Sociedad de Microbiología de Chile

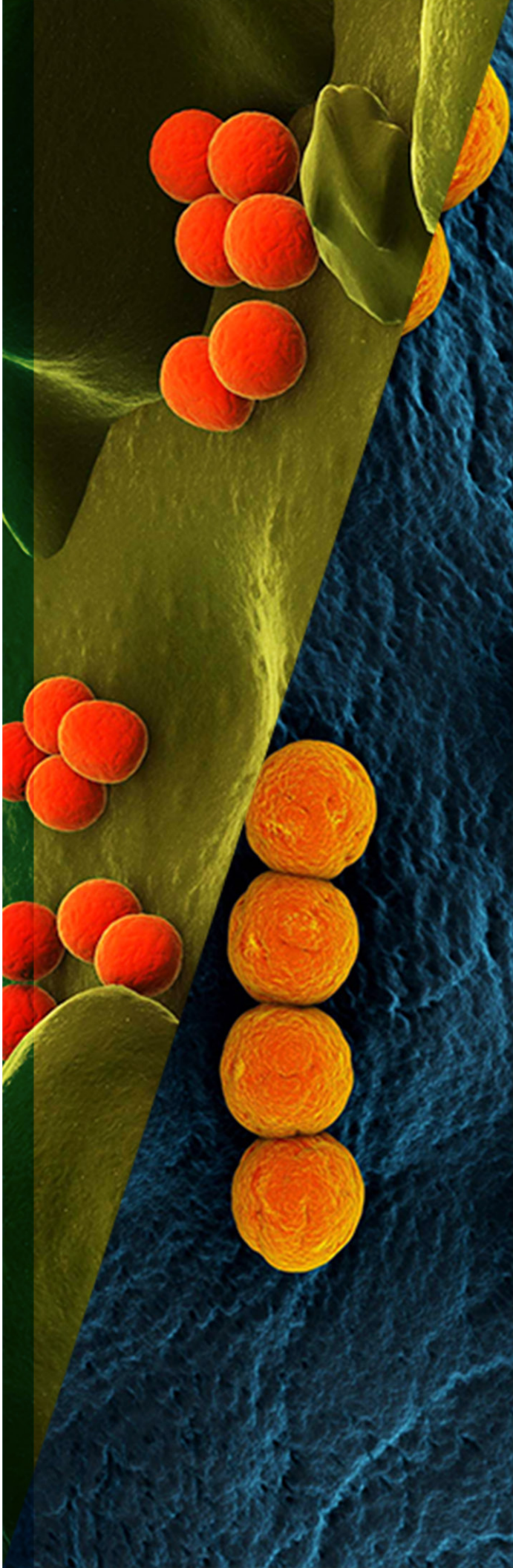
# XXXV Congreso Chileno de Microbiología

26-30 de noviembre 2013

*Maitencillo - Chile / Hotel Marbella Resort*

## Libro de Resúmenes:

Conferencias plenarias - Simposios- Mesa redonda
Trabajos de incorporación - Comunicaciones libres Orales y Paneles



# Indice


Palabras de Bienvenida .....4

Directorio Somich .....6

Programa .....8

Conferencias Plenarias .....27

Simposios y Mesa Redonda .....36

Incorporaciones .....84

Comunicaciones Orales .....100

Sesión de Paneles .....125

Coloquios Somich .....366

Índice de Autores .....372

## Estimadas y Estimados Participantes:

Gracias.
Es la primera palabra que llega a mi mente a unas horas del inicio del XXXV Congreso Chileno de Microbiología (CCM).

Gracias a Ustedes y su compromiso para con la SOMICH. Desde un inicio, su respuesta fiel y masiva nos guió y nos comprometió durante todo el proceso de construcción de esta nueva edición del CCM para hacer frente a varios desafíos.

Desafíos externos.
El primer desafió nos lo plantearon indirectamente nuestros colegas de la Sociedad Bioquímica y Biología Molecular de Chile y de la Sociedad de Biología al organizar el XII PABMB del 9 al 14 de noviembre 2013.

El segundo nos lo proporcionó CONICYT y su programa de Capital Avanzado el cual sin mayor consulta a las Sociedades Científicas -ni aviso- adelanto las fechas del proceso de postulación a congresos/estadías cortas; y como si no fuera poco, "rankeó" de manera, por lo menos, extraña el CCM durante el proceso de evaluación de las postulaciones, sin que supiéramos cómo y quienes definan los criterios de "ranking" de los congresos nacionales.

Desafíos internos
Adicionalmente, tuvimos que avanzar en los desafíos que nos propusimos como directorio SOMICH 2013-2014. El primero de ellos fue aquel que nos trazamos al ser candidatas y candidatos al Directorio. Un nuevo directorio significa un nuevo grupo humano que tuvo que aprender a conocerse, a trabajar juntos y finalmente que se auto-afinó andando.

El segundo desafío que nos planteamos sobre las bases de las recomendaciones de la asamblea de Socios que tuvo lugar el año pasado en Valdivia, fue buscar y elegir un lugar de encuentro e intercambios científicos mas acorde con la nueva estatura adquirida por el CCM durante sus últimas ediciones. Adicionalmente acordamos también ofrecerles un nuevo ítem "inscripción completa" que contemplará el alojamiento.

Como si todavía hiciera falta un desafío mas, acordamos renovar y modernizar todo el proceso de inscripción al CCM. Decidimos, pensando en ustedes como participantes, pero también en nosotros como organizadores, ofrecerles un sistema de postulación en línea que descubrimos y que algo amaestramos gracias a Ustedes.

El XXXV CCM
Le corresponde a Ustedes juzgar si logramos o no sobrepasar estos desafíos.

Hoy con mucho entusiasmo podemos compartir con ustedes que tenemos un gran número de participantes y un número de trabajos presentados aun mayor.

Mas de 300 participantes inscritos e invitados, nacionales e internacionales. Manteniendo el sello de la SOMICH y resguardando la calidad y la diversidad científica del programa les proponemos con orgullo 8 conferencias plenarias, 12 simposios, una mesa

redonda sobre Ciencia, Comunicación y Ciudadanía, más de 300 comunicaciones libres de las cuales por un lado mas de 280 son paneles distribuidos en 12 áreas distintas destacando en particular la fuerza merecida que está tomando la Ecología Microbiana (53 paneles) y por otro lado por primera vez 24 son orales.

Nos enorgullecemos mucho de ver plasmados en el programa el deseo de 10 jóvenes científicos y científicas de incorporarse a la SOMICH. Como no compartir también con ustedes la alegría de las 9 becas para inscripción completa que otorgó la SOMICH a estudiantes de postgrado y pregrado.

Por otro lado, con mucha alegría también vimos como nuestras expectativas fueron sobrepasadas con creces en, por ejemplos, el número de inscripciones con alojamiento, el número de participantes provenientes de países de la región que al igual que todos nosotros disfrutaron la plataforma en línea.

Al fin ya está. Hemos llegado al 26 de noviembre. Esta nueva edición del CCM está por empezar. Hagan la suya y háganla vivir con su presencia y sus preguntas.

Quisiera finalmente agradecerles a todos ustedes que hacen que el CCM tenga sentido y también a todos las empresas auspiciadoras, el Instituto Francés y la embajada de Francia que de una u otra manera hicieron posible el CCM, permitiéndonos traer hacia ustedes varios de nuestros invitados internacionales.

Gracias a todos aquellos que colaboraron en la construcción del CCM y en especial a Yolanda y José.

**Bienvenidas y Bienvenidos al XXXV Congreso Chileno de Microbiología,**

Dr. Nicolas Guiliani
Presidente SOMICH
2013-2014

Santiago, martes 26 de noviembre 2013

**Presidente**
Dr. Nicolás Guiliani
Departamento de Biología
Facultad de Ciencias
Universidad de Chile.

**Vicepresidente**
Dr. Claudio Martinez
Departamento de Ciencia y Tecnología
de Alimentos / Centro de Estudios en
Ciencia y Tecnología de Alimentos
Universidad de Santiago de Chile.

**Tesorera**
Dra. Cecilia Toro
Instituto de Ciencias Biomédicas
Facultad de Medicina
Universidad de Chile.

**Secretaria**
Dra. Claudia Saavedra
Escuela de Bioquímica
Facultad de Ciencias Biológicas
Universidad Andres Bello.

**Director**
Dr. Omar Orellana
(Presidente 2008-2012)
Programa de Biologia Celular y Molecular
Facultad de Medicina
Universidad de Chile.

**Director**
Dr. Francisco P. Chávez
Departamento de Biología
Facultad de Ciencias
Universidad de Chile

**Director**
Dra. Carola Otth Lagunas
Instituto de Microbiología Clínica,
Facultad de Medicina
Universidad Austral de Chile.

**Director**
Dr. Carlos Blondel
Departamento de Bioquímica y Biología
Molecular. / Facultad de Ciencias
Químicas y Farmaceuticas
Universidad de Chile.

**Director**
Dr. Francisco Remonsellez
Departamento de Ingeniería Química
Facultad de Ingeniería y Ciencias
Geológicas
Universidad Católica del Norte.

## Estimados Participantes:

Como Directorio de la Sociedad de Microbiología de Chile estamos preocupados firmemente en minimizar el impacto de nuestro desempeño en el entorno natural. Adicionalmente queremos generar conciencia entre los miembros de la SOMICH sobre la importancia del cuidado del medioambiente en todas nuestras actividades y particularmente en nuestro congreso anual.

