias significativas en biomasa de tallo y hojas. En conclusión, la capacidad aglomerante de VAL 301 favorece el desarrollo de plantas de tomate, posiblemente al proveer un ambiente rizosférico con mayor capacidad de retención e agua y nutrientes.

Financiamiento: Vice-Rectoría de Investigación y Estudios Avanzados, PUCV.

P-115

"Estudio comparativo de la tolerancia a agentes oxidantes en las bacterias *Leptospirillum ferriphilum* y *Acithiobacillus ferrooxidans*" (Comparative study of tolerance to oxidizing agent in the bacteria *Leptospirillum ferriphilum* and *Acithiobacillus ferrooxidans*.)

Cortés A. [1], Flores R. [1] y Levicán G. [1].
[1]Departamento de Biología, Facultad de Quimica y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
kanuandres@gmail.com

Leptospirillum ferriphilum y *Acidithiobacillus ferrooxidans* son bacterias acidófilas, quimiolitoautróficas capaces de oxidar ión ferroso. Ambos microorganismos juegan un papel importante en la biolixiviación de minerales sulfurados.

Los ambientes biolixiviantes ácidos se caracterizan por poseer una alta concentración de hierro y metales pesados, los cuales pueden inducir estrés oxidativo a los microorganismos. En nuestro laboratorio estuvimos interesados en evaluar y comparar la respuesta a estrés oxidativo desarrollada por *L. ferriphilum* DSM 14647 y *A. ferrooxidans* ATCC 23270 frente a diferentes agentes oxidantes. Se comparó los porcentajes de viabilidad y los niveles de especies reactivas de oxígeno (ROS) inducidos por peróxido de hidrógeno (H_2O_2), cromato de potasio, paraquat y Fe^{+3}. Para las mediciones de viabilidad se usó el "kit" LIVE/DEAD BactLight (Invitrogen) y recuento microscópico. Para la determinación de los niveles de ROS se uso de 2,7-diclorodihidrofluoreceína diacetato (DCHF-DA) e hidroetidina (HE) que detectan ROS totales y superóxidos, respectivamente. Los resultados obtenidos indican que *A. ferroxidans* tolera mayor al estrés por H_2O_2 , cromato de potasio y paraquat generando una menor cantidad de superóxidos y ROS totales. Mientras que *L. ferriphilum* tiene una mayor tolerancia a Fe^{+3}.

Adicionalmente, un análisis bioinformático de los genomas *L. ferriphilum* (UBA) y *A. ferrooxidans* ATCC 23270 permitió establecer que ambos microorganismos presentan diferencias importantes en los mecanismos antioxidantes involucrados en la tioprotección de proteínas y la destrucción de peróxidos y superóxidos Se discutirá las implicancias de estos hallazgos en la respuesta de estas bacterias frente a agentes oxidantes y sobre la dinámica de sus poblaciones en condiciones naturales.

Financiamiento: FONDECYT 11085045, FONDECYT 1070437, Dicyt-USACH

P-116

Un modelo matemático simple para la colonización bacteriana del rizoplano. (A simple mathematical model for bacterial colonization of rhizoplane)

Adrialy Muci[1], Andrés Ávila [2], Milko Jorquera[3]
[1]Magister en ciencias de la Ingeniería mención Modelación Matemática
[2]Departamento de Ingeniería Matemática, Universidad de La Frontera
[3] Laboratorio de Biotecnología en Recursos Naturales, Instituto de Agroindustria, Universidad de La Frontera.

Comunidades bacterianas presentes en la rizósfera (suelo bajo la influencia de las raíces) realizan funciones esenciales para la nutrición y salud de las plantas. En la rizósfera, existe una alta actividad microbiana debido a que los exudados de las raíces son utilizados como fuente de nutrientes por las bacterias. Es por ello, que la colonización de la rizósfera, en especial del rizoplano (superficie de la raíz), es fundamental para el crecimiento de las plantas. Este estudio tuvo como objetivo desarrollar un modelo dinámico discreto, para representar la colonización bacteriana del rizoplano en el tiempo. Para modelar el comportamiento de las bacterias se utilizó una rama de la Inteligencia Artificial Distribuida, denominada Sistemas Basados en Agentes cuya característica principal es su autonomía, es decir, son capaces de actuar independientemente controlando sus estados internos. Este modelo nos permite representar cada bacteria como un ente independiente que observa las condiciones que lo rodean, y a partir de esto modifica su estado interno y realiza acciones sobre el medio. El rizoplano fue modelado como una grilla bidimensional en la superficie de un cilindro. Cada una de sus celdas contiene información sobre los nutrientes disponibles, el espacio y el pH. Además se modeló una función de control global que gobierna el desempate que existe entre bacterias para ubicar su clon en la vecindad. El modelo se implementó en Matlab y se realizaron simulaciones para distintas condiciones iniciales que permite ver la colonización bacteriana en el tiempo.

Agradecimientos: PBCT-PSD26, Fondecyt Iniciación 11080159.

P-117

¿Existe ritmicidad en la síntesis de las toxinas del VPM en la cianobacteria de agua dulce *Raphidiopsis brookii* cepa D9? (Does rhythmicity exist in PSP-toxin synthesis in the freshwater cyanobacterium *Raphidiopsis brookii* strain D9?).

Mandaković, D.[1], Soto-Liebe, K.[1], Serrano, A.[1], Vásquez, M.[1]

[1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicologia Ambiental, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Pontificia Universidad Católica de Chile. mvasquez@bio.puc.cl

El veneno paralizante de mariscos (VPM) está formado por las toxinas saxitoxina (STX) y sus análogos, que actúan bloqueando canales de sodio voltaje-dependientes. Estas toxinas son sintetizadas por cianobacterias de agua dulce y por dinoflagelados marinos. El rol biológico y los mecanismos de regulación de su síntesis son desconocidos en ambos organismos. Nosotros hemos utilizado a la cianobacteria *Raphidiopsis brookii* D9 (productora de STX y sus análogos GTX2/3, dcGTX2/3, dcSTX y dcNEO) como modelo para analizar patrones de síntesis de estas toxinas bajo distintas condiciones de cultivo. Nuestros resultados indican que incrementando los niveles de sodio en el medio, esta cepa responde liberando toxinas y que esta respuesta presenta un comportamiento cíclico. Para establecer si existen variaciones diarias en la síntesis de estas toxinas, cuantificamos la concentración intracelular de GTX2/3 cada 4 horas bajo condiciones de luz continua durante 48 horas totales. Observamos que los niveles de GTX2/3 varían durante las primeras 24 horas de medición. Los cultivos en estos experimentos fueron expuestos a un pulso de 4 horas de oscuridad con el objeto de sincronizarlos. *Raphidiopsis brookii* D9 presenta en su genoma el operón descrito como regulador del ciclo circadiano *kaiABC*. Para relacionar las variaciones en los niveles de toxina con la actividad de este operón, hemos medido la expresión de kaiC durante las primeras 8 horas de monitoreo en los cultivos expuestos al pulso de oscuridad. El análisis de estos resultados nos permitirán explorar nuevas hipótesis respecto al papel ecológico de estas toxinas en sistemas acuosos.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1080075; Proyecto FONDEF MR07I-1005

P-118

Inhibición de la formación de biopelículas de *Flavobacterium psycrophilum* mediante antagonismo bacteriano. (Inhibition of biofilm formation of *Flavobacterium psycrophilum* by bacterial antagonism)

De la Fuente M[1], González P[1], Valdevenito D[1], Sossa K[1], Urrutia H[1].

[1]Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.

Las infecciones patogénicas bacterianas son comunes durante el cultivo intensivo de peces, lo que puede llevar a cuantiosas pérdidas económicas. *F. psycrophilum* es un patógeno oportunista que produce lesiones necróticas y septicemia en salmonídeos. Su tratamiento se realiza con antibióticos, sin embargo, su excesiva utilización es criticable tanto por los efectos ambientales como por la resistencia que presentan los microorganismos cuando forman películas. Al respecto el biocontrol basado en antagonismo bacteriano ha surgido como una posibilidad de tratamiento efectiva y amigable con el ambiente. El objetivo de este trabajo fue realizar la búsqueda de bacterias antagonistas naturales contra biopelículas de *F. psycrophilum*. Para ello, en primer lugar se realizó un screening de antagonismo por difusión en agar y bloqueo Quorum sensing (QS) mediante los biosensores *C. violaceum* ATCC 12472 y *A. tumefaciens* NTL4 (pZLR4), de cadena corta y larga respectivamente. Se ensayaron 89 cepas aisladas desde pisciculturas. Luego se extrajo los sobrenadantes de las cepas seleccionadas por presentar algún tipo de antagonismo y se ensayó su capacidad inhibitoria de la formación de biopelículas mediante el método de tinción con cristal violeta en microplacas. A la fecha los resultados mostraron antagonismo positivo con 18 cepas aisladas de pisciculturas, detectándose bloqueo QS en 5 de ellas. Una de estas cepas además produjo autoinductores de cadena larga. De las cepas que presentaron algún tipo de bloqueo, 7 de ellas mostraron además inhibición de la formación de biopelículas. Se concluye que 7 cepas aisladas de pisciculturas mostraron ser potenciales biocontroladores de biopelículas de *F. psycrophilum*.

Financiamiento. Beca Conicyt de apoyo a realización de tesis doctoral 24090184

P-119

Presencia de cianobacterias productoras de microcistinas en reciente florecimiento algal nocivo en el embalse Rapel, Chile: análisis toxicológico y filogenético. Presence of microcystins-producing cyanobacteria in the recently harmful algal blooms in the reservoir Rapel, Chile: toxicological and phylogenetic analysis)

Delherbe, N[1]., Soto, K[1]., Echenique, I[1]., Vásquez, M[1].
[1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Numerosos estudios desde el año 1976 en el embalse Rapel, ubicado en la sexta región de Chile, han indicado la presencia de la cianobacteria *Microcystis aeruginosa*, potencial productora del grupo de análogos de hepatotoxinas denominadas microcistinas (MCs). Sin embargo, no existen trabajos que demuestren la toxicidad de dicha especie en este embalse.En el verano del año 2009 se produjo un evento de proliferación masiva de cianobacterias o Florecimiento Algal Nocivo (FAN) en el embalse Rapel. Durante aquel periodo se tomaron muestras de fitoplancton en la zona afectada, encontrándose que el género más abundante correspondió a *Microcystis*.
Los análisis toxicológicos por LC/MS de las muestras, confirmaron la presencia de microcistinas (análogos LR, YR y RR) con concentraciones en el rango de 0,004 a 3,658 $\mu g\ L^{-1}$.
A partir de las muestras se aislaron clones de cianobacterias, de los cuales 8 cultivos fueron identificados filogenéticamente dentro del género *Microcystis*. Estos clones dieron resultados positivos tanto para los análisis de la presencia del cluster de síntesis de MCs, como para los análisis toxicológicos, donde el rango varió entre 111 a 324 $\mu g\ g^{-1}$ de peso seco, para los tres análogos de MC. Este es el primer estudio en que la presencia de hepatotoxinas del tipo MCs y sus organismos productores son confirmados en el embalse Rapel.
Los FAN generan impacto al ecosistema, riesgos para la salud y pérdidas económicas. En Chile no hay legislación acerca de florecimientos tóxicos en fuentes de agua dulce, a pesar de la existencia de esta en otros países.
Financiamiento: Fondecyt 1080075
Financiamiento:. Fondecyt 1080075

P-120

Caracterización de microorganismos termofílicos productores de lipasa aislados de La Isla Decepción. (Characterization of thermophilic lipase-producing microorganisms isolated from Deception Island)

Muñoz, Patricio[1, 2]; Boehmwald, Freddy[1, 2]; Blamey, Jenny M.[1]
[1]Fundación Científica y Cultural Biociencia.
[2]Doctorado en Biotecnología, Universidad de Santiago de Chile. patricio.munozt@gmail.com

Los termófilos son microorganismos que cuyos óptimos de crecimiento se encuentran entre 50°-80°C de temperatura, mientras que los hipertermófilos presentan un óptimo de crecimiento superior a los 80°C. Estos microorganismos pueden ser aislados de ambientes naturales como géiseres, volcanes, aguas termales, entre otros.
Un lugar explorado para la búsqueda de estos microorganismos es La Isla Decepción, la cual corresponde a un volcán activo que se encuentra ubicado frente a La Península Antártica. Su paisaje está constituido por laderas volcánicas áridas y la presencia de fumarolas en sus playas, lugares a partir de los cuales es posible aislar diversos microorganismos termofílicos.
La producción de lipasas es ubicua en la naturaleza, encontrándose que animales, plantas y microorganismos son capaces de generarlas. Estas enzimas están involucradas en el metabolismo de los lípidos y corresponden a una clase específica de esterasas responsables de la hidrólisis de ésteres carboxílicos como los triacilgliceroles.
Asi, ha sido posible caracterizar aquellos microorganismos termofilicos que secretan lipasas a partir de muestras de La Isla Decepción. Para esto se realizó un enriquecimiento de muestras de fumarolas y tierras calientes a 65° y 80°C, luego de lo cual, la producción de lipasas fue detectada *in situ* en medio sólido especifica para esta enzima. La producción de lipasas fue verificada por la hidrólisis de *p*-nitrofenol laurato y *p*-nitrofenol palmitato. Posteriormente, se realizó la caracterización a nivel molecular, fisiológica y bioquímica de los distintos aislados obtenidos.

P-121

Abundancia y riqueza de bacterias celulolíticas aeróbicas en diferentes sustratos (Abundance and richness of cellulolytic bacteriafrom different substrates)

Opazo R[1], Navarrete P[1], Díaz P[1], Karaciolo A[1], Espejo, RT[1] y Romero J[1].
[1]Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad de Chile.

Los hongos y bacterias son los principales organismos capaces de degradar celulosa mediante enzimas celulolíticas. El objetivo de este estudio es aislar bacterias celulolíticas desde diferentes ecosistemas para utilizarlas posteriormente en procesos biotecnológicos. Metodología: Los ecosistemas escogidos fueron termitas (*Neotermes chilensis*), lombrices (*Eisenia foetida*), contenido rumial bovino (CRB), hojas en descomposición (HD), tierra de jardín (TJ) y silo de maíz (SM). Las muestras fueron homogeneizadas e inoculadas en placas de agar con medio mínimo y carboximetilcelulosa como única fuente de carbono. Se seleccionaron 40 colonias por sustrato analizado y se determinó la presencia de actividad celulolítica mediante la tinción de Rojo-Congo. Las Bacterias celulolíticas fueron caracterizadas por sus perfiles del espaciador intergénico 16S-23S rRNA (ITS). Un representante de cada perfil ITS fue identificado por secuenciación del gen 16S rRNA. Resultados: Los recuentos de bacterias celulolíticas aeróbicas por gramo de muestra fue de $1{,}45x10^6$ (termitas), $1{,}30x10^7$ (lombrices), $2{,}30x10^4$ (CBR), $2{,}47x10^8$ (HD), $1{,}44x10^7$ (TJ), $9x10^2$ (SM). Los géneros bacterianos más abundantes fueron: termitas *Streptomyces* (59%); lombriz *Streptomyces* (82%), *Paracoccus* (18%); CRB *Streptomyces* (20%), *Rhodococcus* (26%), *Paenibacillus* (13%), *Cellulomonas* (13%); HD *Flavobacterium* (44%), *Stenotrophomonas* (13%), *Curtobacterium* (13%); TJ *Streptomyces* (88%); SM *Paenibacillus* (83%). Conclusiones: Las muestras con mayor diversidad fueron CRB y HD con 8 géneros y termitas con 7 géneros. El género bacteriano común a la mayoría de las muestras fue *Streptomyces*. El sustrato HD fue el que presentó mayor abundancia de bacterias celulolíticas aeróbicas por gramo.

Financiamiento: CORFO_INNOVA 05CT6 PP-09, FONDECYT 1080480

P-122

Estudio de la respuesta a estrés oxidativo inducida por Fe^{3+} y análisis de los componentes moleculares involucrados la protección antioxidante en la bacteria acidófila *Leptospirillum ferriphilum*. (Study of redox stress response induced by Fe^{3+} and analysis of the molecular components involved in antioxidant protection in acidophilic bacterium *Leptospirillum ferriphilum*).

Flores, R.[1], Contreras, M., Cortés, A[1]. y Levicán G.[1]
[1]Departamento de Biología. Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
r.flores.rios@gmail.com

Leptospirillum ferriphilum es una bacteria acidófila, quimilitoautotrófica que oxida ión ferroso (Fe^{2+}) y que juega un papel importante en los procesos de biolixiviación de minerales sulfurados. En los ambientes biolixiviantes ácidos este microorganismo se encuentra expuesto a elevadas concentraciones de hierro y metales pesados, los cuales pueden inducir estrés oxidativo. En este trabajo hemos analizado el efecto de altas concentraciones de Fe^{3+} sobre el crecimiento y la producción de especies reactivas de oxígeno (ROS) utilizando 2,7-diclorodihidrofluoreceína diacetato (DCHF-DA) e hidroetidina (HE) que detectan ROS totales y superóxidos, respectivamente, en *L. ferriphilum* DSM 14647. Nuestros resultados muestran que concentraciones $\leq$150mM inducen el crecimiento bacteriano mientras que concentraciones $\geq$250 mM tienen un efecto negativo sobre el crecimiento e inducen la producción de ROS, sugiriendo que bajo estas condiciones la bacteria se encuentra bajo estrés oxidativo.

Adicionalmente, con el propósito de identificar los componentes moleculares involucrados en la respuesta estudiada hemos realizado un análisis bioinformático utilizando la secuencia del genoma de *L. ferriphilum* (UBA) disponible en las bases de datos públicas. Se identificó un número importante de genes que codifican para putativas tioredoxinas y peroxidasas incluyendo una citocromo C peroxidasa y una Dyp peroxidasa. El gen *dyp* fue clonado en un vector de expresión y se evaluó la actividad enzimática de la peroxidasa codificada. Los resultados obtenidos sugieren que esta enzima juega un papel en la protección antioxidante en este microorganismo. Se discutirá las implicancias de estos hallazgos en la respuesta de esta bacteria frente a Fe^{3+} y otros agentes oxidantes.

Financiamiento: FONDECYT 11085045, Dicyt-USACH

P-123

Comparación de la diversidad bacteriana en tres fuentes termales de la X región, Chile. (Comparison of bacterial diversity in three hot springs, X region, Chile.)