El contar con el libro de resúmenes en formato digital. Nos permitirá contar con una versión actualizada hasta último minuto, incluso generar una versión post-congreso. También les servirá a todos los investigadores y estudiantes para contar con los documentos para rendir en sus respectivos proyectos y becas.

Directorio de la SOMICH
XXXV Congreso Chileno de Microbiología

# PROGRAMA

## Martes 26 Noviembre

| | | |
|---|---|---|
| **14:00 - 18:15** | **Inscripciones** | **Hotel Marbella** |

| | | |
|---|---|---|
| **15:30 - 17:30** | **Workshop** | **Salón Tamayo** |

**La Microbiología más allá del laboratorio: Experiencias de microbiólogos exitosos.**

**Coordinadores: Dr. Roberto Vidal / Dr. Mauricio Farfán**

**15:00 - 15:30** **Dra. Nora Lía Padola** (UNICEN, Argentina) ***Experiencias de una editora de revistas científicas.***

**15:30 - 16:00** **Dr. Alfredo Torres** (The University of Texas Medical Branch, EE.UU.) **Experiencias en la búsqueda de nuevos nichos de investigación.**

**16:00 - 16:30** **Dr. Fernando Navarro** (CINVESTAV-IPN, México). **Experiencias en la dirección de un Centro de Investigación.**

**16:30 - 17:00** **Dr. José Luis Puente** (UNAM, México) **Experiencias de un año sabático en investigación.**

| | | |
|---|---|---|
| **15:30 - 17:30** | **Curso de Microscopía I** | **Salón Tamayo** |

**Coordinador: GENEXPRESS**

**Alejandro Taha** (GENEXPRESS) **Clase básica teórica y práctica de microscopía.**

| | | |
|---|---|---|
| **18:30 - 19:30** | **Conferencia Inaugural** | **Salón Marbella** |

**Presentador: Dr. Nicolas Guiliani**.

**Dr. Franck Molina** (SysDiag, CNRS, Francia). **Systems and synthetic biology inputs to personalized medicine : How are you ? … Ask the bacteria !**

**19:30 - 20:30** **Homenaje SOMICH a la trayectoria en Microbiología: Dr. Carlos A. Jerez** (Universidad de Chile).
**Presentador: Dr. Hector Toledo**

| | | |
|---|---|---|
| **20:30 - 22:00** | **Evento Social (Cóctel de Bienvenida)** | **Hotel Marbella** |

## Martes 26 Noviembre

| | | |
|---|---|---|
| **08:00 - 08:25** | **Inscripciones** | **Hotel Marbella** |

| | | |
|---|---|---|
| **08:30 - 10:35** | **Incorporaciones 1** | **Salón Marbella** |

**Coordinadores: Dra. Rosalba Lagos / Dr. Michael Seeger / Dr. Alejandro Venegas**

**08:30 - 08:55** **Héctor Levipan** (Universidad de Concepción, Chile) **Primer estudio de las bacterias oxidantes de nitrito (bon) que habitan en el Pácifico sur-oriental frente a Concepción (~36° S): evaluando los efectos de la radiación solar.**

**08:55 - 09:20** **Dra. Lillian Acuña** (Fundación Ciencia & Vida, Chile) **Variantes atípicas del sistema de interferencia génica Crispr-cas en la bacteria acidófila de biominería *Acidithiobacillus caldus*.**

**09:20 - 09:45** **Bernardo Collao** (Universidad Andrés Bello, Chile) **El gen *ompW* es regulado positivamente de manera cooperativa por MarA y SoxS en respuesta a menadiona.**

**09:45 - 10:10** **Dra. Paula Bustamante** (Universidad de Chile, Chile) **Sistemas Toxina-Antitoxina como parte del genoma flexible de *Acidithiobacillus ferrooxidans*.**

**10:10 - 10:35** **Dr. Daniel Garrido** (Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile) **Endo-β-N-acetilglucosaminidasas de bifidobacterias intestinales infantiles liberan N-glicanos complejos de glicoproteínas de leche materna.**

**08:30 - 10:35** **Comunicaciones orales 1** **Salón Tamayo**

**Coordinadoras: Dra. Carola Otth / Dra. Claudia Saavedra**

**08:30 - 08:50** **Yoanna Eissler** (Universidad de Valparaíso, Chile) **Presencia de virus en micro ambientes diversos en el Salar de Huasco y su rol potencial sobre la vida microbiana.**

**08:50 - 09:10** **María Estrella Alcamán** (Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile) **Diazotrofía en tapetes microbianos del sistema hidrotermal Porcelana (Región de Los Lagos): diversidad, tasas de fijación de nitrógeno, patrón de expresión diario (nifH) y actividad nitrogenasa.**

**09:10 - 09:30** **Claudia Zapata** (Universidad de Santiago de Chile, Chile) **Funcionalidad de las peroxidasas Dyp y citocromo c peroxidasa en *Leptospirillum* spp.**

**09:30 - 09:50** **Tania Henríquez** (Universidad de Chile, Chile) **Expresión génica de IFI27 y MMP9 en lactantes con bronquiolitis grave y leve causada por la infección con virus respiratorio sincicial.**

**09:50 - 10:10** **Carlos Gil-Durán** (Universidad de Santiago de Chile, Chile) **Caracterización de un micovirus de doble hebra de RNA (dsRNA) en *Penicillium roqueforti* cepa pga1$^{G42R}$.**

**10:10 - 10:30** **Tamara Vera** (Universidad Austral de Chile, Chile) **Expresión génica diferencial en *Piscirickettsia salmonis*: un análisis proteómico y transcriptómico.**

**10:35 - 11:00** **Pausa Café** **Patio del Sol**

**11:00 - 13:00** **Simposio 1. Latin American Coalition for *Escherichia coli* Research (LACER)** **Salón Marbella**

**Coordinadores: Dr. Roberto Vidal / Dr. Mauricio Farfán**

**11:00 - 11:30** **Dra. Nora Lía Padola** (UNICEN, Argentina) ***E. coli* productora de toxina Shiga: Pasado, Presente y Futuro.**

**11:30 - 12:00** **Dr. Alfredo Torres** (The University of Texas Medical Branch, EE.UU.) **Modelos animales para el estudio de *E. coli* patogénicas.**

**12:00 - 12:30** **Dr. Fernando Navarro** (CINVESTAV-IPN, México). **¿Es real que *Escherichia coli* enteropatogénica no produce toxinas?: EspC una proteína autotransportadora de *E. coli* enteropatogénica (EPEC).**

**12:30 - 13:00** **Dr. José Luis Puente** (UNAM, México) **Regulación génica y patogenicidad bacteriana.**

**11:00 – 13:00** **Simposio 2. Modelos de persistencia viral** **Salón Tamayo**

**Coordinadora: Dra. Carola Otth**

**11:00 - 11:30** **Dra. Gloria Arriagada** (Universidad Andrés Bello, Chile). **En la busqueda de proteinas celulares que interaccionan con el complejo de pre-integracion del virus Moloney Murine Leukemia.**

**11:30 - 12:00** **Dr. Rodrigo Villanueva** (Universidad Andrés Bello). **Replicación de un clon molecular del virus de la hepatitis B crónico, genotipo F, y el rol potencial de la fosforilación de HBx**.

**12:00 - 12:30** **Dra. Carola Otth** (Universidad Austral de Chile, Chile) **La proteina quinasa AMPK es modulada diferencialmente durante la infección neuronal con virus herpes simplex tipo 1**.

**12:30 - 13:00** **Dr. Matías Ostrowski** (Universidad de Buenos Aires, Argentina). **Rab27a controla el tráfico de Gag y el ensamblado del VIH en macrófagos y linfocitos T CD4$^+$**.

| | | |
|---|---|---|
| **13:00 - 14:30** | **Almuerzo** | **Hotel Marbella** |
| **14:30 - 15:30** | **Conferencia Plenaria 1.** | **Salón Marbella** |
| | **Presentador: Dr. Alexis Kalergis.** | |
| | **Dr. Roy Curtis III** (Arizona State University, EE.UU.) **New redesign of recombinant attenuated *Salmonella* vaccines.** | |
| **15:30 - 17:30** | **Simposio 3. Microbiología de levaduras: Acortando la brecha entre genotipo y fenotipo** | **Salón Marbella** |
| | **Coordinador: Dr. Claudio Martínez** | |
| **15:30 - 16:00** | **Dr. José Miguel Guillamón** (IATA, España) **Análisis fenotípico y genotípico de levaduras vínicas comerciales en la utilización de diferentes fuentes de nitrógeno durante la fermentación alcohólica.** | |
| **16:00 - 16:30** | **Dr. Francisco Cubillos** (Universidad de Santiago de Chile, Chile). **QTL mapping in multi-parent populations in budding yeast.** | |
| **16:30 - 17:00** | **Dra. Francisca Randez-Gil** (IATA, España) **La respuesta a frío: mecanismos, estrategias y dianas para la mejora y selección de cepas de levadura de panadería.** | |
| **17:00 - 17:30** | **Dr. Verónica García** (Universidad de Santiago de Chile, Chile) **Consumo de nitrógeno durante la fermentación alcohólica, un rasgo complejo.** | |
| **15:30 - 17:30** | **Simposio 4. Microorganismos y función ecosistémica** | **Salón Tamayo** |
| | **Coordinadora: Dra. Cristina Dorador** | |
| **15:30 - 16:00** | **Dr. Johannes F. Imhoff** (University of Kiel, Alemania) **Genetic analysis of functional bacterial groups.** | |
| **16:00 - 16:30** | **Dra. Pilar Junier** (University of Neuchatel, Suiza) **Fungal control of dispersion and activity of bacteria in unsaturated environments.** | |
| **16:30 - 17:00** | **Dra. Verónica Molina** (Universidad de Playa Ancha, Chile) **Microorganismos "en acción" en ecosistemas acuáticos: múltiples aproximaciones.** | |
| **17:00 - 17:30** | **Dra. Cristina Dorador** (Universidad de Antofagasta, Chile) **Rol funcional de la Biósfera rara en ambientes extremos.** | |
| **17:30 - 19:30** | **Sesión de Paneles 1 y Pausa Café** | **Patio del Sol** |
| **19:30 - 20:30** | **Conferencia Plenaria 2** | **Salón Marbella** |
| | **Presentadora: Dra. Cristina Dorador** | |
| | **Dr. Johannes F. Imhoff** (University of Kiel, Alemania) **New drugs from marine microbes.** | |