Mackenzie, R. [1,2], Abarzúa, L.[1], Barros, J.[2], Sossa, K.[1], Urrutia, H.[1]
[1]Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.
[2]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
rmackenzie@udec.cl

Actualmente existe un gran interés por el estudio de la biodiversidad en ambientes extremos para determinar cuál es el rol que tienen los microorganismos extremófilos en los ciclos biogeoquímicos. Las fuentes termales poseen una población microbiana autóctona única, que depende de las propiedades fisicoquímicas del agua termal. Se comparó la diversidad bacteriana de 3 termas de la X región de Chile (Termas de Porcelana, Termas de Cahuelmó y Fumarola Porcelana), y se midió la temperatura, oxígeno disuelto, y concentración de sulfatos y sulfuros en el agua. Para esto, se construyeron transectas en un gradiente térmico, en donde se determinó la diversidad y composición de las comunidades bacterianas mediante PCR-DGGE del ADNr 16S, morfología celular por SEM, y recuento de bacterias vivas/muertas y UFC termófilos. Los resultados muestran que en Termas de Porcelana y Fumarola Porcelana existe una alta concentración de sulfato. En Cahuelmó se registraron bajas concentraciones de este ión, pero altas concentraciones de sulfuro. El oxígeno disuelto aumentó gradualmente desde el origen, mientras que la variación térmica fue de casi 20°C en las transectas construidas (60-40°C). Las comunidades bacterianas a mayor temperatura mostraron mayores diferencias con las de menor temperatura, pero se identificaron bandas comunes entre las tres termas. Los tapetes microbianos se observan dominados por grandes células filamentosas con vaina, asociadas a microorganismos de morfotipos bacilares y cocáceos. Se postula que independientemente de su ubicación geográfica, las especies microbianas de estos ecosistemas podrían estar filogenéticamente relacionadas, y que la temperatura es un factor selectivo en cada punto muestreado.

Financiamiento: Fundación Huinay

P-124

Comparacion de diferentes técnicas para la cuantificación de las comunidades microbianas en muestras de biolixiviación.

(Comparison between different quantification techniques for the determination of microbial populations in biolaeching samples)

Gallardo, K.[1], Tapia, P.[1], Urtuvia, V.[1], Contador, Y.[1], and Demergasso, C.[1]
[1]Centro de Biotecnología Profesor Alberto Ruíz. Universidad Católica del Norte. Antofagasta – Chile
cdemerga@ucn.cl, vurtuvia@ucn.cl,

La evaluación de la diferentes técnicas aplicadas en el monitoreo de muestras provenientes de procesos industriales de biolixiviación considera entre otros el tiempo de respuesta de cada una, la exactitud y reproducibilidad, y el tipo de información que nos entrega. En este trabajo se comparan dos de las técnicas utilizadas, PCR en tiempo real (QPCR), y el Número Más Probable (NMP).

El NMP nos permite obtener una estimación eficiente de la población bacteriana activa. Se basa en la determinación de la presencia o ausencia en réplicas de dilución consecutivas de atributos particulares de microorganismos. En las muestras de biolixiviación, estos corresponden a la oxidación de Hierro y al Azufre. QPCR es una técnica cada vez más utilizada en la cuantificación de microorganismos, debido a su alta sensibilidad y reproducibilidad y al menor tiempo requerido para el análisis, respecto a otros métodos. Uno de los requerimientos del análisis mediante QPCR es la obtención de un DNA de buena calidad.

La comparación de ambas técnicas se realiza a través de un tratamiento estadístico que permite, por un lado determinar y disminuir las posibles desviaciones, y aumentar la calidad de los resultados entregados, y por otro lado comprender el tipo de información que cada técnica aporta al conocimiento de las dinámicas poblacionales.

P-125

Producción de agarasas de bacterias antárticas asociadas a macroalgas. (Antarctic seaweed bacteria agarases production)

Gimpel C.[1], Asencio G.[1], Figueroa C.[3], Ogué E.[2] y González M.[1]
[1]Instituto Antártico Chileno, Plaza Muñoz Gamero 1055, Punta Arenas, Chile.
[2]Fundación Biociencia, José Domingo Cañas 2280, Ñuñoa, Santiago, Chile.
[3]Servicio Agrícola y Ganadero, Laboratorio regional. Punta Arenas, Chile.

Actualmente existe particular interés por aislar enzimas extracelulares con potencial biotecnológico de ambientes frios, que implican un menor gasto energético para su producción, bajo este punto de vista, la Antártica es un escenario ideal, ya que los organismos que alli habitan han desarrollado condiciones particulares, como resistencia a bajas temperaturas, alta exposición a radiaciones y variaciones de salinidad.
Se han aislado ocho cepas con propiedades agarolíticas asociadas al biofilm de macroalgas antárticas de Bahía Maxwell, Isla Rey Jorge. Obtenidos desde cultivos únicos a 15°C en agar o caldo marino, se extrajo el ADN por el método de fenol cloroformo para realizar PCR con partidores que amplifican el gen 16S. Se logró la identificación de 4 cepas correspondientes a Psychrobacter sp, Bacillus sp, Pedobacter sp. y Flavobacterium sp., con elevados porcentajes de identidad (94 - 97 %). Además se efectuaron caracterizaciones microbiológicas y bioquímicas de las cepas.
Se ha comenzado con la purificación parcial de las enzimas desde los sobrenadantes de cultivos en medio mínimo semi –sólido. Se ha comprobado que hidrolizan agar y agarosa a temperatura ambiente, generando halos de 5 centímetros a partir de sólo 20 µl del concentrado. Por electroforesis (PAGE-SDS) se evidenció la existencia de estas proteinas entre los 25 y 30 kDa. Actualmente, se continua con la purificación y cuantificación de actividad enzimática a través de métodos cromatográficos (FPLC y HPLC), espectrofotométricos, y la optimización del crecimiento bacteriano para la producción de las agarasas.

Financiamiento: Proyecto Corfo-Innova de Biorrecursos Antárticos COD. 07CN13PXT-264

P-126

Caracterización molecular de la comunidad bacteriana asociada a sedimentos de lagos patagónicos (Molecular characterization of bacterial community from sediments of patagonic lakes).

León, C[1]., Campos, VL[1,2]., Urruria, R[2]., Mondaca,MA[1].
[1]Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción
[2]Centro EULA-Chile. Universidad de Concepción.
caleon@udec.cl

El origen glacial Cuaternario y la localización geográfica de los lagos patagónicos, permite que en ellos existan condiciones ambientales extremas. El objetivo fue analizar la estructura de la comunidad bacteriana asociada a sedimentos de lagos de un mismo origen glacial y diferentes patrones geomorfológicos. Los sedimentos fueron obtenidos de tres lagos patagónicos (Bertrand, Plomo y Tranquilo), los cuales fueron caracterizados fisico-químicamente. Las propiedades metabólicas de las comunidades bacterianas asociadas a sedimentos, se estudiaron mediante Biolog EcoPlate. La caracterización de la comunidad bacteriana se realizó amplificando el gen ADNr-16s mediante PCR, para su posterior análisis mediante electroforesis en gel de gradiente denaturante (DGGE). El patrón de bandeo fue analizado mediante el paquete estadístico Primer 6. Los patrones metabólicos demostraron que los lagos Plomo y Bertrand poseen un indice de similitud de un 70% en la utilización de sustratos. Resultados similares fueron obtenidos en análisis de los patrones fisico-químicos. Los análisis de comunidad bacteriana, del dominio Bacteria, demostraron que existe un mayor porcentaje de similitud entre los lagos Plomo y Bertrand. Sin embargo los análisis del dominio Archaea no presentaron diferencias significativas. El lago Tranquilo presento un indice diversidad bacteriana mayor. Las diferencias se deben a que el Lago Tranquilo presenta menos perturbaciones que los otros dos lagos en estudio.
DIUC-CIEP(208.036.036-1sp)

P-127

Simulación de la emergencia de diversidad en *Bacillus subtilis*. (Simulating the emergence of diversity in *Bacillus subtilis*)

Pámela Martinez[1], Miguel Fuentes[2], Pablo Marquet[1,2,3]
[1]Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB), Departamento de Ecología, Facultad Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
[2]Santa Fe Institute, Santa Fe, New Mexico, USA
[3]Institución de Ecología y Biodiversidad. Casilla 653, Santiago.
martinez.pamela@gmail.com

Bacillus subtilis es una bacteria gram positivo que al ser cultivada en medio sólido es capaz de generar diversos patrones espaciales dependiendo de la concentración de agar y de la concentración de nutrientes.

Por otro lado, se sabe que la biodiversidad en poblaciones bacterianas se asocia a procesos de mutación los que en cultivos a largo plazo dan origen a fenómenos de reemplazo competitivo o "selección periódica" de mutantes en donde aquellas poblaciones que tienen mayor adecuación o fitness son capaces de invadir el sistema. Esta dinámica se ha observado en un periodo donde las mutantes ya no se excluyen entre sí, coexistiendo neutralmente ("equivalencia competitiva") y como consecuencia se ve un aumento en la biodiversidad.

El objetivo de este trabajo fue realizar un modelo matemático basado en autómatas celulares para describir el comportamiento de las mutantes que surgen en los distintos patrones espaciales de *B.subtilis*, para esto primero se realizó un modelo que fuese capaz de describir el fenómeno de emergencia de diversidad de manera de poder comparar los resultados simulados con evidencias experimentales. El segundo modelo describe cómo el efecto espacial de los patrones poblacionales de *B.subtilis* limita el comportamiento de las mutantes y como consecuencia la diversidad.

Los resultados del primer modelo son consistentes con las evidencias experimentales en cultivos de largo plazo, por otro lado el segundo modelo muestra que la invasión de las distintos genotipos solo ocurre a nivel local y que también es posible alcanzar diversidad genética.

Financiamiento. FONDAP-FONDECYT 1501-001, ICM P05-002, CONICYT PFB-23.

P-128

Análisis de comunidades microbianas en suelos agrícolas tratados con simazina en Chile central. (Analysis of microbial communities in agricultural soils treated with simazine from central Chile).

Hernández, M.[1,2], Jorquera, M.A.[2], and Seeger, M.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.
[2]Laboratorio de Biotecnología en Recursos Naturales, Instituto de Agroindustria, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. mate_hg@yahoo.es

Simazine is an herbicide worldwide used for agriculture. Some bacterial strains are potential catalysts for bioremediation of herbicide-polluted soils. Most microbes in environmental samples cannot be cultured in laboratory media, which are biased for the growth of specific microorganisms. DNA-based techniques are useful for the study of the microbial communities in environments without cultivation. The effect of simazine on bacterial, fungal and archaeal communities present in agricultural soils from central Chile was studied. Samples of long term simazine-treated and non herbicide-treated agricultural soils were collected. Physico-chemical analyses of soil samples were carried out. After 12 h incubation with simazine, total DNA was extracted. The structure of microbial communities in the soil samples was assessed by denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE). Selected DGGE bands were sequenced and the consensus nucleotide sequences obtained were deposited and compared with those present in GenBank database. DGGE analysis revealed that simazine application increased some groups of bacteria, fungi and archaea in both soils. More changes of microbial groups were observed in agricultural soils without history of simazine application. The groups increased by simazine were phylogenetic close to *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Paecilomycetes*, *Leotiomycetes* Crenarchaeota and *Euryarchaeota*. The functional diversity of archaea in soils is mainly unknown. This work showed the increase of diverse microbial group by simazine application in soil and provided evidence that archaea present in Chilean agricultural soils may be influenced by application of simazine.

Acknowledgements: Millennium Nucleus EMBA-P04/007-F, USM-130836, USM-130948, PBCT-Red12, PBCT-PSD26, Fondecyt 1108159 grants and Conicyt scholarships.

P-129

Distribución de genes de resistencia a arsénico en sedimentos con concentraciones variables del metaloide (Distribution of arsenic-resistant genes in sediments with different concentrations of arsenic).

Mellado, C[1]., Campos, VL[1,2]., Mondaca, M.A[1].
[1]Departamento de Microbiologia, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción.
[2]Centro EULA-Chile. Universidad de Concepción.
camellado@udec.cl

El río Camarones (XV-región, Chile) se caracteriza por presentar una elevada concentración de arsénico, de origen geológico principalmente. El objetivo fue relacionar la presencia de genes del operón *ars* con los niveles de arsénico presente en diferentes sectores del río Camarones (Illapata, Esquiña y Desembocadura). Se aislaron 34 cepas bacterianas, arseniato-resistentes. Se determinó el nivel de tolerancia a As(V), mediante la técnica de dilución seriada en tubos; la capacidad de reducir el arseniato, utilizando $KMnO_4$ y la presencia de genes relacionados con la reducción del metaloide, *arsC* y *arsAB*, mediante PCR. La relación entre presencia de genes y concentración de arsénico, se realizó mediante un Análisis de Escalamiento Multidimensional (MDS). El 100% de las cepas fueron capaces de reducir As(V) a As(III). Las cepas presentes en los sedimentos con mayor concentración de arsénico (Illapata), presentaron elevados niveles de resistencia a arseniato (350-450mM) y el gen *arsC* se detectó en el 86% de las cepas; mientras que las cepas provenientes de sedimentos con menores concentraciones (Esquiña y Desembocadura), presentaron niveles de resistencia más bajos (200-300 mM) y el gen *arsC* se detectó en 75% y 70% de las cepas, respectivamente. Los análisis por MDS arrojaron tres grupos de acuerdo a la presencia de genes de resistencia ubicados en el operón *ars*, los cuales coinciden con los sectores estudiados del río y sus diferentes concentraciones de arsénico. De acuerdo a los resultados se puede concluir que la presencia del gen *arsC*, está directamente relacionada con la concentración de arsénico presente en los sedimentos.

FONDECYT(1050088)

P-130

Caracterización de comunidades bacterianas en suelos y sedimentos lacustres antárticos mediante electroforesis en gel con gradiente denaturante (DGGE). (Characterization of bacterial communities in soils and lake sediments from Antarctica by denaturing gradient gel electrophoresis [DGGE].)

Muñoz, Gabriel[1], Abarzúa, Leslie[2], Urrutia, Homero[2], Bello, Helia[1], Domínguez, Mariana[1], González, Gerardo[1]
[1]Departamento de Microbiologia. Facultad de Ciencias Biológicas y [2]Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción. Concepción. Chile
gabmunoz@udec.cl

Las Islas Rey Jorge y Ardley, localizadas al oeste de la peninsula Antártica, presentan un clima oceánico frio, caracteristico de la Antártica marítima; dónde los microorganismos dominan diferentes ecosistemas. Aunque existe un creciente número de trabajos respecto a las comunidades procariontes en distintos hábitats, nuestro conocimiento de la diversidad bacteriana en Antártica es aún restringido. Sin embargo, el advenimiento de técnicas independientes de cultivo ha permitido mejorar nuestro entendimiento de la biodiversidad de ambientes extremos.

El objetivo de este estudio fue comparar comunidades bacterianas de Isla Rey Jorge e Isla Ardley, utilizando una aproximación molecular. Se analizaron cinco muestras de suelo (P2M1, P3M1, P19M1, P29M1, P29M2), seleccionadas desde sitios con diferente tipo de vegetación (musgos, liquenes y *D. antarctica*), y tres muestras de sedimentos lacustres (P1M2, P16M2, P26M2). Para ello se trabajó con 0,5 g de suelo y sedimento. La extracción de ADN genómico se realizó mediante un kit comercial (MoBio) en triplicado. Se evaluó los perfiles de diversidad del ADNr 16S por DGGE, previa amplificación anidada del ADNr 16S, utilizando los partidores 341f/907r y 341fgc/534r. Las condiciones del DGGE fueron 40-70% gradiente de desnaturalización; 7,5% acrilamida/bisacrilamida y 60 V por 8 h.

Los resultados demostraron que hay diferencias entre las comunidades. Hay un patrón característico para cada sistema; sin embargo, comparten un 20% de su riqueza en OTUs (Unidad taxonómica operacional). Las muestras de sedimento presentan la más alta riqueza de OTUs, mientras que las muestras de suelo asociados a liquenes la más baja.

Financiamiento: Proyecto INACH T-17-08

P-131

Detección de actividad proteolítica en bacterias psicrotróficas aisladas en la Antártica. (Detection of proteolytic activity in psychrotrophic bacteria isolated from Antarctica)

Muñoz, G., Elgorriaga E., Domínguez, M., Bello, H., González, G.
Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

El continente Antártico es uno de los ambientes más fríos del planeta. Bajo esta condición, sus ecosistemas albergan una microbiota capaz de crecer y llevar a cabo diversos procesos metabólicos. Consecuentemente, los microorganismos que habitan esta área son una importante fuente de biomoléculas con actividad a bajas temperaturas. Por esta razón, existe un creciente interés en la exploración de comunidades bacterianas en lugares poco investigados como la Antártica, considerando, en particular, los aspectos benéficos para la industria, que tales investigaciones podrían generar en diferentes áreas de la biotecnología.

El objetivo de esta investigación fue detectar actividad proteolítica en bacterias psicrotróficas aisladas desde agua de mar y cuatro lagunas de la Antártica (Península Fildes, Isla Rey Jorge). Para estudiar la producción de proteasas extracelulares, se empleó un método de doble capa de agar, consistente en una capa inferior de agar leche descremada (ALD), con el sustrato proteico, y una capa superior nutritiva de agar marino o agar R_2A, donde las bacterias fueron sembradas. La formación de un halo de proteólisis en la capa de ALD fue usado como criterio de actividad proteolítica.

De entre las 44 cepas que fueron incubadas por 7 días a 4°C, 26 mostraron halos transparentes alrededor de su colonia. El análisis de las secuencias del gen ADNr 16S, indicó que corresponden principalmente a los géneros *Flavobacterium* y *Pseudomonas*.

Estos resultados son relevantes, ya que sugieren que estas cepas psicrotróficas podrían ser utilizadas para el desarrollo de nuevas enzimas industriales cuya actividad proteolítica se expresa a bajas temperaturas.