## Jueves 28 Noviembre

| | | |
|---|---|---|
| **08:00 - 08:25** | **Inscripciones** | **Hotel Marbella** |
| **08:30 - 10:35** | **Incorporaciones 2** | **Salón Marbella** |
| | **Coordinadores: Dra. Rosalba Lagos / Dr. Michael Seeger / Dr. Alejandro Venegas** | |
| **08:30 - 08:55** | **Dr.a Fernando Gil** (Universidad Andrés Bello, Chile) **El sistema de dos componentes BaeSR de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium regula positivamente a *sodA* en respuesta a ciprofloxacino.** | |

| | | |
|---|---|---|
| **08:55 - 09:20** | **Katherine Evert** (Universidad Autonoma de Barcelona, España) **Efecto de la alta presión hidrostática sobre *Listeria* spp. inoculada en un queso fresco comercial.** | |
| **09:20 - 09:45** | **David Montero** (Universidad de Chile, Chile) **Identificación de antígenos inmunogénicos asociados a la membrana externa de *Escherichia Coli* productor de shigatoxina (STEC) usando inmunoproteómica.** | |
| **09:45 - 10:10** | **Dra. Beatriz Camara** (Universidad Técnica Federico Santa María, Chile) **Inhibición de la RNA polimerasa de *Escherichia coli* por una proteína Gp2, derivada del bacteriófago T7, mediante la desestabilización del complejo transcripcionalmente competente.** | |
| **10:10 - 10:35** | **Dr. Andrés Marcoleta** (Universidad de Chile, Chile) **Agregación amiloide, modificación post-traduccional y actividad antibacteriana del péptido microcina E492.** | |
| **08:30 - 10:35** | **Comunicaciones orales 2** | **Salón Tamayo** |
| | **Coordinadores: Dra. Cecilia Toro / Dr. Nicolas Guiliani** | |
| **08:30 - 08:50** | **Carolina Ortiz** (Universidad de Chile, Chile) ***Neisseria gonorrhoeae* induce un fenotipo tolerogénico en macrófagos humanos derivados de monocitos.** | |
| **08:50 - 09:10** | **Geraldyne Salazar** (Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile) **Actividades intracelular de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium en fagocitos de ratón IL-10$^{-/-}$.** | |
| **09:10 - 09:30** | **Yerko Argandoña** (Universidad de Chile, Chile) **Caracterización de la regulación de los genes *mceBA* del sistema productor de Microcina E492.** | |
| **09:30 - 09:50** | **Patricia Díaz** (Universidad de Chile, Chile) **Efecto de carbohidratos dietarios en la resistencia a sales biliares de cepas chilenas de *Campylobacter jejuni*.** | |
| **09:50 - 10:10** | **Paulina Calderón** (Universidad Andrés Bello, Chile) **Identificación de blancos para los sRNAs RyhB1 y RyhB2 de Salmonella Typhimurium bajo condiciones de estrés nitrosativo y carencia de hierro** | |
| **10:10 - 10:30** | **Ronald Jara** (Universidad Austral de Chile, Chile) **Caracterización taxonómica de una nueva Epsilon proteobacteria perteneciente al género *Helicobacter*.** | |
| **10:35 - 11:00** | **Pausa Café** | **Patio del Sol** |
| **11:00 - 13:00** | **Simposio 5. Nuevos desafíos en metagenomas y microbiomas** | **Salón Marbella** |
| | **Coordinador: Dr. Jorge Valdés** | |
| **11:00 - 11:30** | **Dr. Jorge Valdés** (Fraunhofer Chile Research, Chile). **An integrated approach to decipher community structure and ecophysiology in extreme acidic environments: from pan- to metagenomes**. | |
| **11:30 - 12:00** | **Dr. Patrick Chain** (Los Alamos National Labs, USA)**. The promise and pitfalls of meta- and single cell genomics.** | |
| **12:00 - 12:30** | **Dr. Robert Gálvez** (Universidad Mayor, Chile). **La relación entre la microbiota intestinal y el sistema de mucosas induce una apropiada colonización bacteriana**. | |
| **12:30 - 13:00** | **Dr. Franck Molina** (SysDIag CNRS, Francia). **Do bacteria control host apetite?** | |
| **11:00 – 13:00** | **Simposio 6. Hantavirus: Novedades moleculares y clínicos.** | **Salón Tamayo** |
| | **Coordinadora: Dra. Nicole Tischler** | |
| **11:00 – 11:30** | **Dra. Marcela Ferrés** (Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile). **Andes virus and transmission mechanism between humans.** | |

| | | |
|---|---|---|
| **11:30 - 12:00** | **Dra. Nicole Tischler** (Fundación Ciencia & Vida, Chile). **Glicoproteínas de los hantavirus: llaves para la entrada y salida de células**. | |
| **12:00 - 12:30** | **Dr. Jonas Klingström** (Karolinska University Hospital and Swedish Institute for Communicable Disease Control, Suecia) **Hantavirus, NK cells and endotelial cells: who kills whom?** | |
| **12:30 - 13:00** | **Dr. Francisca Valdivieso** (Clínica Alemana y Universidad del Desarrollo, Chile). **Experiencias y desafíos en estudios clínicos de tratamiento para la enfermedad por hantavirus.** | |
| **13:00 – 14:30** | **Almuerzo** | **Hotel Marbella** |
| **14:30 - 15:30** | **Conferencia Plenaria 3** | **Salón Marbella** |
| | **Presentador: Dr. Michael Seeger** | |
| | **Dra. Inés Contreras** (Universidad de Chile, Chile) **El lipopolisacárido: más que una endotoxina.** | |
| **15:30 - 17:30** | **Simposio 7. Modelos biológicos simples para el estudio de interacciones microbiológicas** | **Salón Marbella** |
| | **Coordinador: Dr. Francisco P. Chávez** | |
| **15:30 - 16:00** | **Dr. Francisco P. Chávez** (Universidad de Chile, Chile) ***Dictyostelium discoideum*** **y el pez cebra como modelos para el estudio de la interacción patógeno-hospedero.** | |
| **16:00 - 16:30** | **Dr. Mark Alkema** (University of Massachusetts, EE.UU.) **Hongos carnívoros modulan la respuesta de escape del nemátodo *Caenorhabditis elegans*.** | |
| **16:30 - 17:00** | **Dra. Andrea Calixto** (Universidad Mayor, Chile) **Diapausa inducida por patógenos bacterianos es un mecanismo transgeneracional de defensa en el nemátodo *Caenorhabditis elegans*.** | |
| **17:00 - 17:30** | **Dr. Bernardo González** (Universidad Adolfo Ibañez, Chile) **Explorando las interacciones planta – bacteria mediante el sistema modelo Arabidopsis thaliana y dos Burkholderiales (*Burkholderia phytofirmans* PsJN and *Cupriavidus pinatubonensis* JMP134).** | |
| **15:30 - 17:30** | **Simposio 8. Nuevas generaciones de científicos chilenos** | **Salón Tamayo** |
| | **Coordinador: Dr. Francisco Remonsellez** | |
| **15:30 - 16:00** | **Dra. Jennifer Alcaino** (Universidad de Chile, Chile). **Biosíntesis de isoprenoides en *Xanthophyllomyces dendrorhous*.** | |
| **16:00 - 16:30** | **Dr. Alvaro Orell** (Universidad de Chile, Chile). **Regulatory insights into biofilm formation of Archaea. Functional studies of the first identified archaeal biofilm transcriptional regulator AbfR1 in *Sulfolobus acidocaldarius*.** | |
| **16:30 - 17:00** | **Dr. Pablo Gonzalez** (Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile) **Nuevas estrategias para combatir el virus herpes simplex 2.** | |
| **17:00 - 17:30** | **Dr. Hugo Tobar** (Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile) **Escisión de ROD21 y su impacto en la virulencia de *Salmonella* Enteritidis.** | |
| **17:30 - 19:30** | **Sesión de Paneles 2 y Pausa Café** | **Patio del Sol** |

| | | |
|---|---|---|
| **19:30 - 20:30** | **Conferencia plenaria 4** | **Salón Marbella** |

**Presentador: Dr. Nicolas Guiliani**

**Dr. Juan Asenjo** (Universidad de Chile, Chile) **Modelling the fermentation of yeast with gene regulation; *in vivo* determination of rate parameters.**

| | | |
|---|---|---|
| **20:45 - 22:00** | **Reunión de Socios** | **Salón Tamayo** |

## Viernes 29 Noviembre

| | | |
|---|---|---|
| **08:00 - 08:25** | **Inscripciones** | **Hotel Marbella** |
| **08:30 - 10:30** | **Comunicaciones orales 3** | **Salón Marbella** |

**Coordinadores: Dr. Francisco Remonsellez / Dr. Francisco Chávez**

**08:30 - 08:50** **Felipe Cardenas** (Universidad Austral de Chile, Chile) **Efecto del virus IPN en la expresión de mediadores de la respuesta inmune innata en Salmo salar.**

**08:50 - 09:10** **Nelson Peña** (Universidad de Chile, Chile) **Detección de daño genético en células pulmonares que expresan ectópicamente E6 y E7 de virus papiloma humano tipo 16 y expuestas a condensado de humo de cigarrillo.**

**09:10 - 09:30** **Sonja Hebel** (Universidad de Concepción, Chile) **Efecto letal de *Gunnera Tinctoria* (NALCA) sobre *Helicobacter pylori.***

**09:30 - 09:50** **Cecilia Silva** (Universidad de Chile, Chile) **Identificación de nuevos genes involucrados en la colonización sistémica de *Salmonella* Typhimurium en ratones BALB/c.**

**09:50 - 10:10** **Paulina Aguayo** (Universidad de Concepción, Chile) **Contaminación de lagos patagónicos por compuestos orgánicos tóxicos: efectos sobre la diversidad genética y metabólica de la comunidad bacteriana.**

**10:10 - 10:30** **Andrés Fuentes** (Universidad Mayor, Chile) **Somos lo que comemos: Influencia directa de la dieta sobre la neurodegeneración en el nemátodo bacterivoro *Caenorhabditis elegans*.**

| | | |
|---|---|---|
| **08:30 - 10:30** | **Comunicaciones orales 4** | **Salón Tamayo** |

**Coordinadores: Dr. Nicolas Guiliani / Dr. Omar Orellana**

**08:30 - 08:50** **Sebastián Fuentes** (Universidad Técnica Federico Santa María, Chile) **Análisis multivariado de comunidades microbianas de suelos del estuario del río Aconcagua y su dinámica ante impacto por hidrocarburos mediante DGGE y secuenciación masiva.**

**08:50 - 09:10** **Rodrigo Flores** (Universidad de Chile, Chile) **Análisis de la expresión y del uso de codón en el elemento integrativo conjugativo ICEAfe1 de *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270.**

**09:10 - 09:30** **Sebastian Araos** (Universidad de Santiago de Chile, Chile) **Identificación de las regiones del genoma responsables de la variación natural en los procesos fermentativos en *Saccharomyces cerevisiae*.**

**09:30 - 09:50** **Mauricio Nuñez** (Universidad Católica de Valparaíso, Chile) **Nuevos determinantes de resistencia a cobre en el metagenoma de suelos contaminados.**

**09:50 - 10:10** **Karen Navarro** (Universidad de Concepción, Chile) **Detección molecular de bacteriocinas en *Lactobacillus salivarius* UCO_979C, con efecto inhibitorio sobre *Helicobacter pylori*.**

**10:10 - 10:30** **Natalia Segovia** (Universidad de la Serena, Chile) **Evaluación de promoción de crecimiento vegetal por bacterias rizosféricas con actividad ACC-Desaminasa, provenientes de suelos de la región de Coquimbo, Chile.**

| | | |
|---|---|---|
| **10:30 - 11:00** | **Pausa Café** | **Patio del Sol** |
| **11:00 - 13:00** | **Simposio 9. Microbiología de los Océanos** | **Salón Marbella** |
| | **Coordinador: Dr. Alejandro Murillo** | |
| **11:00 - 11:30** | **Dr. Osvaldo Ulloa** (Universidad de Concepción, Chile) **Oceanografía microbiana de aguas deficientes de oxígeno.** | |
| **11:30 - 12:00** | **Dr. Peter von Dassow** (Pontificia Universidad Católica de Chile) **Cambios en el genoma, el ciclo de vida, y la morfología de fitoplancton cosmopolita, *Emiliania huxleyi*, estarían relacionados con la productividad y variabilidad de ambientes oceánicos.** | |
| **12:00 - 12:30** | **Dra. Alejandro Murillo** (Universidad de Concepción, Chile) **Reconstrucción metabólica en una zona costera deficientes en oxígeno: de las Meta – ómicas a los experimentos de incubación.** | |
| **12:30 - 13:00** | **Dr. Juan Ugalde** (Scripps Institution of Oceanography, UC San Diego, EE.UU.) **Uso de genómica y metagenómica para estudiar la historia evolutiva y adaptación ambiental en microorganismos.** | |
| **11:00 - 13:00** | **Simposio 10. Homeastasis redox y respuesta antioxidante en bacterias** | **Salón Tamayo** |
| | **Coordinadora: Dra. Gloria Levican** | |
| **11:00 - 11:30** | **Dr. Claudio Vasquez** (Universidad de Santiago de Chile, Chile) **La reducción de telurito ($Te^{+4}$) a su forma elemental ($Te^{0}$) como mecanismo de resistencia de *Escherichia coli* al tóxico.** | |
| **11:30 - 12:00** | **Dr. Eduardo Lissi** (Universidad de Santiago, Chile) **Modificación oxidativa de proteínas.** | |
| **12:00 - 12:30** | **Dra. Claudia Saavedra** (Universidad Andrés Bello, Chile) **Reguladores no convencionales involucrados en la respuesta ROS: Rol de los factores transcripcionales ArcA y SlyA.** | |
| **12:30 - 13:00** | **Dr. Michael Seeger** (Universidad Técnica Federico Santa María, Chile) **El estrés oxidativo en bacterias y sus nuevas terapias.** | |
| **13:00 – 14:30** | **Almuerzo** | **Hotel Marbella** |
| **14:30 - 15:30** | **Conferencia plenaria 5** | **Salón Marbella** |
| | **Presentador: Dr. Jorge Valdés** | |
| | **Dr. Patrick Chain** (Los Alamos National Laboratories, EE.UU.) **Sequencing microbes using next-generation platforms: Issues in data analysis and interpretation.** | |
| **15:30 - 17:30** | **Mesa Redonda. Ciencias, Comunicación y Ciudadanía** | **Salón Marbella** |
| | **Coordinadores: Dr. Carlos Blondel / Dr. Nicolas Guiliani** | |
| **15:30 - 15:50** | **Alberto Mayol** (Universidad de Chile, Chile). **Ciencia: rutas de emancipación y autoritarismo.** | |
| **15:50 - 16:10** | **Claudio Gutiérrez** (Universidad de Chile, Chile). **Importancia del acceso a datos abiertos para la ciencia en Chile**. | |
| **16:10 - 16:30** | **Raimundo Roberts** (ACHIPEC). **Periodismo científico y Divulgación en Chile: avances y desafíos**. | |
| **16:30 - 16:50** | **Dra. María José Gallardo** (Más Ciencias para Chile). **Llevando la ciencia a la ciudadanía.** | |
| **16:50 - 17:10** | **Dr. José Manuel Pérez** (Universidad Andrés Bello, Chile)**. Uso del modelo bacteriano para la enseñanza escolar de Ciencias: enseñando Microbiología desde la Antártica.** | |
| **17:30 - 19:30** | **Sesión de Paneles 3 y Pausa Café** | **Patio del Sol** |

| | | |
|---|---|---|
| **19:30 - 20:30** | **Conferencia plenaria 6** | **Salón Marbella** |

**Presentador**: Dr. Francisco P. Chávez

**Dr. Guido Garay** (Universidad de Chile, Chile). **De la Astrofísica a la Astrobiología.**

| | | |
|---|---|---|
| **21:00-** | **Evento Social (Cena de Gala y Fiesta)** | **HMR** |

## Sábado 30 Noviembre

| | | |
|---|---|---|
| **09:30 - 11:30** | **Simposio 11. OMICS** | **Salón Marbella** |

**Coordinador: Dr. Francisco Remonsellez**

**09:30 - 10:00** **Dr. Francisco Remonsellez** (Universidad Católica del Norte, Chile). **Búsqueda de mecanismos de osmoadaptación en la bacteria halotolerante *Exiguobacterium* sp. mediante el uso de herramientas OMICS.**

**10:00 - 10:30** **Dra. Silvia Cardona** (University of Manitoba, Canada). **Genomic tools to profile antibiotic mode of action.**

**10:30 - 11:00** **Dr. Romilio Espejo** (Universidad de Chile, Chile). **La rápida evolución de *Vibrio parahaemolyticus* en Chile se produjo principalmente por transferencia horizontal.**

**11:00 - 11:30** **Dr. Manfred Höfle** (Helmholtz Center for Infection Research, Alemania) ***Legionella* populations in freshwater systems: clonal structure and ecology of a waterborne pathogen.**

| | | |
|---|---|---|
| **09:30 - 11:30** | **Simposio 12. Seguridad Alimentaria. *Vibrio parahaemolyticus*: podemos medir su riesgo?** | **Salón Tamayo** |