Financiamiento: Proyecto INACH T-17-08

P-132

Bioprospección de extremoenzimas en microorganismos antárticos

Peralta, R.[1], Blamey, L.[1], Blamey, J.M.[1]
[1] Fundación Científica y Cultural Biociencia. Santiago de Chile.
rperalta@bioscience.cl, lblamey@bioscience.cl, jblamey@bioscience.cl

Los extremófilos son microorganismos que pueden crecer en ambientes extremadamente hostiles para la sobrevivencia de otros microorganismos. Las condiciones extremas pueden ser muy versátiles: bajas o altas temperaturas (-2 a 15°C, 60 a 110°C), alto o bajo pH (<4,>9), alta salinidad (2–5M NaCl), alta concentración de metales, baja disponibilidad de nutrientes, baja actividad de agua, alta radiación y alta presión. Los extremófilos a nivel molecular están estructuralmente adaptados a severas condiciones ambientales y son capaces de producir biocatalizadores conocidos como extremoenzimas que son proteínas que tienen la particularidad de ser activas y altamente estables bajo estas condiciones. Los microorganismos psicrófilos habitan ambientes de bajas temperaturas (-2 a 15°C). Estos se encuentran en regiones polares, altas montañas, glaciares, profundidades marinas, sistemas subterráneos (cabernas) donde las temperaturas no exceden los 5°C. En el presente estudio, se analizaron distintos microorganismos psicrófilos provenientes de muestras de suelo, agua, hielo y sedimento que poseen una o más actividades enzimáticas. Dentro de las actividades analizadas mediante ensayos cualitativos están: amilasa, proteasa, β-galactosidasa y xilanasa. El análisis molecular de las muestras antárticas permitió determinar que los distintos aislados pertenecen tanto al dominio Arquea como al de Bacteria.

P-133

Búsqueda, cuantificación y normalización de marcadores genéticos para monitorear sistemas industriales de biolixiviación (Search, quantification and normalization of genetic markers to monitor industrial bioleaching systems).

Remonsellez, F.[1], Galleguillos, F.[1], Acosta, M.[1], Coñajagua, A.[2], Daza C.[2], Meneses, C.[2] y Demergasso C[1].

[1]Centro de Biotecnología, Universidad Católica del Norte, Antofagasta.
[2]Departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación, Universidad Católica del Norte, Antofagasta. fremonse@ucn.cl

Este trabajo está enfocado en la búsqueda de posibles marcadores genéticos para monitorear procesos de biolixiviación, como también en la cuantificación de estos marcadores mediante PCR en tiempo-real en muestras de procesos industriales. Además, debido a la necesidad de la normalización de los datos obtenidos mediante PCR en tiempo-real, se propone la identificación de genes controles para cada sistema de biolixiviación estudiado.
Los marcadores genéticos analizados en este trabajo fueron identificados y caracterizados mediante la expresión global de genes utilizando PCR con partidores arbitrarios al azar (RAP-PCR) desde muestras industriales de biolixiviación. Los genes identificados mostraron asociación con procesos como transporte de electrones, generación de energía, síntesis de proteínas y respuesta a estrés entre otros. Además, se incluyeron en el análisis algunos genes controles descritos para *Aciditiobacillus ferrooxidans* (*map*, *rpoC*, *nth* y *gyrA*). Luego de la cuantificación de la expresión de los marcadores en distintas muestras industriales de biolixiviación se utilizó el programa geNorm para el análisis de los datos. Nosotros determinamos que uno de los marcadores más estables es el gen que codifica para la mercurio reductasa de la arquea *Ferroplasma acidiphilum*. Interesantemente, los genes *nth* y *gyrA* de *A. ferrooxidans* resultaron ser los más estables cuando estos fueron incluidos en los análisis. Finalmente, la cuantificación de la expresión genética de marcadores metabólicos en sistemas industriales se presenta como una nueva aproximación para optimizar tecnologías de biolixiviación.

Financiamiento: Proyecto Fondef D04i1169. Proyecto de Cooperación IAEA Tech. CHI8028 Chile.

P-134

Péptidos antibacterianos de moluscos marinos contra bacterias gran negativas de interés en la industria alimentaria (Antimicrobial peptides of marine molluscs against Gram negative bacteria of interest in the food industry).

Fabián Salazar[1], Esteban Nova[1], Augusto Manubens[2], Alfredo E. De Ioannes[2], Juan Navarro[3], Viviana Cachicas[4], María Inés Becker.[1,2*]
[1]Fundación Ciencia y Tecnología para el Desarrollo, [2]Biosonda S.A., [3]Instituto de Instrumentación Analítica y Desarrollo Tecnológico (IADET) Ltda., [4]Microbiología de Alimentos, Instituto de Salud Pública. Santiago, Chile. *mariaines.becker@fucited.cl

El sistema inmune de invertebrados esta integrado por mecanismos innatos de defensa, siendo los péptidos antimicrobianos (AMPs) su principal componente. Los AMPs son moléculas anfifílicas que se encuentran almacenados en los hemocitos o circulando libremente en la hemolinfa. Su valor en la respuesta inmune yace en su capacidad para actuar sin alta especificidad; además su pequeño tamaño y baja toxicidad favorecen su utilización como potenciales antibióticos, con la ventaja que no se conocen cepas bacterianas que hayan desarrollado resistencia a AMPs. Considerando la diversidad de especies marinas de nuestras costas, la hipótesis es que existen AMPs en hemolinfa o hemocitos de moluscos chilenos comestibles.
En ensayos sobre céspedes bacterianos de *Vibrio parahaemolyticus* y *Escherichia coli*, se encontró que extractos derivados de fracciones subcelulares de hemocitos de *Concholepas* y tres especies de lapas *Fissurellidas* presentan actividad antibacteriana. Mediante microscopia electrónica se han caracterizado los tipos celulares que circulan en su hemolinfa, encontrándose células con diversos gránulos electrón-densos en su interior que podrian almacenar AMPs. La purificación de estos agentes mediante cromatografía en fase reversa muestra que eluyen en un rango acotado de acetonitrilo, lo cual daría cuenta de su naturaleza hidrofóbica. La caracterización de estas fracciones mediante electroforesis en geles de poliacrilamida-SDS en tampón Tris-Tricina, muestra la presencia de bandas con una movilidad inferior a 10 kDa, las cuales se están analizando mediante HPLC. Se espera obtener su secuencia y testear su actividad y estabilidad en condiciones puras para proyectar su aplicación como aditivos o coadyuvantes de elaboración en alimentos.

Financiamiento: Fundación COPEC-PUC QC057 y FONDECYT 1050150

P-141

Caracterización de serotipos por PCR de *Listeria monocytogenes (Lm)* en una planta procesadora de embutidos crudos madurados en la Región de O'Higgins. (Characterization of *listeria monocytogenes* in a raw meat processing plant in the Region of O'higgins)

Adrian N. [1], Fuentes V. [1]., Tolorza L. [1], Gädicke P. [2], Lopez J.[2]· Rojas F[3]., Jara M., Olivari F[3]. y Cachicas V.[3] ; Seremi Salud O'Higgins [1], Universidad de Concepción [2], Instituto de Salud Pública de Chile [3].

La Listeriosis es una enfermedad, que afecta principalmente a adultos mayores, lactantes, mujeres embarazadas y personas inmunodeprimidas. El año 2008 y 2009 hubo dos importantes brotes en Chile causadas por consumo de alimentos de origen animal como quesos y cecinas. *Listeria monocytogenes (Lm)* está presente en el ambiente de establecimientos procesadores y productos cárneos, incluso posterior a los procesos terminales de limpieza y desinfección de las líneas de producción por su capacidad de persistir en las líneas de procesamientos formando (*biofilms*) desafiando la eficiencia de los procesos de limpieza y desinfección utilizados en las industria cárnica. Con el objetivo de caracterizar una línea de producción de una fábrica de cecinas maduradas listas para el consumo, se evaluó la presencia y serotipo de *Lm* en cinco puntos de muestreo a nivel de materia prima y superficies de equipos en contacto con el producto en proceso. La obtención de muestra en superficies se realizó mediante el sistema Petrifilm 3M. El aislamiento de *Lm* según la metodologia BAM FDA. El serotipo fue analizado según los tres linajes descritos mediante PCR. Se evaluaron 50 cepas aisladas desde el muestreo de superficie y materia primas encontrándose que la mayoría de las cepas aisladas corresponden al grupo 3 (Serotipo 1/2b, 3B y 7) y en algunos casos del grupo 4 (Serotipo 4b, 4d y 4e). Estos resultados muestran la presencia de más de un serotipo en el canal de producción a nivel de superficie y materias primas por lo que es necesario caracterizar la trazabilidad de *Lm* hasta el producto final dada sus características de ubicua.

Financiamiento: Seremi O Higgins e Instituto de Salud Pública de Chile.

P-142

Purificación y caracterización parcial de una sustancia antimicrobiana producida por *Staphylococcus aureus* con actividad sobre *Listeria monocytogenes*. (Purification and partial characterization of a antimicrobial substance produced by *Staphylococcus aureus* against *Listeria monocytogenes)*.

W. Donoso[1], O. Lobos[1], C. Padilla[1].
[1]Depto de Cs. Biomédicas y Microbiología. Universidad de Talca. Chile.
wdonoso@utalca.cl

Staphylococcus aureus, un reconocido patógeno humano y animal, es capaz de producir diversas exoproteínas como parte de su mecanismo de defensa proceso que es regulado por el Quorum sensing. Este microorganismo además es buscado en alimentos procesados por ser una bacteria capaz de producir cuadros agudos de toxoinfecciones alimentarias. Objetivo: Aislar cepas de *Staphylococcus aureus* desde alimentos, las cuales presenten capacidad de producir sustancias antimicrobianas inhibitorias sobre *Listeria monocytogenes*. Metodología: Se utilizó cromatografia de filtración en gel y electroforesis de proteínas en la caracterización de la sustancia antimicrobiana. Resultados: Durante la caracterización se obtuvo una sustancia antimicrobiana parcialmente purificada, de un peso molecular aproximado de 3.5 kDa, resistente a la temperatura, la cual podría clasificarse dentro de las moléculas denominadas bacteriocinas de clase IIa. Conclusión: Eventualmente y mediante la realización de estudios posteriores, pudiese argüirse el uso de esta sustancia antimicrobiana como biopreservante en alimentos o como alternativa para su uso individual o combinado en el tratamiento de alguna patologia.

P-143

Persistencia de bacteriófagos líticos de *Salmonella enterica* serovar Enteritidis en huevos de gallina
(Persistence of lytic bacteriophages of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis in hen eggs)

[1]**Valencia, M.** , [1]Retamales, J., [2]Borie, C., [1]Robeson, J. 1. Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso 2. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

Durante las ultimas décadas en Chile y el mundo, *Salmonella enterica* serovar Enteritidis (SE), ha emergido como un enteropatógeno frecuentemente involucrado en brotes de salmonelosis humanas transmitidas a través del consumo de productos derivados de la industria avícola, implicando un enorme riesgo sanitario. Los huevos de gallina han sido el vehículo preferente de esta infección; es más, se define a SE como un patógeno que ha encontrado un nicho biológico en dichos huevos. No obstante, no existe información acerca de la asociación de bacteriófagos de SE en el interior de huevos o su posible interacción con comunidades bacterianas presentes en éstos. En este contexto, nuestra investigación se enfocó en determinar la persistencia de *f*18, un fago lítico de SE, en huevos comerciales y SPF (Specific Pathogen Free). Para esto, se inoculó en el albumen de dichos huevos una dosis de *f*18 de $5{,}0x10^{10}$ ufp/ml por triplicado a diferentes tiempos de incubación. Se observó, mediante recuento de ufp, que este bacteriófago persiste en títulos inalterados durante las 144 hrs. de análisis post inoculación. La presencia del fago también fue corroborada mediante PCR. Además, se observó que *f*18 fue capaz de atravesar la membrana vitelina, puesto que a pesar de ser inoculado directamente al albumen, fue recuperado de la yema. En conclusión es pertinente señalar que *f*18 no pierde viabilidad dentro de huevos y por tanto podría servir como agente biocontrolador en huevos de gallina, como parte de estrategias para reducir la colonización por cepas de SE en el sector avícola.

Financiamiento: FONDECYT N° 1080291

P-144

Prevalencia e identficación de *ARCOBACTER SPP.* En carcasas de pollos broiler provenientes de plantas faenadora de la Región Metropolitana
(Prevalence and identification of *Arcobacter spp.* on broiler chickens from plants of the Metropolitan)

Guzmán M., Troncoso M. y Figueroa G.
Laboratorio d Microbiología y Probióticos, INTA, U. Chile. Santiago, Chile.
mguzmanvalenzuela@gmail.com

Arcobacter sp es un patógeno emergente de la familia *Campylobacteriaceae*, que causa enteritis y ocasionalmente bacteriemias. Este género está ampliamente distribuido en el ambiente y su principal reservorio son las aves, en especial las aves. **Objetivo General:** Determinar la prevalencia e identificar *Arcobacter spp.* y evaluar su susceptibilidad a antibióticos. **Diseño:** se obtuvo 203 carcasas de pollos en distintas etapas de faenamiento en 2 mataderos de la Región Metropolitana. **Metodologías:** Luego de un enriquecimiento de 48 horas se sembró placas de agar Johnson-Murano y McConkey. Las distintas especies de *Arcobacter spp*, se identificaron a por pruebas bioquímicas y PCR multiplex. La susceptibilidad a antibióticos se realizó mediante ensayos de difusión en agar y concentración inhibitoria mínima, por el método de dilución en agar. **Resultados:** La prevalencia total de *Arcobacter spp.* fue de 42% (86/203). La menor prevalencia en pollos se detectó en la etapa de colgado, 1% (4/40) y la mayor en la desplumado 72% (37/51). En la etapa final (enfriado) *Arcobacter spp.* se detectó en el 49%. La especie predominante fue *A. butzleri*, todos los resultados que se confirmaron con PCR multiplex. Las cepas fueron resistentes a ácido nalidixico (100%), cefaperazona (100%) y clorafenicol (89%), antibióticos de uso frecuente como promotores del crecimiento. **Conclusiones:** Los resultados revelan alta prevalencia de *Arcobacter butzleri* en pollos broiler faenados en dos plantas de la Región Metropolitana. La mayor prevalencia en la etapa de desplumado confirma que este patógeno coloniza la piel de las aves y no su intestino. La elevada prevalencia y multiresistencia a antibióticos de las cepas de *Arcobacter sp.* refuerza la necesidad de implementar medidas de control para asegurar la inocuidad de las aves. Financiamiento parcial: Proyecto FONDECT 1061150.

P-145

Detección e Identificación de *Vibrio parahaemolyticus* desde muestras ambientales, durante la aparición de nuevos casos clínicos en Antofagasta, Chile. (Detection and identification of *Vibrio parahaemolyticus* from environmental samples, during an apparition of new clinical cases in Antofagasta, Chile).

Hengst MB, Garcia-Bartolomei E, Leiva JC, Cáceres M, Leyton Y, Varas R & Riquelme C.
Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Acuicultura, Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta. mbhengst@gmail.com

Vibrio parahaemolyticus (Vp) constituye el principal agente causante de gastroenteritis por consumo de mariscos crudos en todo el mundo. En Chile fue detectado por primera vez en Antofagasta, durante un brote patógeno del clon pandémico O3:K6 en la temporada estival 1997–1998, con 300 casos clínicos. Durante los últimos años, nuevos brotes han ocurrido en la zona sur de Chile (Puerto Montt) alcanzando a más de 13.000 casos clínicos; sin embargo no se han registrado nuevos brotes masivos en Antofagasta.

El objetivo de este trabajo fue detectar e identificar potenciales cepas patógenas de *Vp*, aisladas desde distintos componentes ambientales en la Bahia de Antofagasta y evaluar la existencia de variaciones temporales en la cultivabilidad (CFU), la abundancia y la presencia de genes de virulencia, en muestras obtenidas durante el periodo febrero-abril de 2008.

Los resultados mostraron que *Vp* estuvo presente en todas las muestras colectadas asociado a: sedimento, columna de agua, macroalgas y moluscos bivalvos (*A. purpuratus)*, siendo macroalgas y moluscos, los que presentaron las mayores abundancias de *Vp* cultivables.

Adicionalmente se obtuvo un total de 20 aislados bacterianos los que fueron caracterizados en base a: 1) las secuencias del gen 16S rRNA y 2) a la presencia de los factores de virulencia *tox*R, *tlh*, *trh*, *tdh*2, ORF8. Los resultados mostraron que los aislados pertenecen a distintos géneros cuyas abundancias se distribuyen en 30% de *V parahaemolyticus*, 20% de otras especies de *Vibrio*, y 50% de otros géneros. El análisis de los factores de virulencia mostró los siguientes genotipos: (tlh^+, tdh^+, $ORF8^+$); (tlh^+, trh^+, tdh^+); (trh^+, tdh^+); (tlh^+, tdh^+).

Financiamiento. FONDEF MR07/1006

P-146

***Acanthamoeba castellanii* como posible vehiculo de transmisión *Campylobacter jejuni* a pollos Broiler.** (*Acanthamoeba castellanii* as possible transmission vehicle of *Campylobacter jejuni* to broilers.)

Flores S[1], Fernández H[1], Villanueva M., González M.
[1]Instituto de Microbiologia Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. Sandra_uach_2008@hotmail.com

La crianza de pollos posee características que pueden influir en el aumento de aves portadoras de agentes zoonóticos, entre ellas *Campylobacter jejuni*. Esta bacteria, como endosimbionte, resiste la digestión de *A. castellanii*, utilizando esta ameba de vida libre, de amplia distribución en la naturaleza como resguardo frente a ambientes adversos. De esta manera, *A. castellanii* podria transportar a *C. jejuni* desde el medio ambiente a aves y posiblemente al hombre.

Objetivo: determinar la capacidad de *C. jejuni* como endosimbionte de *A. castellanii*, para colonizar el tracto intestinal de pollos broiler.

Fueron utilizados tres grupos experimentales, de dos aves cada uno, más un control positivo y otro negativo. Todas las aves, siete dias de edad, no eran portadoras de Campylobacter (coprocultivo control previo) y fueron inoculadas con 500µl de cocultivo ameba/bacteria conteniendo $1{,}5x10^5$ amebas/ ml. Al tercer día y hasta el séptimo dia post inoculación, se realizó coprocultivo para *C. jejuni* por filtración por membrana (0,45µm) sobre agar sangre y recuento en medio selectivo (Bolton). Al tercer dia post inoculación, todos los pollos presentaban colonización intestinal, recuperándose aproximadamente $2{,}1x10^4$ u.f.c./g de materia fecal.