**Coordinadora: Vivian Cachicas**

**09:30 - 10:00** **Dr. Iddia Karunasagar** (Food and Agriculture Organization, Regional Office for Latin America and the Caribbean). **Mirada Global de Seguridad Alimentaria en los productos del mar**

**10:00 - 10:30** **Vivian Cachicas** (Instituto de Salud Pública, Chile). **Long-term study on *Vibrio parahaemolyticus* prevalence in chilean shellfish.**

**10:30 - 11:00** **Dra. Jessica L. Jones** (Food and Drug Administration, USA). ***Vibrio parahaemolyticus* virulence markers and relationship to risk.**

**11:00 - 11:30** **Dr. Mitsuaki Nishibuchi** (Universidad de Kioto, Japón). **Food poisoning: importance of an international perspective.**

| | | |
|---|---|---|
| **11:30 - 12:30** | **Conferencia plenaria 7.** | **Salón Marbella** |

**Presentador: Dr. Aldo Gaggero**

**Dr. Arturo Ferreira** (Universidad de Chile, Chile) **El sistema del complemento y moléculas relacionadas, en la interacción hospedero/*Trypanosoma cruzi*.**

| | | |
|---|---|---|
| **12:30 - 13:30** | **Ceremonia de Clausura.** | **Salón Marbella** |

**Premios a los mejores paneles, mejor comunicación libre y mejor incorporación.**

## Sesión de Paneles I 27/11 17h30-19h30 Patio del Sol

| Nº | Autor | Titulo |
|---|---|---|
| **Biología Molecular y Celular de Eucariontes** | | |
| **BMC-1** | **Aguilera O.** | Efecto gen ICY1 en el consumo de nitrógeno durante la fermentación y en el crecimiento en condiciones no fermentativas. |
| **BMC-2** | **Castillo L.** | Contribución del gen PMT4 en la morfogénesis y virulencia del hongo fitopatógeno *Botrytis cinerea*. |
| **BMC-3** | **Castro M.** | Synthesis of silver nanoparticles mediated by *Botrytis cinérea*. |
| **BMC-4** | **Lagues Y.** | Efecto del gen PMR1 en la virulencia y esporulación del hongo fitopatógeno *Botrytis cinérea*. |
| **BMC-5** | **Molinet J.** | Discriminación de híbridos de *Saccharomyces cerevisiae* para la implementación de programas de mejoramiento genético. |
| **BMC-6** | **Romero I.** | Clonamiento, expresión heteróloga y medición de actividad prenil transferasa de las proteínas codificadas por los genes *fps* y *crtE* de *Xanthophyllomyces dendrorhous*. |
| **Evolución y Genómica Microbiana** | | |
| **EGM-1** | **Castillo A.** | Estudio de las proteínas involucradas en la integración y escisión de un elemento integrativo conjugativo de *Acidithiobacillus ferrooxidans*. |
| **EGM-2** | **Garcia R.** | Análisis filogenómico del complejo heterodisúlfuroreductasa (HdrABC) en genomas microbianos . |
| **EGM-3** | **González C.** | Análisis de genómica comparativa del género *Acidithiobacillus* para comprender su relación evolutiva. |
| **EGM-4** | **Hernández M. F.** | Efecto del sistema de dos componentes PhoP/PhoQ en la resistencia a peróxido de hidrógeno mediada por RpoS en *Salmonella* enterica serovar Typhi y *Salmonella* enterica serovar Typhimurium.. |
| **EGM-5** | **Martínez C.** | Evaluación enológica en mutantes ICY1 y ATO2 de cepas vínicas de *Saccharomyces cerevisiae* en mosto con bajo nitrógeno. |
| **EGM-6** | **Kessi E.** | Fenotipificación de resistencia a fungicidas en aislados nativos de *Saccharomyces cerevisiae*. |
| **EGM-7** | **Nuñez G.** | Caracterización de la isla genómica que contiene al sistema productor del péptido antibacteriano microcina E492 en *Klebsiella pneumoniae* RYC492. |
| **EGM-8** | **Ortega A.** | Pseudogenización de *marT* en *Salmonella* Typhi favorece la resistencia al estrés oxidativo dado por $H_2O_2$. |
| **EGM-9** | **Retamal P.** | Filogenia de *Salmonella enterica* a través del análisis de una secuencia parcial del gen *rpoB*. |
| **EGM-10** | **Salgado O.** | Análisis de la diversidad genética de *Arcobacter cryaerophilus* mediante tipificación por secuenciación de múltiples loci (MLST). |
| **EGM-11** | **Trombert N.** | Uso de RNA-Seq para el estudio de genes diferencialmente expresados en *C. elegans* infectado con *Salmonella* Typhi o *Salmonella* Typhimurium: Implicancias en la interacción hospedero-patógeno. |
| **EGM-12** | **Ugalde J.** | Genómica comparativa en la clase *Acidithiobacillia*: pan-genómica, presión selectiva y transferencia horizontal de genes. |
| **EGM-13** | **Urrutia I.** | ShdA participa en la Adherencia-Invasión en el proceso infectivo de *Salmonella* Typhi en células humanas HEp-2. |
| **EGM-14** | **Valenzuela L.** | Efecto del gen *sopE2* de *Salmonella* Typhimurium en la interacción de *Salmonella* Typhi con células epiteliales intestinales HEp-2. |
| **EGM-15** | **Valenzuela L.** | Efecto del gen *sopA* de *Salmonella* Typhimurium en la interacción de *Salmonella* Typhi con monocitos humanos U937. |
| **Fisiología y Metabolismo Microbiano** | | |
| **FIM-1** | **Aguilar P.** | Identificación y caracterización de la cepa halotolerante *Exiguobacterium sp*. aislada desde el Salar de Huasco. |
| **FIM-2** | **Aguilera P.** | Estudio de la formación de amiloides intracelulares del péptido antibacteriano Microcina E492. |

| | | |
|---|---|---|
| **FIM-3** | **Garcias H.** | Un riboswitch regula la expresión de una tirosil-tRNA sintetasa de *Acidithiobacillus ferrooxidans*. |
| **FIM-4** | **Castro M.** | Reconstrucción bioinformática de la vía del c-di-GMP en el genoma flexible de bacterias del género *Acidithiobacillus*. |
| **FIM-5** | **Castro J.** | Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianos (CChRGM), primer Banco para el resguardo del patrimonio microbiano de Chile y única autoridad internacional de depósito (IDA) de Latinoamérica. |
| **FIM-6** | **Espinoza M.** | Los factores transcripcionales ArcA y MarA modulan positivamente la expresión de ompX de *Salmonella* entérica serovar Typhimurium frente a peróxido de hidrógeno. |
| **FIM-7** | **Fuentealba P.** | Primera formulación de medio mínimo definido para crecer Piscirickettsia salmonis: caracterización cinética del cultivo. |
| **FIM-8** | **Fuentes A.** | Somos lo que comemos: Influencia directa de la dieta sobre la neurodegeneración en el nemátodo bacterivoro *Caenorhabditis elegans*. |
| **FIM-9** | **Gómez P.** | Variabilidad en la Capacidad de Formación de Biofilms por cepas de *Bacillus thuringiensis*. |
| **FIM-10** | **Lefimil C.** | Homeostasis de hierro en *Lactobacillus casei*, una bacteria asociada a caries dental. |
| **FIM-11** | **Lozano C.** | Efecto del ácido láctico producido por *Lactobacillus casei* en la viabilidad y producción de $H_2O_2$ en *Streptococcus sanguinis*. |
| **FIM-12** | **Luraschi R.** | Regulación de *ompS1* y *ompS2* de *Salmonella* entérica serovar Typhimurium en respuesta a estrés oxidativo. |
| **FIM-13** | **Paillavil B.** | Identificación y caracterización del sistema ISC involucrado en la síntesis y ensamblaje de clusters [Fe-S] en *Leptospirillum rubarum*. |
| **FIM-14** | **Reyes A.** | Efecto del estrés térmico y otros factores estresantes en cepas locales de *L. monocytogenes* aisladas de diferentes matrices alimentarias. |
| **FIM-15** | **Rivas L.** | Caracterización fenotípica y genotípica de cepas de *Shigella sonnei* fermentadoras de lactosa aisladas de brotes de diarrea en dos regiones de Chile. |
| **FIM-16** | **Rivera J.** | La cobalamina aumenta la actividad de enzimas antioxidantes en la bacteria acidófila *Leptospirillum rubarum*. |
| **FIM-17** | **Salinas H.** | Identificación del regulón de SlyA y su requerimiento en la respuesta a peróxido de hidrógeno. |
| **FIM-18** | **Urrejola C.** | Estudio morfológico del ciclo de vida y de las adaptaciones asociadas a la desecación de una cianobacteria del orden *chroococcales* del desierto de atacama. |
| **FIM-19** | **Valdivia M.** | Caracterización de la reducción extracelular de telurito y/o cobre por *Shewanella antártica* CH. |

## Micología

| | | |
|---|---|---|
| **MIC-1** | **Carrasco D.** | Caracterización fenotípica y genotípica de levaduras aisladas desde el intestino de peces de interés comercial en Chile. |
| **MIC-2** | **Castillo P.** | Identificación genotípica y susceptibilidad frente a antifúngicos de cepas de *Cryptococcus* sp. Aisladas en la ciudad de Talca. |
| **MIC-3** | **Chávez D.** | Competencia *in vitro* entre el hongo comestible *Lactarius quieticolor* y *Rhizopogon roseolus*. |
| **MIC-4** | **Espinoza C.** | Aislamiento e identificación de *Malassezia* spp. en pacientes con pitiriasis versicolor en la ciudad de Talca. |
| **MIC-5** | **Gómez L.** | PCR-anidada para la búsqueda de *Histoplasma capsulatum* en abonos y enmiendas orgánicas. |
| **MIC-6** | **Toledo A.** | Producción de agentes quelantes de metal por los hongos ectomicorrícicos *Suillus luteus* y *Rhizopogon roseolus*. |
| **MIC-7** | **Villarreal P.** | Tolerancia al frío de diferentes especies de levaduras antárticas. |
| **MIC-8** | **Garcia R.** | La subunidad Gαl de una proteína G heterotrimérica interviene en la regulación del desarrollo y la producción de proteasas en *Penicillium camemberti*. |

## Patogénesis bacteriana

| | | |
|---|---|---|
| **PBA-1** | **Álvarez S.** | Regulación oxígeno dependiente de la distribución de largos de cadena del antígeno-O en *Salmonella enterica* serovar Enteritidis. |
| **PBA-2** | **Del Canto F.** | Distribución de factores de virulencia e identificación de nuevas adhesinas en cepas de *Escherichia coli* enterotoxigénica obtenidas desde países en desarrollo. |
| **PBA-3** | **Di Paolo J.** | Efecto del bismuto sobre estructuras de superficie y proteínas de membrana externa en cepas *Escherichia coli* enteropatógenas y shigatoxigénica. |
| **PBA-4** | **Izquierdo M.** | Participación de la integrina α5β1 en la adhesión mediada por fibronectina de cepas de *Escherichia coli* enteroagregativas a células en cultivos. |
| **PBA-5** | **Lagos F.** | Análisis de expresión de genes contenidos en islas de patogenecidad de cepas de *Piscirickettsia salmonis*. |
| **PBA-6** | **Migliore L.** | Desarrollo de un método de detección, aislamiento e identificación de *Escherichia coli* shigatoxigénica no-0157 en muestras de carne picada. |
| **PBA-7** | **Molina R.** | Caracterización de los mecanismos moleculares involucrados en el incremento de la virulencia de *Salmonella* Typhimurium en respuesta a concentraciones subletales de cefotaxima . |
| **PBA-8** | **Ortiz J.** | Estudios de virulencia y letalidad en el pez cebra (*Danio rerio*) en cepas evolucionadas de un mutante ΔphoU de *Pseudomonas aeruginosa* PA14 |
| **PBA-9** | **Pezoa D.** | Participación de los sistemas de secreción tipo VI en la virulencia de *Salmonella entérica*. |
| **PBA-10** | **Rodríguez L.** | Mutantes en *waaC* producen mayor liberación de HlyE en *Salmonella enterica* serovar Typhi. |
| **PBA-11** | **Rodríguez L.** | Regulación de OmpA y su rol en la exportación de HlyE de *Salmonella enterica* serovar Typhi. |
| **PBA-12** | **Santander J.** | Desarrollo y aplicación del modelo de "loop" intestinales en bagre para estudiar modificaciones del lipopolisacárido de *Edwardsiella ictaluri*. |
| **PBA-13** | **Santander J.** | Virulencia bacteriana y diseño de vacunas orales contra múltiples patógenos de peces; ejemplo en el Bagre. |
| **PBA-14** | **Tomat D.** | Evaluación de la actividad lítica de fagos de *Echerichia coli* frente a condiciones fisicoquímicas encontradas en alimentos. |
| **PBA-15** | **Miranda A.** | Caracterización de la isla de patogenicidad SRL en cepas chilenas de *Shigella* spp. |
| **PBA-16** | **Torres E.** | Influencia del grado de polimerización de procianidinas tipo-B aisladas de cáscara de manzana (Malus domestica) sobre la actividad ureásica de *Helicobacter pylori* . |
| **PBA-17** | **Valenzuela C.** | Comparación a escala genómica de los genes requeridos para la colonización sistémica por cuatro serovares de Salmonella *enterica* en un modelo murino de salmonelosis. |
| **PBA-18** | **Yañez D.** | Participación de la fibronectina en la adhesión y respuesta inflamatoria inducida por *Escherichia coli* diarreogénicas sobre células en cultivo. |

## Virología

| | | |
|---|---|---|
| **VIR-1** | **Pérez R.** | Secuenciación Masiva de virus Andes en reservorio y pacientes. |
| **VIR-2** | **Arrancibia Y.** | La proteína de tegumento VP11/12 del herpes simplex virus tipo 1 altera la distribución y morfología del aparato de Golgi. |
| **VIR-3** | **Cabellos C.** | Inactivación del virus de influenza A en un modelo murino. |
| **VIR-4** | **Cachicas V.** | Detección de Genotipos de Norovirus NoV de muestras de agua asociado a gastroenteritis de la ciudad de Ovalle, Chile 2013. |
| **VIR-5** | **Cárdenas F.** | Efecto del virus IPN en la expresión de mediadores de la respuesta inmune en Salmo salar. |
| **VIR-6** | **Carillo D.** | Extracción y purificación de proteína recombinante E6 de Virus Papiloma Humano tipo 16 desde *E. coli* BL21-DE3 y *E. coli* BL21-DE3 codon plus para la producción de un anticuerpo policlonal anti E6. |
| **VIR-7** | **Díaz A.** | Caracterización de las regiones no-codificantes de ISAV: identificación de sitios de unión a RNA polimerasa y modelo de regulación de la expresión génica. |

| | | |
|---|---|---|
| **VIR-8** | **Eissler Y.** | Comparación de métodos de diagnostico para la detección e identificación del virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPVN) en salmonidos. |
| **VIR-9** | **Elola A.** | Residuos particulares de la región troncal de la proteína Gc determinan la actividad fusogénica del Hantavirus Andes. |
| **VIR-10** | **Galvan M.** | El virus parainfluenza tipo 1 induce la producción de IL-8 epitelial a través de la señalización en p38-MAPK. |
| **VIR-11** | **Garcia F.** | Identificación de las proteínas del complejo de pre-integración del virus de la leucemia murina en modelo de células humanas. |
| **VIR-12** | **Leyton L.** | Modulación del eje AMPK/Sirtuin1 durante infección neuronal con Virus del Herpes Simplex tipo 1. |
| **VIR-13** | **Luchsinger V.** | Diagnóstico de enfermedad por Citomegalovirus (Cmv) en adultos portadores del Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH). |
| **VIR-14** | **Luchsinger V.** | Irrelevancia del procesamiento de la muestra de sangre en la detección de citomegalovirus (CMV) por reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real. |
| **VIR-15** | **Martin C.** | El Herpes Simplex Virus Tipo 1 induce fragmentación del aparato de golgi neuronal via activación de la quinasa SRC. |
| **VIR-16** | **Navarrete A.** | Evaluación de la virulencia de dos aislados del virus de la anemia infecciosa del salmón (ISAv) que difieren en su región HPR. |
| **VIR-17** | **Prades Y.** | Detección de virus respiratorios en adultos con neumonía adquirida en la comunidad mediante inmunofluorescencia, reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real multiplex y luminex® . |
| **VIR-18** | **Salazar N.** | Efecto de proteínas de matriz retrovirales en la formación de VLPs de hantavirus. |
| **VIR-19** | **Villalón F.** | Desestabilización de membranas producida por la región troncal de Gc del hantavirus Andes. |

## Sesión de Paneles II 28/11 17h30-19h30 Patio del Sol

| Nº Biotecnología | Autor | Titulo |
|---|---|---|
| **BTC-1** | **Aburto C.** | Purificación de galacto-oligosacáridos (GOS) mediante fermentación selectiva con levaduras inmovilizadas en una matriz de polivinil-alcohol. |
| **BTC-2** | **Acevedo A.** | Modelación dinámica a escala genómica de cinética de crecimiento celular limitado por oxígeno para optimización de la producción de bioetanol de segunda generación. |
| **BTC-3** | **Aguayo E.** | Crecimiento de hongos tolerantes a cobre y cromo sobre cubos de madera preservados con CCA-C. |
| **BTC-4** | **Almonacid L.** | Bioestimulación y bioaumentación con *Trichoderma harzianum* y *Rizophagus irregularis* como estrategia para la promoción del crecimiento de *Solanum lycopersicum*. |
| **BTC-5** | **Altamirano C.** | Producción de *Piscirickettsia salmonis* en cultivo por lote bajo condiciones controladas . |
| **BTC-6** | **Altamirano C.** | Principales sustratos en medio de cultivo líquido definido (MD) de *Piscirickettsia salmonis*. |
| **BTC-7** | **Arrancibia W.** | Biocontrol de *Sclerotinia* sp. y *Botrytis* sp. mediado por rhizobacterias aisladas desde suelos agricolas de la region de Coquimbo, Chile. |
| **BTC-8** | **Arenas F.** | Búsqueda y caracterización de flavoproteínas de *Escherichia c*oli con actividad telurito reductasa: análisis *in vitro* e *in silico*. |
| **BTC-9** | **Arenas F.** | Participación de los residuos C45A, H322Y y E354K en la actividad telurito reductasa del componente E3 del complejo PDH de *Aeromonas caviae* ST. |
| **BTC-10** | **Arriagada C.** | Selección de hongos As-tolerantes nativos como alternativa de tolerancia a la fitotoxicidad del arsénico. |
| **BTC-11** | **Bustamante M.** | Efecto del mucilago de chía y la temperatura de secado en la sobrevivencia de *Lactobacillus acidophilus* La-05 microencapsulado por secado spray . |
| **BTC-12** | **Cárdenas F.** | Efecto de nuevos flavonoides generados por modificación enzimática sobre el estrés oxidativo en *Burkholderia xenovorans* LB400 . |