Los resultados indican que *C. jejuni* puede colonizar los pollos al ser inoculado como endosimbionte de *A. castellanii*. Esta relación endosimbiótica puede representar una nueva via de transmisión para aves, otros animales y eventualmente el hombre.

Financiamiento: PROYECTOS S-2007-37 y SE-1-2009 DID-UACH

P-147

Detección de *Campylobacter jejuni* en carcasas de pollos de expendio directo en la Región Metropolitana . (Detection of *Campylobacter jejuni* in covers chicken of direct dispensing in the Metropolitan Region)

Banduc, R.[1-2], Farías, L.[1], Figallo., A.[1], Carrillo, V.[1], Fuentes, D.[1] y Vidal, M.[1].
[1]SEREMI de Salud R.M.
[2]Universidad Santo Tomas.
Maricel.vidal@asrm.cl

Campylobacter jejuni es considerado uno de los principales patógenos transmitidos por alimentos en USA y un importante agente de diarrea en el mundo. Su infección además, puede generar una pre-condición para el desarrollo del Síndrome de Guillain-Barré. Su reservorio natural son animales domésticos y de vida silvestre, siendo las aves de consumo (principalmente pollo), la fuente más importante de infección hacia el ser humano. En Chile, hace algunos años, ocupaba el tercer lugar entre las diarreas agudas de causa bacteriana en niños menores de 2 años. Actualmente, *Campylobacter jejuni* no está incluido en el Reglamento Sanitario de los Alimentos (RSA) y por lo tanto, no se realiza vigilancia microbiológica de este patógeno, a pesar de que se ha demostrado su presencia en carne de pollo y sus derivados.
Debido a su importancia y considerando su potencial de virulencia, el objetivo de este trabajo fue implementar una metodología de detección de *C. jejuni* en carcasas de pollo que son distribuidas directamente a la población. La detección presuntiva en 58 carcasas se realizó mediante tres metodologías: VIDAS CAM®, SINGLEPATH® y la metodología descrita en el Bacteriological Analytical Manual de la FDA. La confirmación de las cepas se realizó mediante tinción, pruebas bioquímicas, API CAMPY® y PCR. Se consideró como resultado positivo cuando al menos dos de las metodologías nos permitió aislar y confirmar la presencia de *C. jejuni*.
De las 58 muestras analizadas, en 31 se detectó la presencia de especies termófilas de *Campylobacter* sp. dentro de las cuales 15 correspondieron a *Campylobacter jejuni* (48%). La detección de *C. jejuni* resultó similar al usar cualquiera de las tres metodologías mencionadas.
Financiamiento: SEREMI de SALUD RM

P-148

Detección de *Vibrios spp.* asociados a Intoxicaciones alimentarias mediante Macro arreglo Molecular. (Detection de food illness *vibrios spp* asociated, based on Macroarray technique)

Nicolas Ferreira[1], Diego Belmar[1], Viviana Cachicas
[1]Instituto de Salud Pública de Chile.
n.ferreira@compassib.com

Las bacterias del género vibrio son bacilos gram negativos halofílicos que habitan mundialmente los ambientes marinos. Mundialmente se han descrito intoxicaciones alimentarias por más de una decena de especies del género *Vibrio*.
Con el objetivo de identificar en forma simultanea las especies de *Vibrios* asociadas a brotes mundiales se diseñó una macro-arreglo molecular usando como blanco los genes *Housekeeping RpoB* y *Ftsz* previa amplificación mediante PCR. Las especies consideradas fueron: *Vibrio cholerae, V parahaemolycus, Vibrio vulnificus, V alginololyticus, V. hollisae, V. damselae V. harveyi, V. fluvialis, V. furnissii, V. metschnikovii y V. mimicus* .
La especificidad del macroarreglo se evaluó utilizando DNA genómico purificado desde $3.9x10^8$ UFC de *V. parahaemolyticus* ATTC 17802, $3.9x10^8$ CFU de *V. cholerae* y $2.3x10^8$ CFU de *V. alginolyticus*. Para analizar la sensibilidad de detección se utilizó *pooles* de 10^2, 10^3 y 10^8 CFU. Se obtuvo una especificidad del 100% y una sensibilidad de 10^2 CFU para *V. parahaemolyticus/V. alginolyticus y* 10^3 *CFU para V. cholerae* En relación a muestras de alimento se analizaron las correspondientes a un muestreo estival 2008-2009 de mariscos bivalvos de la X región (n= 21). Los resultados mostraron la presencia principalmente de *V. alginolyticus* (52,38%), *V. parahaemolyticus* (9,52%), *V. cholerae* (4,76%) y *V. mimicus* (4,76%) permitiendo realizar una vigilancia anual de las principales especies de *Vibrio* durante el periodo de riesgo asociado a *V. parahaemolyticus*. Financiamiento: Instituto de Salud Pública de Chile Apoyo: Universidad Andrés Bello y Fundación FUCITED (Ciencia y Tecnología para el Desarrollo).

P-149

Estudio funcional de la vía de degradación del 2-aminofenol de *Burkholderia xenovorans* LB400. (Functional analysis of the 2-aminophenol degradation pathway in *Burkholderia xenovorans* LB400)

Chirino, B., Agulló, L., González, M., Seeger, M. Laboratorio de Microbiologia Molecular y Biotecnologia Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso. bernarditachirino@gmail.com

Los compuestos nitroaromáticos forman parte de los contaminantes orgánicos persistentes (COPs) y son utilizados como intermediarios sintéticos en la industria farmacéutica, producción de tinturas, pesticidas y explosivos. Aplicados extensamente en procesos industriales y liberados al medio ambiente, han generado un serio problema de contaminación ambiental. *Burkholderia xenovorans* LB400 es una de las diez bacterias más importantes descritas para la degradación de COPs. Su genoma contiene genes catabólicos asociados a la degradación de compuestos nitroaromáticos. Uno de especial interés en términos de contaminación ambiental es el 2-aminofenol, cuya vía de degradación codificada por los genes *amn* está presente en la cepa LB400. El objetivo de este estudio es analizar la funcionalidad de la vía metabólica del 2-aminofenol de la cepa LB400. Mediante un análisis *in silico* en la cepa LB400, se estudió el vecindario de los genes *amn* y se comparó su organización con la de otros microorganismos. La cepa LB400 no utilizó 2-aminofenol como única fuente de carbono para su crecimiento. Sin embargo, estudios con células en reposo muestran que tiene la capacidad de degradar 2-aminofenol. Mediante RT-PCR se observó la expresión del gen *amnB*, que codifica la enzima 2-aminofenol 1,6-dioxigenasa cuando la cepa LB400 fue cultivada en glucosa o expuesta a 2-aminofenol. Este trabajo establece que la vía catabólica del 2-aminofenol es funcional en la cepa LB400 permitiendo profundizar el estudio de sus capacidades catabólicas de compuestos nitroaromáticos y futuras aplicaciones en biotecnología ambiental.

Financiamiento: proyectos FONDECYT 1070507, 7080148 y 7090079. USM 130836 y 130948.

P-150

Influencia de la adsorción de *Pseudomonas stutzeri* y *Rhodococcus rhodochrous* bacterias sobre la actividad biodesulfuradora de gasoil. (Influence of *P.stutzeri* and *R. rhodochrous* over the BDS activity of gasoil)

Ibacache-Quiroga C, Dinamarca M.A. & Ojeda J. Laboratorio de Biotecnología Microbiana, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso. ibacache.claudia@gmail.com

Un importante problema de salud ambiental es la contaminación atmosférica por SO_2 producida principalmente por la combustión de derivados del petróleo. Su disminución se logra mediante un proceso denominado hidrodesulfuración, sin embargo, el aumento en las regulaciones ambientales hace necesario el desarrollo de tecnologías complementarias. En este contexto surge la biodesulfuración(BDS), proceso que utiliza microorganismos como catalizadores de reacción, cuya principal limitante es la baja biodisponibilidad de los sustratos orgánicos. En este contexto, la adsorción de los microorganismos desulfuradores surge como una innovación de interés científico-tecnológico. Este trabajo evaluó la influencia de la adsorción de *Pseudomonas stutzeri y Rhodococcus rhodochrous* sobre titania y sepiolita sobre el proceso de BDS. La adsorción de los microorganismos se realizó mediante impregnación y para evaluar la actividad metabólica de las células adsorbidas se utilizó el ensayo del TTC. La actividad biodesulfuradora se evaluó utilizando gasoil como única fuente de azufre. Las mediciones de migración electroforética y TTC demostraron que las células bacterianas fueron exitosamente adsorbidas en sepiolita, manteniendo su actividad metabólica durante 24 horas. La mayor interacción la presentaron los sistemas *P.stutzeri/Sepiolita* y *R.rhodochrous/Sepiolita* cuyos valores de actividad de biodesulfuración fueron de 2,57gS N°cell^{-1}h^{-1}x10^{13} y 2,37gS N°cell^{-1}h^{-1}x10^{13}, respectivamente. Se aprecia también una correlación entre la actividad de BDS y la capacidad de adsorción de soportes. La biomodificación de soportes inorgánicos mediante adsorción aumenta la biodisponibilidad de los sustratos sulfurados para las células bacterianas, incrementando su actividad biodesulfuradora. Un adecuado equilibrio entre los procesos de adsorción/desorción de las células aumenta la eficiencia del proceso biocatalítico.

Financiamiento: Fondecyt 11060018

P-151

Estudio de funcionalidad de la ruta metabólica de polihidroxialcanoatos en *Burkholderia xenovorans* LB400. (Study of functionality of the polyhydroxyalkanoate metabolic pathway in *Burkholderia xenovorans* LB400).

Córdova M. y Seeger M.
Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Quimica, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaiso, Chile.
macarenacordova@yahoo.com

Los polihidroxialcanoatos (PHAs) son biopolímeros utilizados como plástico biodegradable. Una amplia gama de microorganismos son capaces de sintetizar PHAs. Se acumulan como inclusiones citoplasmáticas cuando condiciones de cultivo no son óptimas para el crecimiento. Se ha observado su formación cuando la fuente de carbono está en exceso y nutrientes inorgánicos son limitantes y bajo diferentes condiciones de estrés. *B. xenovorans* LB400 es una bacteria ampliamente estudiada por su capacidad para degradar compuestos aromáticos persistentes; sin embargo, no ha sido asociada a la síntesis de PHAs. En este trabajo se determinaron las condiciones de cultivo en las que la via metabólica de síntesis de PHAs es funcional en la cepa LB400. Se utilizaron fuentes de carbono que estimulan la síntesis, tal como glucosa y alcanoatos. La cepa LB400 se creció en bifenilo y también se creció en glucosa y posteriormente se expuso a 2,3-dihidroxibifenilo, con la finalidad de proporcionar condiciones de cultivo en las que se ha descrito una respuesta de estrés. Mediante RT-PCR se estudiaron los cambios de expresión de los genes *pha*A y *pha*C, implicados en la síntesis de PHAs. Se detectó el aumento en la expresión del gen *pha*C, en todos los casos donde se observaron PHAs. Solo en algunas condiciones el gen *pha*A varió su expresión. La detección de PHAs se realizó mediante microscopia de fluorescencia, utilizando Rojo de Nilo Se observó la presencia de PHAs en los cultivos crecidos en glucosa y alcanoatos. La mayor cantidad de polímeros fue observada en cultivos expuestos a 2,3-dihidroxibifenilo.

Financiamiento: Beca doctorado CONICYT, Proyecto FONDECYT 1070507, DGIP 13.09.48, CIT NT&SB, Núcleo Milenio EMBA-P04/007-F

P-152

Efecto de la sobreexpresión del gen *fabA* en la resistencia a estrés oxidativo en *Escherichia coli*
(Effect of *fabA* overexpresion on *E. coli* resistance to oxidative stress.)

Pradenas G.[1], Paillavil B.[1], Pérez J.[1] Vásquez,C.[1]
[1] Laboratorio de Microbiología Molecular. Universidad de Santiago de Chile.
Gonzalo.pradenasm@usach.cl

A diferencia de los procariontes la oxidación de membranas biológicas es un proceso bastante conocido en eucariontes. Estudios previos de nuestro laboratorio han asociado el posible cambio en la composición de la membrana bacteriana, en particular ácidos grasos monoinsaturados, con una variación en la generación de marcadores de peroxidación de lípidos de membrana.

Con el objeto de demostrar que el daño oxidativo a nivel de membrana está relacionado con ácidos grasos monoinsaturados, se evaluó el efecto de la sobreexpresión del gen *fabA* de *Escherichia coli* en la resistencia de esta bacteria a distintos elicitores de daño oxidativo. Este gen codifica para la enzima β-hidroxiacil-ACP dehidrasa cuya sobreexpresión afecta la proporción de ácidos grasos monoinsaturados en la membrana.

Cepas de *E. coli* que sobreexpresan *fabA* expuestas a distintos tóxicos presentan una respuesta diferencial a elicitores de daño oxidativo observándose una disminución en distintos marcadores de estrés y un aumento en la resistencia con respecto a las cepas que no sobreexpresan este gen. Estas evidencias permiten sugerir que la disminución de ácidos grasos monoinsaturados en la membrana de *E. coli*, mediada por *fabA*, disminuye los posibles sustratos de oxidación, aumentando asi su resistencia.

Finaciamiento: Fondecyt 1090097 y DICYT-USACH

P-153

Análisis del metabolismo de urea y cianato en la cianobacteria productora de Veneno Paralizante de Moluscos, *Raphidiopsis brookii* D9. (Analysis of urea and cianate metabolism in the paralytic shellfish poisoning toxin producing cyanobacterium *Raphidiopsis brookii* D9.)

Serrano, A., Trefault, N., Vásquez, M.
Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
arserran@puc.cl

Las cianobacterias son procariontes fotoautotróficos capaces de utilizar varias fuentes de nitrógeno. *Raphidiopsis brookii* D9, es una cianobacteria de agua dulce, capaz de utilizar amonio, nitrato y urea como fuentes de nitrógeno, sin embargo, la urea en altas concentraciones puede resultar tóxica, debido posiblemente a la producción de amoniaco o a la generación espontánea de cianato, el cual resulta tóxico si no se metaboliza. El objetivo de este trabajo es entender el papel de la urea y el cianato en el metabolismo del nitrógeno en *R. brookii* D9.
El crecimiento de *R. brookii* D9 con urea o cianato como única fuente de nitrógeno, mostró que no es capaz de sobrevivir con cianato en el medio de cultivo y que sólo tolera bajas concentraciones de urea (hasta 1mM). A su vez, Análisis *in silico* del genoma de *R. brookii* D9, mostraron que el gen *urtA*, que codifica para una de las subunidades del transportador de urea, está interrumpido por una transposasa. Mediante PCR en tiempo real se cuantificó la expresión de los genes *ureC* y *cynS*, que codifican para la subunidad alfa de la ureasa y la cianasa, respectivamente. Los resultados muestran que el gen *ureC* es inducible por la presencia de urea en el medio y que el gen *cynS* no presenta cambios significativos en su expresión en presencia de urea, nitrato y cianato. En conjunto, estos resultados sugieren que la toxicidad observada a altas concentraciones de urea en *R.brookii* D9, puede ser debido a la incapacidad de metabolizar el cianato.
Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1080075

P-154

Estudio de la producción de compuesto fenólicos en aislados de levaduras no-*Saccharomyces*. (Study of production of phenolic compounds by non-*Saccharomyces* yeast isolated)

Duque, B.[2], **Gerter, D.**[2], Sangorrín, M.P.[1], Lopes, C.A.[1], Martínez, C.[2,3] y Ganga M.A.[2]
[1]Universidad Nacional del Comahue y CONICET. Argentina. [2]Departamento en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. [3]Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Santiago de Chile.

Las levaduras son imprescindibles en la transformación del mosto en vino. Sin embargo, *Brettanomyces bruxellensis*, *Pichia guilliermondii* y *Pichia membranaefaciens*, pueden afectar negativamente su calidad organoléptica. Se ha descrito que *B. bruxellensis* transforma los ácidos hidroxicinámicos por una cumarato descarboxilasa (CD) y una vinil fenol reductasa (VR) en vinil y etil derivados, respectivamente, produciendo aromas desagradables.
Nuestro grupo de trabajo cuantificó la producción de etil y vinil derivados de 50 aislados nativos de las tres especies mencionadas, determinando además sus actividades CD y VR. Los resultados mostraron que un 40% de las cepas de *B. bruxellensis* y un 50 % de *P. guillermondii* poseen ambas actividades enzimáticas, contrariamente a lo observado en *P. membranaefaciens* donde sólo hubo actividad VR en un 30% de las cepas. Por su parte, un 68% de las cepas de *B. bruxellensis* producen 4-etilfenol (aproximadamente 37ppm). En el caso de *P. membranaefaciens* y *P. guillermondii* un 50% de las cepas producen 4-etilfenol en bajos niveles (0,7-13ppm).
Financiamiento: Fondecyt 1080376–Apoyo VRID-Usach.

P-155

Biosintesis de polihidroxialcanoatos por *Sphingopyxis chilensis S37* y *Cupriavidus sp. PZK*, utilizando melaza como fuente de carbono.

(Biosyntesis of polyhydroxyalkanoates by *Sphingopyxis chilensis S37* and *Cupriavidus sp. PZK*, using sugar beet molasses as carbon source)

Fernandez-Bunster G[1], Pooley A[2], Martinez M[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. [2]Departamento de Polímeros, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad de Concepción. Casilla 160-C. Concepción. guillefernandez@udec.cl

Los plásticos derivados del petróleo, como polipropileno y polietileno, son ampliamente utilizados en la vida cotidiana, sin embargo, son contaminantes, pues pueden mantenerse relativamente invariables en el tiempo. Por ello, una alternativa es la utilización de polímeros biodegradables como los polihidroxialcanoatos (PHA), los cuales tienen la propiedad de ser biodegradables y con caracteristicas fisico-químicas similares a los derivados del petróleo. La biosíntesis bacteriana de PHA requiere carbono orgánico, y un déficit de fósforo, nitrógeno o magnesio. Estas condiciones pueden ser encontradas en residuos industriales y productos secundarios, como la melaza, subproducto de la industria azucarera. En este trabajo, se investigó la producción de PHA por *Sphingopyxis chilensis S37* y *Cupriavidus sp PZK*, utilizando melaza, mayoritariamente compuesta por sacarosa, como fuente de carbono, se establecieron las condiciones de cultivo y se caracterizó el polimero. Para esto, se cultivaron las bacterias en diferentes proporciones de melaza y un suplemento de sales minerales, determinándose, en cada condición, el crecimiento bacteriano mediante recuento viable y densidad óptica 600 nm, además, se midió la intensidad de fluorescencia con una excitación de 290 y emisión de 583 nm. Proporciones de 0,625% (v/v) y 0,15% (v/v) de melaza permitieron la mayor biosíntesis de PHA, con respecto al incremento de biomasa, después de incubar por 8 días. Se determino que ambas cepas bacterianas acumularon PHA de cadena corta (≤ a 5 átomos de carbono). Se concluye que la melaza es una fuente de carbono que permite crecimiento bacteriano y, al mismo tiempo, biosíntesis de PHA.

Financiamiento. Fondecyt 1070497

P-156

Biosíntesis de PHA por consorcios microbianos mixtos que tratan efluentes de celulosa kraft.

Guillermo Pozo[1], Miguel Martinez[2], Gladys Vidal[1]
[1]Centro de Ciencias Ambientales EULA-Chile. Universidad de Concepción.
[2]Departamento de Microbiología Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción.
gpozo@udec.cl

El propósito del tratamiento secundario de efluentes de celulosa kraft es eliminar materia orgánica mediante procesos biológicos. Sin embargo, el metabolismo bacteriano puede sintetizar polihidroxialcanoato (PHA) como subproducto de la degradación de dicha materia orgánica. Este tipo de efluentes contienen insuficiente nitrógeno y fósforo para satisfacer el crecimiento bacteriano, por tanto, es indispensable la adición de nutrientes durante el tratamiento biológico, asegurando el óptimo rendimiento de eliminación de materia orgánica. Por otra parte, la limitación de nutrientes provoca problemas operacionales como bulking, que es el crecimiento de bacterias filamentosas disminuyendo la biodegradación. Sin embargo, condiciones aeróbicas combinadas con limitación de nutrientes y exceso de carbono aumentan la biosintesis de PHA compuesto altamente valioso para la producción de plásticos biodegradables.

El objetivo de este estudio es evaluar la dosificación de nutrientes en cuanto a: a) cinética de degradación de materia orgánica del efluente, b) crecimiento bacteriano y c) acumulación de PHA. Para esto se utilizan consorcios bacterianos proveniente de lodos de plantas de tratamiento de efluentes de papelera (PAS), de aguas servidas (MAS) y de celulosa (CAS). Como resultados del trabajo, se pueden indicar que la máxima acumulación de PHA se obtuvo al tercer día, con inóculo de PAS y al quinto dia de operación batch, utilizando inóculo de MAS y CAS, evidenciándose mayor acumulación de PHA con la menor dosificación de nutrientes DBO_5:N:P=100:1:0,2. El lodo microbiano de CAS presentó mayor velocidad de degradación y una actividad heterotrófica de 0,125 $gO_2/gSSV \cdot d$ para degradar la materia orgánica, lo que demostró mayor aclimatación al efluente kraft.

Financiamiento. Fondecyt 1070509

P-157

Función de la arginina descarboxilasa en la adaptación al pH ácido en *Helicobacter pylori*. (Function of the arginine descarboxilase in the acid pH adaptation in *Helicobacter pylori*).

Soto, S y Toledo, H.
Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
sarylhiz@gmail.com

En bacterias la expresión génica puede ser modificada en respuesta a las condiciones ambientales. *Helicobacter pylori* es una bacteria Gram-negativa, móvil, flagelada, de morfología bacilar espiral y neutrófila, que coloniza el estómago humano. Responsable de cuadros inflamatorios asintomáticos que pueden evolucionar a una gastritis crónica, una úlcera péptica o carcinoma gástrico. La colonización del estómago por *H. pylori* depende fundamentalmente de la enzima ureasa. Sin embargo, resultados de nuestro laboratorio muestran que *H. pylori* es capaz de desarrollar respuestas de adaptación a los cambios de pH independientes de la ureasa. En este estudio se postula la existencia de un sistema de respuesta de tolerancia al estrés ácido, alternativo a la urea, inducible y regulado por el factor transcripcional Fur. Este sistema sería dependiente de la enzima arginina descarboxilasa (SpeA) que protegeria a la bacteria en presencia de arginina en condiciones de acidez.
Para caracterizar esta respuesta se utilizaron las cepas de *H. pylori* 26695 y su mutante isogénica *fur*$^-$, 26695-*fur::cat*, y las cepas 43504 y su mutante isogénica *fur*$^-$, 504*fur::cat*. El efecto del pH ácido se midió comparando la expresión del gen *speA* en el tiempo a pH 7 y pH 5,5, mediante la técnica de PCR-reverso, tanto en cultivos desarrollados en medio sólido como en medio líquido. Los resultados muestran que el gen *speA* es inducido a pH ácido, que esta inducción depende del factor transcripcional Fur y que no es específica de una cepa.
Financiado por proyecto FONDECYT # 1085193.

P-158

Efecto de antioxidantes en la degradación de PCBs por *Burkholderia xenovorans* LB400. (Effect of antioxidants on PCB degradation by *Burkholderia xenovorans* LB400).

Ponce, B[1]., Latorre-Reyes, V[1,2]., Agulló, L[1]., Gonzalez, M[1]., Seeger, M[1].
[1]Laboratorio de Microbiologia Molecular y Biotecnología Ambiental. Departamento de Quimica. Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso.
[2]Universidad de Magallanes, Punta Arenas.
berniponce@hotmail.com

Los policlorobifenilos (PCBs) son contaminantes orgánicos persistentes. *Burkholderia xenovorans* LB400 es capaz de degradar un amplio rango de PCBs. Sin embargo, durante la degradación es afectada por la generación de especies reactivas de oxígeno, lo que afectaría su sobrevivencia. El objetivo de este trabajo es aumentar la eficiencia en la degradación de (cloro)bifenilos por *B. xenovorans* LB400 mediante la utilización de compuestos antioxidantes, incrementando la tolerancia al estrés oxidativo generado durante el proceso.
Se realizaron ensayos de crecimiento y exposición de *B. xenovorans* LB400 a (cloro)bifenilos en presencia de compuestos antioxidantes. α-Tocoferol estimuló el crecimiento de la cepa LB400 en bifenilo. El extracto de berries no afectó el crecimiento de la cepa LB400 y el ácido ascórbico disminuyó su crecimiento. La exposición a bifenilo en presencia de compuestos antioxidantes aumentó el crecimiento de la cepa LB400 en glucosa. La exposición a 4-CB disminuyó el crecimiento de *B. xenovorans* LB400 en glucosa, pero este efecto fue aminorado en presencia de α-tocoferol. Asimismo, este compuesto favoreció la degradación de 4-CB. Se analizó el efecto de compuestos antioxidantes sobre la morfología celular mediante microscopia electrónica de transmisión. A diferencia de lo observado con bifenilo, en presencia de α-tocoferol se observó una mayor conservación de las membranas celulares, lo que indicaría cierta protección ante el estrés generado por bifenilo.

Mediante la adición de compuestos antioxidantes se podria mejorar la tolerancia al estrés oxidativo de *Burkholderia xenovorans* LB400 permitiendo desarrollar y optimizar nuevas estrategias de biorremediación como bioaumentación y bioestimulación, para la descontaminación de suelos.
Financiamiento: proyectos Fondecyt N° 1070507 y N° 7090079, Núcleo Milenio EMBA P04/007-F, USM 130522 y 130948, USM CIDEP 70714.

P-159

Metabolitos de Líquenes con actividad sobre el Sistema Quorum Sensing Bacteriano (Lichens Metabolites with activity on Bacterial Quorum Sensing System).

Jopia P[1], Hormazábal Y[2], Torres C[2], Casanova A[2], Urrutia H[1].
[1]Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.
[2]Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.
pjopia@gmail.com

La aparición de cepas bacterianas resistentes a agentes antimicrobianos ha llevado a la búsqueda de nuevas estrategias para el control de enfermedades, como la inhibición del sistema de comunicación bacteriano dependiente de la densidad celular Quorum Sensing (QS), el que mediante autoinductores (como acil homoserina lactona AHL y/o autoinductor 2 AI-2) regula la transcripción de genes, entre ellos los involucrados en la formación de biopelículas, clave para el desarrollo de enfermedades. Los liquenes presentan metabolitos activos con actividad biológica contra bacterias Gram positivas y Gram negativas, postulándose en este estudio que compuestos desde liquenes poseen actividad sobre el sistema QS. Se recolectaron 10 liquenes desde la VIII región, los que fueron dispuestos de manera dorsal y ventral sobre placas con agar LB soft que contenian diferentes cepas reporteras de QS (*Agrobacterium tumefaciens* y *Cromobacterium violaceum* CV026) y de inhibición de QS (*Cromobacterium violaceum* 12472). Como resultado se obtuvo que *Cladonia (cp) crypto chlorophaea*, *Leptogium azureum*, *Pseudocyphellaria redonii*, *Pseudocyphellaria* (off) pluvialis y *Leptogium menziesii* presentaron actividad frente a cepas reporteras de QS, *Ramalina striatula* y *Punctelia rudecta* presentaron actividad frente a la cepa reportera de inhibición de QS y *Parmotrema chinense* presentó actividad frente a ambas cepas reporteras. Como conclusión se presume que los líquenes chilenos ensayados presentan metabolitos con similaridad estructural a AHL, los que pueden interferir en la activación del sistema QS bacteriano reportado por las cepas, y además, algunas de estas especies presentan metabolitos con actividad inhibitoria del sistema QS, confirmándose la hipótesis del trabajo.

P-160

Clonaje y Expresión de Enzimas de la Vía Fenilpropanoide en la Cepa Bacteriana *Escherichia coli*: Cloning and Expression of Enzymes of Phenylpropanoide Pathway in *Escherichia coli*

Ivonne Quintanilla[1], **Paola González**[1] **& Leda Guzmán**[1]
1Laboratorio de Quimica Biológica. Pontificia Universidad Católica de Valparaiso. Chile
Leda.guzman@ucv.cl

Los derivados hidroxilados del (E)-1,2-difenileteno – conocido como estilbeno – son metabolitos secundarios de origen natural, clasificados como fitoalexinas. Los derivados del estilbeno han recibido considerable atención durante los últimos años, debido a sus propiedades medicinales y una serie de potenciales aplicaciones comerciales, entre las cuales destacan: i) agentes anti-tumoral; ii) agentes hipolipidiantes útil en la prevención de infartos cardiacos; iii) agentes para el control del herpes virus; y iv) componentes activos en preparaciones cosméticas para prevenir el envejecimiento de la piel. Entre dichos derivados destaca el [(E)-1-(3,5-dihidroxifenil)-2-(4-hidroxifenil) eteno.

El objetivo de este estudio es expresar genes involucrados en la ruta fenilpropanoide en *E. coli*. Para ello se aislaron genes que codifican para la enzima estilebeno sintasa de *Vitis vinifera*, malonil-SCoA sintetasa de *Rhizobium japonicum* y la enzima 4-cumarato:SCoA ligase de *Streptomyces coelicolor*. Usando estrategias de clonación, cada gen fue insertado en el vector pGEM-T (Promega). Luego fueron subclonados en el vector pJN106 bajo el control del promotor de arabinosa.

En ensayos a nivel de laboratorio, las enzimas fueron expresadas utilizando medio M9 y conteniendo arabinosa (2gr/L) como inductor. Las proteínas producidas fueron analizadas utilizando electroforesis de proteína. La funcionalidad de las proteínas clonadas fue analizada midiendo la actividad espectrofotométricamente en medio mínimo conteniendo ácido cumárico y malonilSCoA como sustratos.

Proyecciones: Construcción de un operón biosintético que permita transformar sustratos simples y acido cinámico en [(*E*)-1-(3,5-dihidroxifenil)-2-(4-hidroxifenil) eteno. Financiado por: proyecto 037113-2008 DI (UCV) y FermeloBiotec. Agradecimientos: Dr Francisco Malpartida, CNB Madrid, ARS Culture Collection, por donación de organismos utilizados en este estudio.

P-161

Efecto del K_2TeO_3 en el metabolismo del α-cetoglutarato en *Escherichia coli*.

Effect of K_2TeO_3 in α-ketoglutarate metabolism in *Escherichia coli*.

Reinoso, C., Díaz, W. y Vásquez, C.
Laboratorio de Microbiología Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
Claudiareinoso2001@gmail.com

El K_2TeO_3 es tóxico para la mayoría de los seres vivos debido a su capacidad para generar estrés oxidativo. Esto se demostró en células de *Escherichia coli* tratadas con el tóxico, donde se observó un aumento de especies reactivas de oxígeno (ROS) intracelulares, particularmente superóxido.
Aunque se desconocen todos los blancos intracelulares del telurito, se ha establecido que este tóxico provoca la disminución de la actividad de algunas enzimas del ciclo de Krebs sensibles a ROS, específicamente aconitasa y fumarasa.
Por otro lado, células de *Pseudomonas fluorescens* y HepG2 expuestas a metales productores de especies reactivas de oxígeno experimentan una disminución en la actividad α-cetoglutarato deshidrogenasa, ocasionado la acumulación de α-cetoglutarato, la interrupción del ciclo de Krebs y la disminución en la generación de NADH y ATP. Esto sugiere que el α-cetoglutarato podría estar involucrado en la respuesta celular a K_2TeO_3.
Con el fin de establecer la participación del α-cetoglutarato en la respuesta al estrés oxidativo generado por K_2TeO_3 se realizaron experimentos en células de *E. coli* tratadas con el tóxico. Los resultados obtenidos muestran que existe una disminución de la actividad α-cetoglutarato deshidrogenasa y un aumento en las actividades involucradas en la síntesis de α-cetoglutarato. Además, se demostró que existe acumulación de α-cetoglutarato en células de *E. coli* expuestas a telurito. Estos resultados sugieren que la regulación del metabolismo del α-cetoglutarato estaría relacionado con la respuesta de *E. coli* a K_2TeO_3

P-162

Efecto de una fuente de carbono no fermentable en la expresión de genes carotenogénicos en mutantes sobreproductoras de la levadura *Xanthophyllomyces dendrorhous*. (Effect of a non-fermentable carbon source on carotenogenic gene expression in overproducer mutants of the yeast *Xanthophyllomyces dendrorhous*).

Lozano C[1]., Wozniak A[1]., Barahona S[1]., Sepúlveda D[1]., Baeza M[1]. y Cifuentes V[1].
[1]Centro de Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
carlalozan@gmail.com

Astaxantina es un pigmento carotenoide sintetizado por la levadura *Xanthophyllomyces dendrorhous*, la cual ha suscitado especial interés en la industria acuícola, debido a que se utiliza como insumo en la coloración de salmones y truchas cultivados en cautiverio. Ello ha incrementado los esfuerzos por aumentar el rendimiento del pigmento producido por esta levadura. En nuestro laboratorio se han obtenido cepas mutantes desreguladas en carotenogénesis, atxS1 y atxS2, las cuales presentan mayor producción de pigmentos tanto en glucosa (5,7 y 4,3 veces, respectivamente) como en succinato (1,5 y 1,7 veces, respectivamente) comparado con la cepa silvestre. En glucosa, las cepas mutantes comienzan a pigmentar desde el inicio del crecimiento, similar a la cepa silvestre en succinato, sugiriendo que en las mutantes no habría un efecto negativo por glucosa. En presencia de succinato, la biosíntesis de carotenoides, tanto en la cepa silvestre como en las mutantes, comienza durante fase exponencial. Debido a esto, las cepas mutantes muestran patrones de expresión de los genes carotenogénicos (incluidos los mensajeros alternativos de los genes *crtI* y *crtYB*) diferentes con respecto a la cepa silvestre en ambas fuentes de carbono. Financiamiento: Proyecto INNOVA-CORFO 07CN13PZT-17. Fundación María Ghilardi por Beca a C. Lozano.

P-163

Comparación de diferentes técnicas para la cuantificación de las comunidades microbianas en muestras de Biolixiviación. (Comparision between different quantification techniques for the determination of microbial populations in biolaeching samples)

Gallardo, K.[1], Tapia, P.[1], Urtuvia, V.[1], Contador, Y.[1]. and Demergasso, C.[1]
[1]Centro de Biotecnología Profesor Alberto Ruiz. Universidad Católica del Norte. Antofagasta – Chile
cdemerga@ucn.cl, vurtuvia@ucn.cl ,

La evaluación de la diferentes técnicas aplicadas en el monitoreo de muestras provenientes de procesos industriales de biolixiviación considera entre otros el tiempo de respuesta de cada una, la exactitud y reproducibilidad, y el tipo de información que nos entrega. En este trabajo se comparan dos de las técnicas utilizadas, PCR en tiempo real (QPCR), y el Número Más Probable (NMP).

El NMP nos permite obtener una estimación eficiente de la población bacteriana activa. Se basa en la determinación de la presencia o ausencia en réplicas de dilución consecutivas de atributos particulares de microorganismos. En las muestras de biolixiviación, estos corresponden a la oxidación de Hierro y al Azufre. QPCR es una técnica cada vez más utilizada en la cuantificación de microorganismos, debido a su alta sensibilidad y reproducibilidad y al menor tiempo requerido para el análisis, respecto a otros métodos. Uno de los requerimientos del análisis mediante QPCR es la obtención de un DNA de buena calidad.

La comparación de ambas técnicas se realiza a través de un tratamiento estadístico que permite, por un lado determinar y disminuir las posibles desviaciones, y aumentar la calidad de los resultados entregados, y por otro lado comprender el tipo de información que cada técnica aporta al conocimiento de las dinámicas poblacionales.

P-164

Detección de actividad proteolítica en bacterias psicrotróficas aisladas en la Antártica. (Detection of proteolytic activity in psychrotrophic bacteria isolated from Antarctica)

Muñoz, G., Elgorriaga E., Dominguez, M., Bello, H., González, G.
Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.
gabmunoz@udec.cl

El continente Antártico es uno de los ambientes más fríos del planeta. Bajo esta condición, sus ecosistemas albergan una microbiota capaz de crecer y llevar a cabo diversos procesos metabólicos. Consecuentemente, los microorganismos que habitan esta área son una importante fuente de biomoléculas con actividad a bajas temperaturas. Por esta razón, existe un creciente interés en la exploración de comunidades bacterianas en lugares poco investigados como la Antártica, considerando, en particular, los aspectos benéficos para la industria, que tales investigaciones podrian generar en diferentes áreas de la biotecnología.