| | | |
|---|---|---|
| **BTC-13** | **Cardoso M.** | Uso de cáscaras de plátano hidrolizadas para producción de bioetanol por *Zymomonas mobilis* y *Pichia stipitis*. |
| **BTC-14** | **Castro M.** | Estudio comparativo de los transcriptomas de células adheridas y planctónicas de *Acidithiobacillus ferrooxidans* inducidas por análogos sintéticos de homoserina lactona aciladas. |
| **BTC-15** | **Contreras A.** | Selección de cepas desde matrices ovinas en base a su potencial tecnológico para la elaboración de fermentados ovinos, tipo salame. |
| **BTC-16** | **Cuevas R.** | Biosíntesis extracelular de nanopartículas cobre/óxidos de cobre por el hongo de pudrición blanca *Stereum hirsutum*. |
| **BTC-17** | **Demergasso C.** | Dinámica y filogenia de dos cepas dominantes de *Acidithiobacillus* spp. oxidantes de Fe en el proceso industrial de biolixiviación de Cu de Minera Escondida, Chile. |
| **BTC-18** | **Guerrero C.** | Purificación del medio reaccionado de la síntesis enzimática de galacto-oligosacáridos mediante fermentación selectiva con *Kluyveromyces marxianus*. |
| **BTC-19** | **Marchant F.** | Aproximaciones moleculares para el estudio de comunidades naturales de Bacterias Oxidantes de Nitrito en Salar de Huasco, Altiplano Chileno. |
| **BTC-20** | **Martínez I.** | Producción de Coenzima Q (Ubiquinona) en cepas de *Escherichia coli* modificadas por Ingeniería Metabólica. |
| **BTC-21** | **Muñoz C.** | Expresión heteróloga de péptidos inmunoestimulantes de *Salmo salar* en una bacteria ácido láctica. |
| **BTC-22** | **Rodríguez A.** | Bacterias solubilizadoras de fosfato promotoras del crecimiento vegetal nativas de la zona de La Serena, IV Región de Coquimbo. |
| **BTC-23** | **Valdebenito E.** | Estudio funcional y taxonómico de biopelículas de procariontes hipertermófilos oxidadores de azufre provenientes de ambientes termales. |
| **BTC-24** | **Vera H.** | Predicción de genes involucrados en el metabolismo de ácidos grasos de la microalga *Botryococcus braunii*. |

**Ecología Microbiana y Medio Ambiente**

| | | |
|---|---|---|
| **EMI-1** | **Acosta E.** | Microbiología de la oxidación del azufre en el Salar de Huasco: estudios iniciales. |
| **EMI-2** | **Aguilera P.** | Localización y acumulación de aluminio en plantas de *Triticum aestivum* L. asociadas a hongos micorrícicos arbusculares. |
| **EMI-3** | **Aguilera P.** | Contribución de los hongos micorrícicos arbusculares a las plantas de *Triticum aestivum* L. que crecen en condiciones de fitotoxicidad por aluminio. |
| **EMI-4** | **Alcayaga V.** | Caracterización de las actividades enzimáticas y antimicrobianas de los microorganismos aislados de los distintos estadios del desarrollo de *Octopus Mimus*. |
| **EMI-5** | **Alviz P.** | Vías metabólicas involucradas en la formación de biopelículas en la bacteria *Cupriavidus metallidurans* MSR33 y su potencial efecto en la biorremediación de Mercurio. |
| **EMI-6** | **Barro P.** | Isolation and characterization of endophytic and rhizospheric bacteria derived from avocado trees. |
| **EMI-7** | **Belazaca C.** | Biomasa microbiana (C y N) en suelo de un bosque templado con intervención antrópica, Centro-Sur de Chile. |
| **EMI-8** | **Cárdenas F.** | Conformación y caracterización de un consorcio bacteriano degradador de hidrocarburos con potencial aplicación en procesos de biorremediación de petróleo. |
| **EMI-9** | **Castillo F.** | Evaluación del efecto de un compuesto antifouling de origen bacteriano sobre las sustancias poliméricas extracelulares (EPS) secretadas por *Nitzschia* sp. |
| **EMI-10** | **Chávez R.** | *Rhodotorula portillonensis* sp. nov. y *Leucosporidium escuderoi* sp. nov., dos nuevas especies de levaduras basidiomicetes aisladas desde ambientes marinos Antárticos. |
| **EMI-11** | **Claverías F.** | Aislamiento y caracterización de *Actinobacterias* marinas de la Región de Valparaíso. |
| **EMI-12** | **Cordero N.** | *Prototheca* spp.: patógeno aislado en Mastitis Bovina (MB) en Chile. |

| | | |
|---|---|---|
| **EMI-13** | **Cornejo C.** | Composición y estructura de las comunidades fotótrofas anoxigénicas presentes en tapetes microbianos en el Salar de Huasco, Chile. |
| **EMI-14** | **Cornejo C.** | La radiación solar como factor modulador en la dinámica de comunidades fotótrofas anoxigénicas en el Salar de Huasco, Chile. |
| **EMI-15** | **Cortés C.** | Aislamiento de *Streptomyces* productores de compuestos bioactivos desde el Salar de Huasco. |
| **EMI-16** | **Cortés J.** | Aislamiento de bacterias termófilas etanol tolerantes, desde el campo geotermal El Tatio: posibles microorganismos para una nueva estrategia de producción de bioetanol. |
| **EMI-17** | **De Armas M.** | Composición de la comunidad bacteriana en suelos invadidos por *Eschscholzia californica*. |
| **EMI-18** | **Demergasso C.** | Análisis metagenómico de microorganismos autótrofos crecidos en presencia de arsénico obtenidos de sedimentos del Salar de Ascotán. |
| **EMI-19** | **Elizondo M.** | Efecto en la estructura comunitaria bacteriana a adiciones artificiales de amonio, en fiordos impactados por salmonicultura. |
| **EMI-20** | **Fuentes G.** | Aislamiento e identificación de levaduras halotolerantes desde el salar de Huasco, Altiplano Chileno.. |
| **EMI-21** | **González P.** | Efecto de *Escherichia coli* sobre la diversidad metabólica y genética de comunidades bacterianas de lago oligotrófico frío. |
| **EMI-22** | **Guerra M.** | Inducción de la dormancia metabólica por condiciones de inanición de carbono y temperatura en un bacilo Gram Negativo aislado desde la Patagonia. |
| **EMI-23** | **Henríquez P.** | Identificación y caracterización de la microbiota intestinal de Apis mellifera obtenidas de la Zona Central de Chile. |
| **EMI-24** | **Ramírez P.** | Selección de levaduras para la remediación de 2,4,6-trinitrotolueno (TNT). |
| **EMI-25** | **Saludes M.J.** | *Listeria monocytogenes*: un peligro biológico recurrente en la industria alimentaria. |
| **EMI-26** | **Sanhueza C.** | Composición de la comunidad bacteriana en el océano. |
| **EMI-27** | **Sepúlveda C.** | Microbioma epibionte asociado al mucus de *Octopus mimus* (Gould, 1852): Primera barrera inmunitaria. |
| **EMI-28** | **Serrano M.** | Diversidad de bacterias fotótrofas anoxigénicas en tapetes microbianos de Salares del Norte de Chile: clado NOR5/OM60. |
| **EMI-29** | **Vaca I.** | Diversidad, características de cultivo y perfil de metabolitos secundarios de hongos *Leotiomycetes* asociados a esponjas marinas antárticas. |
| **EMI-30** | **Villagrán S.** | Efecto de la longitud de onda e intensidad de luz sobre el crecimiento de la cepa *Deinococcus* sp. UDEC-P1: desarrollo de un sistema estandarizado de iluminación para estudios de exposición lumínica sobre bacterias. |
| **EMI-31** | **Wilson M.** | Endosimbiosis y sobrevida de *Arcobacter skirrowii* en *Acanthamoeba castellanii*. |
| **EMI-32** | **Yáñez C.** | Respuesta a selenio en la cepa resistente a cobre *Arthrobacter* sp. C12. |
| **EMI-33** | **Yepsen D.** | Actividad de bacterias tipo *Nitrospina* oxidantes de nitrito en pozas del intermareal rocoso de la bahía de Quintay, playa El Litre (~33°S, Chile centro-centro). |