El objetivo de esta investigación fue detectar actividad proteolítica en bacterias psicrotróficas aisladas desde agua de mar y cuatro lagunas de la Antártica (Peninsula Fildes, Isla Rey Jorge). Para estudiar la producción de proteasas extracelulares, se empleó un método de doble capa de agar, consistente en una capa inferior de agar leche descremada (ALD), con el sustrato proteico, y una capa superior nutritiva de agar marino o agar R_2A, donde las bacterias fueron sembradas. La formación de un halo de proteólisis en la capa de ALD fue usado como criterio de actividad proteolítica.

De entre las 44 cepas que fueron incubadas por 7 días a 4°C, 26 mostraron halos transparentes alrededor de su colonia. El análisis de las secuencias del gen ADNr 16S, indicó que corresponden principalmente a los géneros *Flavobacterium* y *Pseudomonas*.

Estos resultados son relevantes, ya que sugieren que estas cepas psicrotróficas podrían ser utilizadas para el desarrollo de nuevas enzimas industriales cuya actividad proteolítica se expresa a bajas temperaturas.

Financiamiento: Proyecto INACH T-17-08

P-165

Efectos de Diferentes Donadores de Electrones sobre la Reducción Desasimilatoria de Arseniato en Sedimentos Provenientes del Salar de Ascotán, Chile.(Effects of Diffent Pair Redox on Dissimilatory Arsenate Reduction in Sediments from Ascotán Salt Flat, Chile.)

Nuñez, Claudia[1], Kulp T.R.[2], Escudero L.[1,3], Oremland R.S[2] and Demergasso C[1,3].
[1]Centro de Biotecnologia, Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile
[2] U.S. Geological Survey, ms 480, 345 Middlefield Road, Menlo Park, CA 94025, USA
[3]Centro de Investigación Científica y Tecnológica para la Minería (CICITEM), Antofagasta, Chile.
cnunez@ucn.cl

El efecto de diferentes donadores de electrones fue estudiado en la comunidad microbiana presente en muestras de sedimentos provenientes del Salar de Ascotán, un salar hipersalino, rico en arsénico (As) que se encuentra a 3,700 m de altura en el norte de Chile. Los microorganismos procariotes son metabólicamente muy diversos, debido a su capacidad de obtener energía de innumerables reacciones de oxidación y reducción, lo que les permite utilizar diferentes fuentes de energía orgánicas e inorgánicas de casi todos los tipos. Existen grupos de bacterias heterotróficas que pueden utilizar As(V) como aceptor terminal de electrones en la respiración anaeróbica. Los microorganismos presentes en los sedimentos del Salar de Ascotán fueron capaces de reducir el arsénico (V) agregado (1mM) a arsénico (III) al ser incubados bajo condiciones anóxicas, mostrando una actividad desasimilatoria de As(V)-reductasa, notablemente diferente al ser estimulada con lactato o con H_2. En los controles autoclavados suplementados con lactato y con H_2 no se observó reducción de As (V) demostrando así la naturaleza biológica de esta actividad. El cambio en la actividad y la densidad de la población de microorganismos As-reductores se relaciona estrechamente con la energía libre de Gibbs en términos de energía relativa de procesos redox, demostrando como se aplica la termodinámica a la vida planetaria. Las poblaciones de microorganismos encontradas abarcan a miembros de las subdivisiones Alpha-, Gamma-, Delta-, y Epsilon- *Proteobacteria, Bacteroidetes y Firmicutes.*

P-166

Elementos *Cis* y *Trans* modulan la traducción del mRNA del segmento S del Virus Andes (*Hantavirus*).

Vera-Otarola, J[1,2], *López-Lastra M*[1].
[(1)]Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Investigaciones Médicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. [(2)] Programa de Doctorado en Microbiología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
javochile@gmail.com

El virus Andes (ANDV) miembro de la familia Bunyaviridae, poseen un genoma tripartito (S, M y L). El mRNA del segmento S (mRNA S) del virus Andes posee estructura 5'cap y no posee cola 3'poly(A). Este mRNA posee dos ORF que no están en fase, uno codifica para la proteina N y rio abajo se encuentra un segundo ORF que codifica para una proteina putativa denominada NSs. Ambos ORFs poseen dos codones de inicio diferentes (AUGN y AUGNSs). Con el objetivo de estudiar el inicio de la síntesis de proteínas a partir de estos codones de inicio, se generaron mRNAs de un gen reportero comandado río arriba por el AUGN o AUGNSs. Mediante experimentos *in vitro* y *ex vivo* se determinó que ambos AUGs son reconocidos como codones de inicio de la síntesis de proteínas. Además se determinó que la región 3' no traducida (3UTR) del mRNA viral estimula la traducción de manera análoga a una cola poly(A); actuando sinérgicamente con la estructura 5'cap. Finalmente, demostramos que la proteina N de ANDV incrementa la traducción del mRNA viral de forma específica y concentración dependiente.
MLL pertenece al núcleo milenio NMII. JVO Becario Mecesup USACH.

P-167

Propiedades del Fago Temperado Telomérico VP58.5 encontrado en la cepa pandémica de *Vibrio parahaemolyticus* (Properties of Temperate Telomeric Phage VP58.5 found in *Vibrio parahaemolyticus* pandemic strains)

Beatriz Zabala[1], Jens A. Hammerl[2], Stefan Hertwig[2], Romilio T, Espejo[1].
[1]Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Chile. Santiago, Chile. [2]Bundesinstitut für Risikobewertung. Berlin, Germany.
betrico@gmail.com

La cepa pandémica de *Vibrio parahaemolyticus* aislada en Chile frecuentemente posee plasmidios. Recientemente describimos una cepa que contiene un plasmidio de 42 Kb que corresponde a un profago, denominado VP58.5. La presencia del profago aumenta la sensibilidad del hospedero a la luz UV y puede desempeñar un importante papel en la reducción de la sobrevida y la capacidad de propagación de *V. parahaemolyticus* pandémico en el océano. La caracterización del DNA del profago mostró que éste no se integra en el cromosoma bacteriano, pero se mantiene como un plasmidio lineal con los extremos covalentemente unidos (telómeros). El del DNA fago tiene en cambio extremos cohesivos. Los DNAs del fago y profago tienen la misma secuencia nucleotídica, pero son moléculas circularmente permutadas un 35%. El DNA del fago VP58.5 tiene 42,612 pares de nucleótidos y un contenido de G+C de 50.9%. La secuencia del genoma permite distinguir 56 ORFs con una identidad aminoacídica de 92% con el fago VHML de *Vibrio harveyi*. Sin embargo, VP58.5 y VHML tienen diferencias en el estado del profago, el sitio *telRL* y los extremos del DNA del fago. A diferencia de VHML no se integra en el cromosoma bacteriano y los extremos de su DNA son repetidos invertidos. La comparación del sitio de resolución del telómero *telRL* entre VHML y VP58.5 mostró que existen 24 bp que no están presentes en la secuencia de VHML. Estas diferencias en sus DNAs pueden explicar porque a pesar de ser tan fagos tan similares sus estados del profago son tan disímiles.

P-168

Caracterización de plasmidio de cadn como control positivo de detección cualitativa de genotipos gi y gii de *norovirus*. (Characterization of plasmid cDNA as a positive control for qualitative detection of genotypes of *Norovirus* GI y GII)

[1] **Heredia S. J.**, [2]Belmar D. [2]Ferreira N., [2]Cachicas V.
[1] Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, [2]Instituto de Salud Pública de Chile.

El *Norovirus* es uno de los principales agentes causales de gastroenteritis no bacteriana que afecta a las personas por el consumo de alimentos. Existen 5 especies de las cuales tres afectan a los humanos (GI, GII, GIV). GII es el más descrito en brotes de intoxicación mundial, y también ha sido descrito en Chile en muestras clínicas.
En este estudio se caracteriza secuencias cADN específicas de GI y GII en un vector (pCR2.1-TOPO) mediante distintas técnicas de PCR. Se utilizaron diferentes partidores descritos en la literatura que complementan la zona conservada que corresponden al marco de lectura ORF 1 y ORF 2 (codifica la ARN polimerasa y la cápside respectivamente).
Para el PCR convencional, el tamaño de los amplicones fue de 381 pares de bases (pb) para GI y 387 pb para G2. El límite de detección obtenido en las condiciones ensayadas fue 25 partículas virales/µL (pv/µL) correspondientes a $5x10^2$ partículas virales por reacción de amplificación. La resolución, en geles de agarosa al 2%, del PCR convencional fue mayor que el PCR anidado. Las Tm del qPCR con SYBRGreen (con un tamaño de amplicones igual al PCR convencional) fue para GI 87,58°C, Tm para GII es 88,25°C con un límite de detección de 250 pv/µL para GI y $2,5x10^3$ pv/µL para GII, correspondiente a $5x10^3$ pv y $5x10^4$ pv por reacción, respectivamente.
Los resultados sugieren que estos plasmidios de cADN utilizados como controles positivos permitirían detectar los genotipos I y II descritos a nivel nacional, previa purificación y retro transcripción del ARN viral desde la matriz alimentaria, con un límite de detección superior a la dosis de infección (10 a 100 partículas virales)
Financiamiento: Instituto de Salud Pública de Chile. Apoyo: Fundación Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (FUCITED) y Universidad de Concepción.

P-169

Estudio del efecto de la infección de IPNV sobre la traducción celular. (Study of the IPNV infection effect over cellular translation.)

Cartagena, J[1,3],Soto Rifo, R[1,2], Olhmann, T.[1,2] and Sandino, AM[1].
[1]Laboratorio de Virología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile, P.O Box 60, Santiago 33, Chile.
[2]Laboratoire de Virologie Humaine, INSERM U758, Ecole Normale Supérieure de Lyon, 46, Allée d'Italie 69364 Lyon cedex 07, Lyon, France. [3] Corresponding author: jcartage@usach.cl

El virus de la Necrosis Pancreática Infecciosa (IPNV) es un virus no envuelto con una cápside proteica icosaédrica de ~60 nm de diámetro. El IPNV pertenece a la familia *Birnaviridae*, género *Aquabirnavirus*, y posee dos segmentos genómicos de dsRNA que codifican cinco proteínas. Además presenta las siguientes características: *i)* posee una proteína unida al genoma, *ii)* codifica una poliproteina que es autoprocesada por una proteasa viral, *iii)* el mRNA viral no contienen estructura 5'cap ni 3'poli(A) y *iv)* cada segmento genómico contiene regiones no traducibles (UTRs) en el extremo 5' con el potencial de ser sitios internos de entrada de ribosomas (IRES). Estas características están en su mayoria en virus pertenecientes a las familias *Picornaviridae*, *Retroviridae* y *Flaviviridae*. Actualmente no existen estudios relacionados con el mecanismo de inicio de traducción de IPNV o con el efecto de algunas de las proteínas virales sobre la traducción celular. Recientemente en nuestro laboratorio se obtuvo evidencia que muestra que el inicio de la traducción de los mRNAs del virus IPN ocurriria de una manera cap-independiente. También se determinó que durante la infección por IPNV se produce un apagamiento de la traducción celular. Este fenómeno tiene estrecha relación con el procesamiento y/o modificación del estado quimico de algunos de los factores de inicio de la traducción eucarióticos. Por lo tanto se propone estudiar el posible mecanismo de apagamiento de la traducción celular presentado durante la infección de IPNV con relación al requerimiento de algunos de los factores de inicio de la traducción.

P-170

Análisis epidemiológico del retrovirus HTLV en pacientes con trastornos hematológicos atendidos en el Hospital Regional Valdivia. (Epidemiologic analyze of HTLV retrovirus in patients with hematological disorders attending at Hospital Regional Valdivia).

Barrientos A[1], Lopez M[2], Marin F[1], Pilleux L[2], Zambrano A[3], Navarrete M[4], Otth C[1].
[1]Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[2]Instituto de Hematologia, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[3]Instituto de Microbiologia, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
[4]Hospital Regional Valdivia, Chile
abarrientosbarria@gmail.com

Mundialmente se estima que existe entre 15-20 millones de personas infectadas con HTLV, de las cuales entre el 20-30% corresponde a población latinoamericana. Alrededor del 95% de estas personas son portadores asintomáticos, sin un cuadro clínico asociado; pero representan un fuerte factor diseminador de la infección, constituyéndose en una alerta epidemiológica. El retrovirus HTLV se asocia principalmente a dos patologias: leucemia de linfocitos T adultos (LLTA) y paraparesia espástica tropical (PET).
En Chile, se han realizado varios estudios de prevalencia de HTLV en donantes de sangre, encontrándose prevalencias de 0,3% en el Hospital del Salvador; de 0,23% en el Hospital Félix Bulnes y de 2,5% en el Hospital Regional Valdivia. También se ha reportado en nuestro pais prevalencias de 0,16% en población general y de 0,74% en población mapuche.
Asimismo, Chile posee una alta prevalencia de PET (1:50.000 hab), en los cuales en un 40% de estos pacientes se ha detectado la presencia de HTLV por PCR del gen *tax*, siendo seronegativos para HTLV. En el presente estudio se analizó 84 pacientes con trastornos hematológicos, obteniéndose un 4% de seroprevalencia para HTLV. Sin embargo, al detectar HTLV por *nested* PCR del gen *tax*, obtuvimos un 20% de detección viral. La finalidad de este trabajo fue entregar información epidemiológica sobre la prevalencia de HTLV en pacientes con síndromes hematológicos, complementando la información epidemiológica existente relacionada con PET, la otra patologia asociada a este retrovirus.
Financiamiento. DID-UACH S-2008-21; COLDAS-Virología

P-171

Disminución de la traducción *in vitro* de IPNV por efecto de la temperatura y oligos antisentido contra la región 5' no-codificante. (Effects of temperature and antisense oligonucleotide against 5' non-coding regions of IPNV on an *in vitro* translate system)

Díaz-Briceño A., Tello M., Sandino A.M. Laboratorio Virología USACH. as_diazb@hotmail.com

El virus de la Necrosis Pancreática Infecciosa (IPNV) inicia su traducción independientemente de la estructura 5' cap presente en el mRNA, sugiriendo la presencia de Sitios Internos de Entrada al Ribosoma (IRES) en el extremo 5' no-codificantes (5'UTR), cuya actividad depende de su estructura tridimensional dada por interacciones RNA-RNA. Para dilucidar si IPNV posee IRES, se secuenciaron los extremos 5'UTR de los segmentos genómicos A y B. Mediante aproximaciones bioinformáticas se realizaron predicciones de la estructura 2D y 3D de dichas regiones, y experimentos de transcripción-traducción *in vitro* utilizando lisados de reticulocitos a 15 °C, 25 °C y 37 °C. Con el fin de determinar si la estructura que adquiere el 5'UTR es importante para la traducción, se diseñaron y utilizaron oligos complementarios a diversas regiones del 5'UTR del segmento A para impedir el correcto plegamiento de la estructura predicha y así provocar una disminución de la traducción. Los resultados indican que la traducción de ambos segmentos es independiente de la presencia de cap y que la temperatura afecta la eficiencia de la traducción, siendo 15 °C la temperatura óptima, lo que coincide con la temperatura de replicación del IPNV; por otra parte la desestructuración del extremo no-codificante con los oligos ensayados disminuye la eficiencia de la traducción, lo que en conjunto indica que el correcto plegamiento de la estructura que adquiere el 5' UTR de los segmentos A y B de IPNV es fundamental para un eficiente inicio de la traducción de las proteínas virales.

Financiamiento: Proyecto 07CN13PBT-90 INNOVA CHILE., Proyecto Bicentenario PDA-20.

P-172

Estudios de respuesta inmune frente a un antígeno del Virus *de la Necrosis Pancreática Infecciosa*. (Study an immunoresponse with an **Infectious Pancreatic Necrosis Virus *antigen*.**)

Moreno F. [1], Tobar J. [2], Lagos C. [1], Lienlaf M. [1], Cabezas F. [1], Bruce E. [1], Venegas A. [1]
[1] Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Alameda 340, Santiago.
[2] Laboratorios Centrovet, Avda Los Cerrillos 602, Santiago.
francescamorenol@gmail.com

El Virus de la Necrosis Pancreática Infecciosa (IPNv) de la familia Birnaviridae, capaz de atacar salmones y truchas en estado de alevín causa grandes pérdidas económicas en salmoneras nacionales como extranjeras. El virus IPN presenta una cápside carente de envoltura, compuesta mayoritariamente por la proteína viral 2 (VP2) al exterior y VP3 al interior, siendo VP2 más inmunogénica en la región central.

Para estudiar una respuesta inmune en salmones se diseñó un gen sintético de VP2 acotado a la región central de la proteína, incorporando los codones más frecuentemente usados en *E. coli* para maximizar la expresión y estudiar la respuesta inmune luego de administración via oral o intraperitoneal. Se evaluó por Western blot la expresión del gen *vp2t* clonado en los plásmidos pSE420, pET21a y pET27b (constructos pVP2-t) tranferidos a *E. coli*, y pSE420 tranferido a bacterias probióticas aisladas de salmón. La respuesta inmune se evaluó en alevines midiendo IgM anti-Vp2 por ELISA.

Los resultados indicaron que el plásmido más idóneo fue pET27b/VP2t. Por otro lado, la construcción transferida a *E. coli* presentó mejores niveles de expresión en comparación a la cepa probiótica de salmón. Finalmente, ensayos de inmunización mostraron la capacidad del constructo pET27b/VP2-t expresado en *E. coli*, de inducir en salmones IgM anti-VP2-t en un nivel significativo.

En conclusión, el producto de expresión del gen sintético VP2 ha mostrado capacidad de inducir una respuesta inmune IgM en salmones.

Financiamiento: Fontec 204-4047.

P-173

Propiedades de una construccion de transcriptasa reversa de hiv-1 sin el dominio de polimerización (Properties of a reverse transcriptase construct lacking the DNA polymerization domain).

Deborah Vargas [1], Andrés Castillo[1], Monica J. Roth [2] y Oscar León[1].
[1]Programa de Virologia . ICBM. Facultad de Medicina. U. de Chile. [2]Dept. Biochemistry. RWJMS-UMDNJ. USA. deboritah@gmail.com

El sitio de polimerización de ADN en la transcriptasa inversa de VIH ha sido el blanco más importante en el desarrollo de antivirales. Sin embargo esta enzima también posee una actividad RNasa H que es fundamental en la replicación y que no se ha explorado en la búsqueda de inhibidores, pues existe una interdependencia entre esta actividad y el sitio de polimerización.
En este trabajo se presenta la expresión y purificación de una construcción (construcción G) que carece del dominio de polimerización en E. coli.
La construccion G fue purificada por cromatografia en columnas de Niquel-NTA agarosa y su actividad fue medida mediante fluorescencia.
La construcción G posee actividad RNasa H con características similares a la transcriptasa reversa silvestre: posee actividad en magnesio con un Km del mismo orden y es inhibida por compuestos que inhiben a la RNasa H de VIH con valores de IC50 del mismo orden.
En este trabajo se analizó el comportamiento de la enzima en diferentes tipos de cromatografia y se determinó la estabilidad de la proteina con el objeto de desarrollar procedimientos de screening de inhibidores.
Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1080137

P-174

Elemento "INS-1" presente en el mRNA de HIV-1 regulan la actividad del ires viral (INS-elements present in the HIV-1 genome modulate viral IRES activity).

Valiente-Echeverría F[1], Rivero M[1], Vallejos M[1], Pino K[1], Rodríguez F[2], García-Huidobro JP[2], López-Lastra M[1]. [(1)]Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Investigaciones Médicas, [(2)]Departamento de Fisiología, Centro de Regulación Celular y Patología J.V. Luco, Instituto MIFAB, Pontificia Universidad Católica de Chile. fvalient@gmail.com

El mRNA completo del virus de la inmunodeficiencia adquirida (HIV-1), que codifica para las proteínas estructurales Gag y Gag-Pol, posee una región 5' no traducida (UTR), o líder, muy estructurada que contiene elementos que participan en diferentes etapas del ciclo replicativo viral. Entre estos elementos se destaca un sitio interno de entrada del ribosoma, IRES, que permite reclutar el complejo de iniciación de la traducción de manera independiente al extremo 5' del mRNA. El mecanismo molecular involucrado en la regulación de la actividad del IRES-1 de HIV-1 aún no ha sido dilucidado. Sin embargo, diversos estudios han documentado la existencia de elementos moduladores de la actividad traduccional presentes a lo largo del mRNA de HIV-1
Mediante ensayos de traducción *in vitro* y *ex vivo* generamos resultados que sugieren que en la región codificante de Gag existen elementos *cis*-reguladores capaces de inhibir la actividad traducciónal del IRES-1 de HIV-1.

Fondecyt Proyecto 1090318; MLL pertenece al núcleo milenio NMII. FVE y MV Becarios CONICYT

P-175

Desarrollo y evaluación de un *kit* múltiple de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real para la detección de virus herpes simplex 1 y 2. (Development and Evaluation of a Real Time Polymerase Chain Reaction (PCR) detection kit for Herpes simplex virus 1 and 2).

Lizama L.[1], Cifuentes M.[2], Alvarez I.[3], Pardo M.[1], Villegas K.[1], Guajardo V.[1], Torres J.[1], Jamett E[1], Banfi A.[3] Bioscan S.A.[1] Hospital San Borja Arriarán[2] Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna[3]
llizama@bioscan.cl

El diagnóstico de infección por virus herpes simplex (HSV) se realiza habitualmente mediante métodos basados en la amplificación de ácidos nucleicos, siendo estas técnicas las más sensibles y específicas. Se propuso desarrollar y evaluar un *kit* de reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (PCR-TR), para la detección de virus herpes simplex 1 y 2 (HSV-1 y HSV-2). El *kit* consiste en una reacción de PCR-TR múltiple, donde partidores y sondas de hidrólisis hibridan en regiones del gen *pol* de los virus herpes simplex 1 y 2. Se diseñó controles positivos e internos, para confirmar el óptimo funcionamiento del *kit* y para detectar posibles inhibiciones en la reacción. Para la evaluación, se obtuvo 202 muestras (LCR, vaginales, uretrales y suero) y se les extrajo ADN con un *kit* comercial. Luego, se realizó PCR-TR con el *kit* múltiple. Como técnica de referencia, se utilizó PCR tiempo final (PCR-TF). Del total de muestras analizadas, se detectó con las dos técnicas 39 muestras (19,3%) positivas para uno de los dos virus y 161 (79,7%) muestras negativas. Del total de muestras positivas, 17 (43,5%) corresponden a HSV-1 y 22 (56,4%) a HSV-2. En 2 (1%) muestras los resultados son discordantes. La sensibilidad y especificidad son de 94% y 100% para la detección de HSV-1 y de 100% y 99% para la detección de HSV-2, respectivamente. La alta sensibilidad y especificad encontradas indican que el uso de este nuevo *kit* podría constituir una herramienta de diagnóstico confiable y rápida

P-176

Frecuente detección de virus respiratorio sincicial (VRS) en adultos con neumonía adquirida en la comunidad (NAC) mediante técnicas moleculares y serológicas. Informe final.

Frequent detection of syncytial respiratory virus in adults with community-acquired pneumonia (CAP) by molecular and serological methods. Final report.

Luchsinger V[1]; Ruiz M[2]; Zunino E[3]; Piedra P[4]; Martinez MA[5]; Machado C[6]; Fasce R[7]; Ulloa MT[5]; Fink MC[6]; Avendaño LF[1].
[1]Programa de Virología Facultad de Medicina. U. Chile; [2]Hospital Clínico U. Chile; [3]Hospital de Infecciosos Dr. L.Córdova; [4]Depto. Molecular Virology and Microbiology, Baylor College of Medicine, Houston, USA; [5]Programa de Microbiología Facultad de Medicina U.Chile; [6]Laboratório de Virologia. Instituto de Medicina Tropical de São Paulo U. de São Paulo, Brasil; [7]Subdepartamento Virología Clínica, Instituto de Salud Pública de Chile.
vluchsin@med.uchile.cl

La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es la cuarta causa de muerte en adultos en Chile. Con frecuencia no se establece la etiología. El VRS sería agente frecuente de NAC. Existen diversos métodos para su diagnóstico.

Objetivo: detectar infección por VRS en adultos chilenos con NAC mediante técnicas serológicas y moleculares y comparar su rendimiento diagnóstico.

Método: en muestras respiratorias de 357 adultos $\geq$ 18 años con NAC de dos hospitales de Santiago, entre 2005- 2007, se investigó VRS mediante detección de antígenos por inmunofluorescencia indirecta (IFI), aislamiento viral (AV) y transcripción reversa y reacción en cadena de la polimerasa (RT- PCR). En sueros de fase aguda y convaleciente se estudió seroconversión de anticuerpos neutralizantes (Acs) anti VRS A y B.

Resultados. VRS fue detectado en 48/357 casos (13,4%); en 18/48 (37,5%) como único agente. La IFI y AV detectaron un caso cada uno (0,2%); la RT-PCR 32/357 (8,9%) pacientes y seroconvirtieron 20/184 (10,8%). Las medianas de los titulos de Acs fueron menores en muestras agudas y similares en sueros convalecientes de infectados vs no infectados ($p<0,02$). Los títulos de Acs séricos anti VRS -A fueron menores que los anti B ($p<0,00$).

Conclusiones: VRS es frecuente en adultos chilenos con NAC. La RT-PCR y la serología tienen sensibilidad similar y superior a IFI/AV para detectar infección por VRS. Altos títulos de Acs séricos neutralizantes protegerian de la infección, por lo que

la vacuna prevendría la enfermedad por VRS en adultos.
Financiamiento: Proyectos FONIS SA04i2084 y FONDECYT 1050734

P-177

Coevolución entre Andes Virus y el roedor *Oligoryzomys longicaudatus* en Chile

Coevolution between Andes Virus the rodent *Oligoryzomys longicaudatus* in Chile

Juanita Larraín-Linton[1], Sebastián Belmar-Lucero[1], Cristián E. Hernández [2], Marcela Ferres[3] y R. Eduardo Palma[1]

[1] Departamento de Ecologia y CASEB, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile [2] Departamento de Zoologia, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción [3] Centro de Investigaciones Médicas, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile

Uno de los virus de gran relevancia en Chile es el Virus Andes (ANDV), que pertence al género Hantavirus. ANDV es el agente principal del síndrome febril hemorrágico, el cual es transmitido a través de excreta de roedores en forma de aerosol. Se han reportado a la fecha sobre 500 casos de contagio en nuestro país, con una mortalidad aproximada de 40%.
El principal reservorio de ANDV en Chile es el roedor *Oligoryzomys longicaudatus*, que se distribuye desde Atacama hasta la Patagonia. El patrón filogeográfico de esta especie sugiere la formación de dos clados/agrupamientos diferentes en la zona de bosques temperados, y las secuencias virales de ANDV permiten hipotetizar un patrón similar.
En este trabajo se compara la filogenia de *Oligoryzomys longicaudatus* con la de ANDV a lo largo del rango de la especie reservorio en Chile. Para ello se utilizaron roedores seropotivos de diferentes localidades del pais y los virus portados por éstos para construir las correspondientes filogenias. Al comparar las topologias de ambos, se puede observar una fuerte simetria, lo que estaria afirmando que efectivamente existiria una relación coevolutiva entre virus y hospedero.
Esto puede tener gran relevancia a nivel clinico, explicando por ejemplo, la existencia de ciertas zonas del pais donde existe mayor contagio y/o mortalidad de este virus. Será necesario investigar en mayor profundidad los virus asociados a los clados que representan estas zonas.
Financiamiento: FONDECYT 1070331; FONDECYT-CASEB; NIH Hantavirus Grant.

P-178

Análisis de la capacidad funcional de comunidad bacteriana asociada a sedimentos marinos de la zona de mínimo oxígeno, utilizando data de pirosecuenciación 454

(Analysis of the functional capacity of bacterial communities associated with marine sediments from minimal oxygen zone, using 454-pirosequencing data)

Urrutia H[1], Ruiz-Tagle N[1], Rojas S[1], Espinoza C[2], Gallardo V.A.[2]

ILAB Biopeliculas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción
[2]Facultad de Cs. Naturales y Oceanográficas, /Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción

En el mar de Chile central existe una zona de minimo oxígeno inducida por una alta productividad primaria, una consiguiente alta demanda de oxígeno disuelto (OD) y una pobre circulación de aguas ya deficientes en OD lo que se traduce en sedimentos fuertemente anóxicos. La disminución del OD influye en los ciclos biogeoquimicos y en las comunidades microbianas. La dificultad en el aislamiento de bacterias ambientales y la amplia riqueza genética ha limitado el conocimiento metabólico de estas comunidades. Mediante pirosecuenciación (*454-sequencing*) se intentó por primera vez resolver estas limitaciones. Se estudió 16 muestras de sedimentos (total 8g peso seco) de la Bahia de Concepción y la plataforma continental adyacente obtenidas en un ciclo anual de donde se resolvieron 562 géneros distintos. Esta información más la de la literatura permitió determinar que los metabolismos predominantes en estas comunidades son la quimioheterotrofia (84%) y la quimiolitotrofia (14%). La fotolitotrofia y fotoheterotrofia sólo ocurren con un 2%. Los químicos orgánicos son los donadores de electrones más importantes (59,5%), seguidos por donadores inorgánicos: H_2 (17,1%), H_2S/S (11,3%), CO_2/CO (6,2%) y $S_2O_3^{-2}$ (5,1%). Los aceptores de electrones muestran mayoritariamente un metabolismo de respiración anaerobia conducida por $SO_4^{=}$ (31,7 %), NO_3^- (19,1 %), seguido por O_2 (13,6 %) y $S_2O_3^{-2}$ (12,6%).
Se demuestra que la comunidad es soportada principalmente por un metabolismo basado en carbono orgánico que es degradado principalmente por anaerobiosis y secundariamente por fermentación. Estos resultados concuerdan con lo esperado de bacterias bentónicas de ambientes reducidos. Bajo estas condiciones la respiración microbiana anaerobia ha sido altamente documentada y relacionada con la reducción no asimilativa del sulfato y el nitrógeno.
Financiamiento. Fondecyt 1050772

P179

Participación de *RybB* en la expresión de porinas en *Salmonella* Typhi

(Participation of *RybB* in the expression of *S.* Typhi porins)

Boris Barrera, Juan Fuentes y Guido Mora
Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello.

Salmonella Typhi es el agente etiológico de la fiebre tifoidea en humanos, su único hospedero y reservorio conocido

En el último tiempo se han identificado RNA pequeños (sRNA) que funcionan como reguladores de la expresión genética, los cuales están involucrados en la regulación negativa de una variedad importante de proteínas de membrana externa (OMPs), incluidas las porinas. *RybB* es un sRNA pequeño descrito en *Salmonella*, del cual se sabe que inhibe la expresión de porinas como *tsx*, *ompW*, *ompF* y *ompS*.

Nuestro objetivo fue averiguar si *RybB* participa en la regulación de la expresión de otras porinas en *S.* Typhi. Para ello, se extrajo OMPs de mutantes *RybB* y se compararon con las OMPs de la cepa parental. Se secuenció mediante espectrometría de masas todas las OMPs cuyo patrón fuera distinto en la cepa parental y en la mutante *RybB*. Una de estas proteínas corresponde a LamB (una maltoporina), lo cual sugiere que *RybB* estaría involucrado en la expresión de esta porina en el serovar Typhi.

Financiado. Proyecto FONDECYT 1060999

P-180

Comparación de la diversidad metabólica y molecular de comunidades bacterianas presentes en lagos psicrófilos oligotróficos de la Patagonia Chilena. (Comparison of metabolic and molecular diversity of bacterial communities present in psychrophilic-oligotrophic lakes of the Chilean Patagonia)

Mackenzie, R. [1], Barros, J. [1], Martínez, M.[1]
[1]Laboratorio de Microbiología Básica y Biorremediación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

En ambientes fríos de diversas aéreas geográficas, las especies bacterianas podrían estar filogenéticamente relacionadas y compartir propiedades fisiológicas, pudiendo metabolizar sustratos similares. Se comparó la diversidad genética y metabólica de las comunidades bacterianas de tres lagos oligotróficos y psicrófilos de la XI región de Aysén (Alto Reino, Las Torres y Venus). La diversidad metabólica se evaluó mediante el sistema BIOLOG Ecoplate. Se determinó la diversidad genética amplificando y separando secuencias del ADN ribsomal 16s por PCR-DGGE. Adicionalmente, se determinó el número de bacterias totales, vivas y muertas mediante microscopia de fluorescencia; y recuento de bacterias cultivables en agar R2A. Los resultados muestran que los tres lagos comparten una baja similitud (<50%) en sus perfiles de ADN ribosomal 16s. Sin embargo, la actividad metabólica es similar en las tres comunidades bacterianas. Además, el índice de diversidad metabólica muestra un uso equitativo de los sustratos disponibles en sistema Ecoplate BIOLOG. Por otra parte, la proporción de bacterias vivas fue cercana al 10% del recuento total, y la proporción de bacterias cultivables fue cercana al 1%. Los resultados muestran que en estos ambientes, la proporción de bacterias que participan activamente de la producción bacteriana es baja en relación con el número total de bacterias presentes en el ecosistema acuático. Además, se sugiere que las bacterias que habitan en lagos de la Patagonia Chilena podrían ser metabólicamente similares, pero filogenéticamente lejanas. Se concluye que cada lago evaluado tiene una composición de comunidades única y particular que los diferencia y caracteriza.

Financiamiento: FONDECYT 1070497

ÍNDICE

ADRIAZOLA, P	P137
ABARZÚA, L	P101-P123-P130
ABUSLEME, F	P094
ACEITUNO, F	P039
ACEVEDO, F	P017-P024-CL17
ACOSTA, M	P133
ACUÑA, L	P008
ADRIÁN, N	P141
AGOSÍN, E	P021-P039-S022-CL16
AGUILAR, P	P110
AGULLÓ, L	P003-P149-P158
ALAMOS, P	P008-CL15
ALEGRÍA, K	P044-P095-P097
ALMARREGUI, A	P013
ALMARZA, O	CL12
ALVAREZ, I	P034-P175
ÁLVAREZ, S	P060-P070
AMENABAR, M	P027
AMPUERO, S	I005
ANDAUR, R	I005
APPELGREN, P	P025
ARANDA, C	P139
ARAYA, JE	P078
ARAYA, R	P106
ARAYA,D	CL07
ARENAS, F	CL05
ASENCIO, G	P095-P125
ASKENASY, I	P002-P090
ATRIA, AM	P092
AVENDAÑO, LF	S016-P176
AVENDAÑO, M	P018-P055-P065
AVILA, A	P116
AZÚA-BUSTOS, A	P104
BADILLA, C	P068
BAEZA, M	P083-S008-CL03-P162-CL19
BAHAMONDES, C	P114
BANDUC, R	P147
BANERJIT, R	P011
BANFI, A	P034-P175
BARAHONA, S	P162
BARRERA, B	P179
BARRIENTOS, A	P170
BARRIENTOS, M	P042
BARROS, J	P102-P123-P180

BECERRA, J	P102
BECKER, MI	P134
BELLO, H	P044-P054-P089-P097-P099-P105-P130-P131-P164
BELMAR, D	P139-P148-P168
BELMAR-LUCERO, S	P177
BERROCAL, L	P053-P084-I008-I009-I010
BIAVATI, B	C02-P135
BLAMEY, JM	P027-P033-S025-P120-P132-CL14
BLAMEY, L	P033-P132-CL14
BLONDEL, C	P085-CL02
BODERO, M	P138
BOHEMWALD, F	P120
BORIE, C	P143
BOURNE, N	I007
BRAUN, S	P056
BRAVO, D	P073-P076
BRAVO, N	CL03
BRAVO, V	CL11
BRICEÑO, C	P050
BRIONES, C	P050
BRONSTEIN, J	P047
BRUCE, E	P062-P098-P172
BUENO, S	P082-CL07
BULL, P	P074
BUSTAMANTE, M	P015-P016
BUSTAMANTE, P	CL12
CABALLERO, B	P072-P075
CABEZAS, F	P029-P037-P172
CÁCERES, M	P145
CACHICAS, V	P134-P139-P141-P148-P168
CALDERÓN, I	CL01
CALVA, E	P067-S001
CAMILI, I	P043
CAMPANO, MS	P040
CAMPONOVO, R	P056
CAMPOS, A	P096
CAMPOS, V	P068
CAMPOS, VL	P035-P103-P126-P129
CANESSA, P	P057
CÁRDENAS, JP	P005-P086-P087
CARO, N	P067-P077-CL01
CARRASCO, N	CL03
CARRASCO, R	P072-P075
CARREAUX, E	P048
CARRILLO, V	P147
CARTAGENA, J	P169

CARVAJAL, P	P110-P136
CARVAJAL, R	P046
CASANOVA, A	P159
CASAUBON, G	P039
CASTILLO, A	P173
CASTILLO, SP	P078
CASTILLO, MP	CL17
CASTILLO-RUIZ, M	I004
CASTRO, M	P033-CL14
CASTRO, R	P049
CATRILEO, C	P064
CENVELLA, A	CL10
CHAHUÁN, C	P067-CL01
CHAMORRO, S	P019
CHAVEZ, FP	P012-S017
CHAVEZ, R	P074-S007
CHEN, F	I002
CHIRINO, B	P149
CHIROLES, S	P108
CIFUENTES, M	P175
CIFUENTES, N	P034
CIFUENTES, V	P083-S006-CL03-P162-CL19
COATS, W	I002
COLLAO, B	P067-P077-CL01
CONTADOR, Y	P124-P163
CONTRERAS, A	P079
CONTRERAS, E	P024
CONTRERAS, I	P032-P060-P069-P070-P073-P076-P085-S003-CL02
CONTRERAS, M	P122
CONTRERAS, O	P062
COÑAJAGUA, A	P133
CÓRDOVA, M	P151
CORREA, D	P033-CL14
CORSINI, G	P051-P088-CL04-P092-P093-P096
CORTÉS, A	P115-P122
CORTES, P	P092
CORTÉS, W	P078
COVARRUBIAS, P	P066-I010-CL05
CUBILLOS, C	P109
CUBILLOS, F	CL15
CUEVAS, A	P053
CUEVAS, R	P024-CL17
D' INFANTE, C	P136
DAZA, C	P133
DE ARMAS, M	P010
DE IOANNES, A	P134

DE LA FUENTE, M	P118
DEL CANTO, F	P047
DELHERBE, N	P071-I006-P119
DEMERGASSO, C	P124-P133-P163-P165
DEQUÍN, S	S021
DÍAZ, A	P171
DÍAZ, C	P088-CL19
DÍAZ, P	P121
DÍAZ, R	P064
DÍAZ, W	P161
DIEZ, MC	P015-P018-P024-CL17
DIGIOGIA, D	P135
DINAMARCA, MA	P150
DINELLI, G	P135
DOMINGUEZ, M	P044-P054-P089-P095-P097-P099-P105-P130-P131-P164
DONOSO, W	P142
DORADOR, C	I001-P109-P110-P112
DUARTE, F	P006
DUCHENS, H	CL08
DUQUE, B	P154
DURÁN, P	P036
ECHENIQUE, i	P119
ECHEVERRÍA, P	P140
EISSLER, Y	I002
ELGORRIAGA, E	P131-P164
ELGUETA, S	P016
ESCALANTE, G	P103
ESCUDERO, L	P165
ESPARZA, M	P086
ESPEJO, R	P025-P026-P121-P167
ESPINOSA, J	P090
ESPINOSA, Y	P074
ESPINOZA, C	P178
FARAH, C	CL15
FARFÁN, M	P052
FARÍAS, L	P147
FASCE, R	P176
FERNÁNDEZ, H	P146
FERNÁNDEZ, J	P065
FERNÁNDEZ, K	P051
FERNÁNDEZ-ALBERTI, S	P018
FERNÁNDEZ-BUNSTER, G	P155
FERREIRA, N	P139-P148
FERRER, A	P088
FERRES, M	P177
FIGALLO, A	P147

FIGUEROA, C	P042-P125
FIGUEROA, G	P100-P137-P144
FINK, MC	P176
FLORES, O	P083-CL03
FLORES, R	P115-P122
FLORES, S	P146
FRÍAS, J	P140
FUENTEALBA, M	P071-I005
FUENTES, D	P138-P147
FUENTES, J A	P058-P061-P179
FUENTES, JJ	P080-P081-CL10
FUENTES, M	P127-CL13
FUENTES, O	P099
FUENTES, S	P107
FUENTES, V	P-141
GADIQUE, P	P141
GAHONA, J	P041-P045
GALARCE, C	CL16
GALLARDO, K	P124-P163
GALLARDO, VA	P178
GALLEGUILLOS, F	P133
GALPERIN, M	C01
GANGA, A	P030-P059-P079-S023-P154-CL16
GARCÉS, K	P140
GARCÉS, R	P140
GARCÍA, A	P036-P050
GARCÍA, P	P054-P056
GARCÍA, V	P030-P059-P079-S020
GARCÍA-BARTOLOMEI, E	P145
GARCÍA-HUIDOBRO, JP	P174
GATTA, L	CL04
GENTINA, JC	S031
GERTER, D	P154
GIESSMAN, U	P022
GIL, F	P077
GIMPEL, C	P095-P125
GODOY, A	P046
GODOY, L	P030-P059
GODOY, M	P055
GODOY, MC	S013
GOEDESKY, G	P022-P054
GONZÁLEZ. C, A	P055
GONZÁLEZ, B	P009
GONZÁLEZ, C	P050-P102
GONZALEZ, G	P044-P089-P095-P097-P099-P105-P130-P131-P164
GONZÁLEZ, J	P056

GONZÁLEZ, M	P015-P020-P036-P095-P107-P108-P125-P146-P149-P158
GONZÁLEZ, M.E	CL17
GONZÁLEZ, P	P118-P160
GUAJARDO, V	P034-P175
GUERRERO, K	P045
GUIGIARELLI, B	P008
GUTIERREZ, C	P046
GUTIERREZ, F	CL12
GUTIERREZ, JI	P067
GUTIERREZ, MA	P048
GUZMÁN, L	P160
GUZMÁN, M	P144
HAMMERL, J	P167
HARRIS, P	P064
HENGST, M	P145
HENRÍQUEZ, C	P028-CL18
HEREDIA, J	P139-P168
HERESMANN,M	P094
HERNÁNDEZ, B	P019
HERNÁNDEZ, C	P026-P028-P036-P105-P177
HERNÁNDEZ, M	P107-P128
HERNÁNDEZ, V	P102
HERNÁNDEZ-LUCAS, I	P067
HERRERA,N	P045
HERTWIG, S	P167
HOARE, A	P060-P073-P076
HOLMES, D	P001-P005-P006-P008-P066-P086-P087-I003-CL08-CL12-S026
HORMAZABAL, Y	P159
HURTADO, F	CL19
IBACACHE, C	P150
IBBA, M	P011
IMHOFF,JF	I001
IMLAY, J	CL05
JAHN, D	P010
JAMETT, E	P034-P175
JANGRA, R	I007
JARA, M	P141
JEDLICKY, E	P008-CL08
JEREZ, CA	P012-P013-CL09
JIMENEZ, JC	P085-CL02
JOFRÉ, M	P058
JOO, A	P046
JOPIA, P	P159
JORQUERA, A	P050
JORQUERA, M	P116-P128
JORQUERA, R	P005

JUSTEL, F	P110
KALERGIS, A	P082-CL07
KAPPES, T	P089
KARACIOLO, A	P121
KATZ, A	P010-P011-CL12
KOSTRSEWA, M	P022
KROCK, B	P071-P080-I006
KULP, T	S028-P165
LAGOS, C	P172
LAGOS, F	P042
LAGOS, R	P007-P009
LARRAÍN, J	P177
LARRAÑAGA, C	I005
LARRONDO, L	S005
LATORRE-REYES, V	P158
LAURIE, F	P021
LEFIMIL, C	P008-CL08
LEIVA, C	P096
LEIVA, JC	P145
LEMON, S	I007
LEÓN, C	P126
LEÓN, O	P173
LEÓN, O	S010
LEVICÁN, G	P010-CL12-P115-P122
LEYTON, Y	P145
LIENLAF, M	P172
LITI, G	CL16
LIZAMA, L	P034-P175
LIZANA, R	P082-CL07
LOBOS, O	P049-P091-P142
LOBOS, S	P020
LODY, M	P112
LÓPES, CA	P154
LÓPEZ DE LACEY, A	P135
LÓPEZ, C	P137
LOPEZ, J	P089-P141
LÓPEZ, M	S012-P137-P166-P170-P174
LÓPEZ, Y	P099
LOUIS, EJ	CL16
LOZANO, C	P162
LUCHSINGER, V	P176
MACHADO, C	P176
MACKENZIE, R	P101-P102-P123-P-180
MAGNE, F	P025
MANDAKOVIC, D	P080-P117
MANSILLA, I	P062-P064

MANUBENS, A	P134
MARCOLETA, A	P023
MAROTTI, I	P135
MARQUET, P	P127-CL13
MARQUEZ, CA	P078
MARTÍNEZ, C	P030-P059-P079-P154-CL16
MARTÍNEZ, CP	CL19
MARTÍNEZ, E	P046
MARTÍNEZ, M	P155-P156-P176-P180
MARTÍNEZ, P	P127-CL13
MARTINIC, M	P060-P102-P155
MATEO, M	P029
MATURANA, C	P072-P075
MATURANA, D	P007
MAURIACA, C	P012
MELLADO, C	P129
MELO, F	P031-CL18
MÉNDEZ, V	P107
MENDIZÁBAL, G	P046
MENESES, C	P133
MERCADO, A	P112-P136
MEZA, C	P029
MINKYUNG, Y	I007
MIRANDA, C	P044-P099
MOENNE, ML	P021
MOLINA, M	P094
MOLINA, RC	P014
MONASTERIO, O	P007-P009-CL20
MONDACA, MA	P035-P068-P103-P126-P129
MONRAS, JP	P014
MORA, G	P053-P058-P061-P084-I004-I008-I010-S002-P179
MORALES, ME	P137
MORENO, A	P136
MORENO, F	P098-P172
MORGADO, J	P061
MORGANTE, V	P107
MOSER, J	P010
MOSQUEIRA, M	P031-CL18
MOULAND, A	S011
MUCI, A	P116
MUJICA, C	I008-I010
MUJICA, J	P071-I006
MUÑOZ, D	P051
MUÑOZ, F	P057
MUÑOZ, G	P105-P130-P131-P164
MUÑOZ, P	P120

MURILLO, A	P081-CL10
NATARO, J	P-052
NAVARRETE, M	P170
NAVARRETE, P	P025-P026-P121
NAVARRO, CA	CL09
NAVARRO, J	P134
NAVARRO, M	P088
NAVIA, R	S030
NIETO, P	P-066
NORAMBUENA, J	P090
NOVA, E	P134
NUÑEZ, C	P165
OGUÉ, E	P095-P125
OJEDA, J	P150
OLHMANN, S	P169
OLIVA, A	P055
OLIVARES, A	P017-P019
OLIVARES, C	CL06
OLIVARES, MI	P040
OLMOS, M	P036-CL06
OPAZO, A	P054
OPAZO, A A	P054
OPAZO, R	P025-P026-P121
ORDOÑEZ, J	P112
ORELLANA, L	P020-CL09
ORELLANA, O	P010-P011-CL12-CL15
ORELLANA, P	P113
OREMLAND, RS	P165
ORREGO, PR	P078
ORTEGA, AP	CL01
ORTÍZ, N	P140
ORTÍZ, R	P005-P014
ORTUZAR, F	P026
OSORIO, C	P043
OSORIO, H	P087
OSORIO, P	P030-P059
OSSANDON, FJ	P004-P005
OTTH, C	S015-P170
OVIEDO, V	P083
PACHECO, N	P077
PADILLA, C	P049-P091-P142
PAILLAVIL, B	P152
PALACIOS, JM	P062
PALMA, C	P024
PALMA, E	P177
PARDO, M	P034-P175

PAREDES, E	P050
PARRA, S	P077-CL01
PARSOT, C	S004-CL11
PEÑA, R	P096
PERALTA, R	P132
PÉREZ, B	P071-I006
PÉREZ, F	P039
PÉREZ, JM	P014-S018-CL05-P152
PÉREZ, N	P101-P111
PÉREZ-CORREA, R	P021
PEZOA, D	P072-P075-CL15
PIEDRA, P	P176
PILLEUX, L	P170
PINO, K	P174
PIÑA, B	P019
PIZZUL, L	CL17
POLANCO, R	P093-P096
PONCE, B	P158
POOLEY, A	P155
PORTE, L	P056
POZO, G	P157
PRADENAS, G	P152
PRADO, V	P047
PYLES, R	I007
QUATRINI, R	P066-P086-CL12
QUEZADA, C	P082-CL07
QUINTANILLA, I	P160
QUIROZ, T	P082-CL07
REINOSO, C.P	P069-P161
REMONSELLEZ, F	P133
RETAMAL, P	P061-I004
RETAMALES, J	P143
RIEDEL, C	P082-CL07
RÍOS, I	P046
RÍOS, M	S009
RIQUELME, C	P112-P136-P145
RIVAS, M	S029
RIVERO, M	P174
RIVEROS, B	P138
ROBB, F	S027
ROBESON, J	P113-P114-P143
RODRIGUEZ, F	P174
ROJAS, C	P046-P050
ROJAS, F	P141
ROJAS, L	P020
ROJAS, R	P044

ROJAS, S	P178
ROMERO, J	P025-026-P121
ROMERO, MJ	P003
ROTH, M	P173
ROZAS, JM	P083
RUBILAR, O	P016-P025
RUIZ, M	P176
SAAVEDRA, C	P067-P077-CL01
SAAVEDRA, JM	P088
SABA, B	P098
SABOTIER, M	P014
SAKURADA, A	P054
SALAZAR, F	CL07-P134
SALAZAR, JC	P072-P075
SALINAS, F	CL16
SAN MARTÍN, M	P054
STENSTROM, J	CL17
SÁNCHEZ, R	P044
SANDINO, AM	P169-P171
SANGORRÍN, MP	P154
SANTIVIAGO, C.A	P023-P032-P069-P070-P082-P085-CL02-CL07
SCHWARZ, A	P111
SEEGER, M	P003-P020-P037-P107-P128-P149-P151-P-158
SEPULVEDA, D	P162
SEPÚLVEDA, J	P097
SEPÚLVEDA, R	P004-P006-P088
SERRANO, A	P117-P153
SHMARYAHU, A	P001
SILVA, C	P066
SILVA, CA	P023-CL02
SILVA, J	P041-P045
SILVA-ACIARES, F	P136
SINGER, R	P089
SOSSA, K	P101-P118-P123
SOTO, D	P042-CL16
SOTO, P	P093
SOTO, R	P169
SOTO, S	P156
SOTO-LIEBE, K	P081-CL10-P117
SOZA, K	P046-P119
STRABHSBURGER, E	P040-P135
STUCHEN, K	P080-P081-CL10
TAPIA, A	P040
TAPIA, C	P051
TAPIA, L	I005
TAPIA, P	P124-P163

TELLO, M	P088-CL04-P093-P096-P171
TISCHLER, N	S019
TOBAR, H	P082
TOBAR, J	P172
TOBAR, P	P070
TOLEDO, H	P063-CL07-P157
TOLORZA, L	P091-P141
TORO.CS	P023-P032-P056-CL02-CL11
TORRES, AG	P052
TORRES, C	P159
TORRES, J	P034-P175
TORRES, S	P035
TORTELLA, G R	P018
TREBOTICH, J	P074
TREFAULT, N	P071-P081-I006-CL10-P153
TROMBERT, A	P084-I008-I009-I010
TRONCOSO, M	P100-P137-P144
ULLOA, MT	P056-P176
URDANIVIA, R	P046
URRURIA, R	P126
URRUTIA, H	P101-P111-P119-P123-P130-P159-P178
URTUVIA, V	P124-P163
URZUA, U	I005
VALDÉS, J	P086-P087-I003
VALDEVENITO, D	P118
VALENCIA, M	P143
VALENZUELA, B	P106
VALENZUELA, N	P041-P045
VALENZUELA, P	P047
VALIENTE, F	P174
VALLEJOS, M	P174
VALVANO, MA	P073-P076
VARAS, F	P039-S024
VARAS, R	P145
VARGAS, D	P173
VARGAS, F	CL16
VARGAS, G	P111
VÁSQUEZ, A	P042
VÁSQUEZ, CC	P014-CL05-P152-P161
VÁSQUEZ, M	P071-P080-P081-I006-CL10-P117-P119-P153
VÁSQUEZ, Y	P109
VELÁZQUEZ, JC	P084
VELOZO, P	P023-P032
VENEGAS, A	P028-P031-P036-P038-P062-P064-CL06-P098-P172-CL18
VERA, J	P166
VERGARA, A	P012

VERGARA, P	P099
VICUÑA, R	P057-P104
VIDAL, G	P019-P156
VIDAL, L	P100-P137
VIDAL, M	S014-P138-P147
VIDAL, R	P047-P052
VILA, I	I001
VILLAFAENA, C	P063
VILLAGRAN, A	P064
VILLALOBOS, NE	P078
VILLANUEVA, M	P145
VILLANUEVA, R	I007
VILLARREAL, JM	P067
VILLEGAS, K	P034-P175
WANG, K	I002
WEINSTEIN, D	P007
WILKENS, M	P002-P029-P090
WILSON, C	P005
WITZEL, KP	I001
WOMMACK, E	I002
WOSNIAK, A	P162
YAÑEZ, C	P037-P107
ZADJELOVIC, V	P112
ZALDIVAR, M	P032-P069-P070-CL02
ZAMBRANO, A	P170
ZAMORANO, P	P105
ZAROR, C	P103
ZAVALA, V	P167
ZUNINO, E	P176
ZÚÑIGA, J	P104

Auspiciadores

Bioscan

Facultad de Medicina
Universidad de Chile

Fermelo Biotec

Lab-Tec

Sociedad de Microbiología
de Chile

TCL

Universidad Andrés Bello

Universidad Diego Portales

Patrocinador

SAGU
COMERCIAL Y ASESORA
INTERNACIONAL SAGU LTDA.

MILLIPORE
DISTRIBUIDOR AUTORIZADO

filterpore

CONICYT
COMISIÓN NACIONAL DE INVESTIGACIÓN
CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA

GOBIERNO DE CHILE

genesys
CHILE LTDA.

GENEXPRESS
Life Science Business