**Microbiología Clínica**

| | | |
|---|---|---|
| **MCL-1** | **Baeza C.** | Aislamiento y caracterización de cepas de *Escherichia coli* productor de shigatoxina desde carne de vacuno nacional e importada, distribuida en Santiago. |
| **MCL-2** | **Caamal A.** | Evaluación de nuevos cebadores para la identificación de *Salmonella* spp., y *Salmonella* serotipo Typhi, empleando la técnica de PCR, en cepas aisladas de alimentos contaminados. |
| **MCL-3** | **Castillo P.** | Prevalencia y susceptibilidad frente a antibiótios de uso común frente a *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma* sp. aislados de flujos vaginales de mujeres atendidas en un consultorio de Talca. |
| **MCL-4** | **Comba E.** | Patotipos de *Escherichia coli* aislados a partir de patologías porcinas en la República Argentina. |
| **MCL-5** | **Dusso D.** | Comparación entre distintos métodos de aislamiento de *Campylobacter jejuni* a partir de muestras de pollo. |
| **MCL-6** | **González A.** | Prevalencia de Shet-1 y Shet-2 en aislamientos de *Shigella flexneri* y *Shigella sonnei* recuperadas de pacientes con diarrea. |

| | | |
|---|---|---|
| **MCL-7** | **Gutíerrez L.** | Etiología microbiana de la otitis externa canina en los perros de los albergues de Caldas Antioquia. |
| **MCL-8** | **Harth-Chu E.** | Caracterización de PcsB y su relación con la formación de biopelícula en *Streptococcus mitis* y *Streptococcus sanguinis*. |
| **MCL-9** | **Hidalgo C.** | Comparación de patrones electroforéticos bidimensionales y caracterización proteómica preliminar de quistes fértiles e infértiles de *Echinococcus granulosus*. |
| **MCL-10** | **Inostroza J.** | Discriminación de *Lactobacillus* suplementados con selenio mediante espectroscopia fotoacústica infraroja con transformada de Fourier (FTIR-PAS). |
| **MCL-11** | **Josa D.** | Descripción clínica y epidemiológica de un brote de Klebsiella pneumoniae productora de KPC en una institución nivel IV en Bogotá, Colombia. |
| **MCL-12** | **Plaza A.** | Características fenotípicas de esporas de *Clostridium difficile* asociadas a episodios de diarrea reincidente. |
| **MCL-13** | **Reyes A.** | Prevalencia de bacterias aisladas desde leches de ganado con mastitis bovina en Chile. |
| **MCL-14** | **Robeson J.** | Bacteriófagos líticos de *Salmonella enterica*: BIMs y rango de hospedero. |
| **MCL-15** | **Saldias M. E.** | *Chlamydophila abortus* en Chile. |
| **MCL-16** | **Segovia C.** | Polimorfismo en el gen MAM-7 como candidato diferenciador entre cepas clínicas y ambientales de *Vibrio parahaemolyticus*. |
| **MCL-17** | **Vargas A.** | Detección de *Mycobacterium tuberculosis* en muestras de saliva de pacientes procedentes de dos hospitales regionales del estado de Yucatán, México. |
| **MCL-18** | **Velásquez J.C.** | Regulación de RpoS sobre el operón de la isla de patogenicidad 9 (SPI-9) en *Salmonella* Typhi, durante stress hiperosmótico y de acidéz. |

**Respuesta Inmune / Enfermedades Infecciosas**

| | | |
|---|---|---|
| **REI-1** | **Haussmann D.** | Modulación de la expresión de receptores tipo Toll de trucha arcoíris por el *Piscirickettsia salmonis*. |
| **REI-2** | **Peñaloza H.** | Rol de la producción de IL-10 en la severidad de una infección por *Streptococcus pneumoniae* en ratones. |
| **REI-3** | **Pizarro D.** | Rol de la citoquina anti-inflamatoria IL-10 en la habilidad de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium para causar infección sistémica en ratones. |
| **REI-4** | **Retamal P.** | Wild birds are reservoirs of zoonotic *Salmonella enterica* strains in Chile. |

## Sesión de Paneles III 29/11 17h30-19h30 Patio del Sol

| Nº | Autor | Titulo |
|---|---|---|

**Antimicrobianos y Antivirales**

| | | |
|---|---|---|
| **AMI-1** | **Álvarez R.** | Rol del sistema de dos componentes BaeSR de *Salmonella* Typhimurium en la modulación de la actividad catalasa frente a Ciprofloxacino. |
| **AMI-2** | **Cartes C.** | Búsqueda y análisis de expresión de genes implicados en resistencia a antibióticos en cepas nacionales de *Piscirickettsia salmonis*. |
| **AMI-3** | **Contreras O.** | Peptide identification with potential anti-bacterial activity produced by microalgae. |
| **AMI-4** | **Contreras P.** | Determinación de efecto Antifúngico en Briófitas del Gran Concepción. |
| **AMI-5** | **Farias L.** | Determinación de la sensibilidad antimicrobiana de cepas de *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli* aisladas de carnes de pollo broiler. |
| **AMI-6** | **Gutierrez L.** | Evaluación in vitro de los principios activos de un medicamento de uso veterinario frente a los patógenos causante de la otitis. |
| **AMI-7** | **Peralta M. J.** | Estudio de la resistencia a antibióticos de cepas bacterianas aisladas de mastitis bovina. |
| **AMI-8** | **Rivas E.** | Efecto de agentes desnaturantes sobre la actividad antimicrobiana de la bacteriocina gicina A. |

**AMI-9 Rivas E.** Caracterización *in vitro* de la citotoxicidad del polipéptido antimicrobiano gicina A, sobre líneas celulares normales y tumorales humanas.

**AMI-10 Sanhueza L.** El extracto de orujo de uva disminuye la expresión de la bomba de expulsión NorA y potencia la actividad de ciprofloxacino en *Staphylococcus aureus*.

**AMI-11 Sanhueza L.** Compuestos fenólicos provenientes de extractos de orujo de uva actúan en sinergismo con antibióticos contra *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli*.

**AMI-12 Santander J.** Propiedades antibacterianas de 4-hidroxi-3-(3-metil-2-butenol)acetofenona aislada desde *Senecio graveolens*.

**AMI-13 Santiago R.** Caracterización microbiológica y determinación de los parámetros cinéticos de crecimiento de una bacteria silvestre con actividad antifúngica contra *Botrytis cinérea.*

**AMI-14 Sepúlveda F.** Evaluación de la actividad lacasa de *Botrytis cinerea* y su relación con el efecto antifúngico de compuestos fenólicos.

**AMI-15 Troncoso M.** Alta resistencia a antibióticos en cepas de *Campylobacter jejuni* aisladas de carne de poll expendida en supermercados.

**AMI-16 Undabarrena A.** Búsqueda de genes involucrados en la síntesis de compuestos bioactivos en *Actinobacterias* marinas aisladas del Sur de Chile.

**AMI-17 Wiese G.** Determinación de la actividad antibacteriana de complejos mixtos de Cobalto (III) con fenantrolina y carbohidratos.

**Biotecnología**

**BTC-25 Aguilar P.** Biomoléculas desde la cepa halotolerante *Exiguobacterium* sp. aislada desde el Salar de Huasco: posibles aplicaciones biotecnológicas

**BTC-26 Campos D.** Isolation of Nitrogen-fixing bacteria from *Lupines luteus* and their microencapsulation by Spray Drying technique.

**BTC-27 Díaz M.** Caracterización inicial de un sistema de producción de exopolisaccáridos de tipo Pel en la bacteria acidófila *Acidithiobacillus thiooxidans*.

**BTC-28 Gahona G.** Amplificación y clonación de fragmentos que codifican para DNA polimerasa I desde muestras ambientales extraídas desde el campo geotermal El Tatio, Chile.

**BTC-29 Galarce N.** Reducción de *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis en carnes de salmón fresco congelado y ahumado mediante la aplicación de una mezcla de bacteriófagos virulentos.

**BTC-30 García J.** Mejoras moleculares para aumentar la expresión de termoenzimas en sistemas de expresión procariontes mesófilos.

**BTC-31 García K.** Cinética de producción de dsRNA en modalidad de cultivo por lote en *Escherichia coli* recombinante.

**BTC-32 Hebel S.** Efecto del factor de dilución y pH en la producción de exopolisacáridos por la cepa probiótica *Lactobacillus salivarius* 979C.

**BTC-33 Herrera C.** Actividad probiótica anti-*Helicobacter pylori* de *Lactobacillus* bioacumuladores de selenio.

**BTC-34 Hidalgo C.** Identificación de proteínas candidatas para el desarrollo de una vacuna contra el patógeno de salmónidos de *Flavobacterium psychrophilum*.

**BTC-35 Huanca P.** Identificación de compuestos con posible actividad fotoprotectora obtenidos a partir de microorganismos fotosintéticos del Salar de Huasco.

**BTC-36 Jacob R.** Estudio de la actividad antimicrobiana de superficies de cobre sobre la microbiota patógena y no patógena.

**BTC-37 Jer G.** Aislamiento, selección y obtención de cepas fúngicas para el biocontrol de *Botrytis cinerea*, en condiciones de baja temperatura.

**BTC-38 Mancilla R.** Desarrollo de un proceso de biotransformación de esteroles de madera para la producción de los intermediarios farmacéuticos 4-Androstene-3,17-diona (AD) y 1,4-Androstadiene-3,17-diona (ADD).

**BTC-39 Mc Manus M.** Degradación enzimática de la biopelícula formada por *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*: efecto de una hexosaminidasa de *Trichoderma harzianum*.

**BTC-40 Ossandón B.** Búsqueda de genes *pks* y *nrps* en bacterias aisladas desde el Salar de Llamará, desierto de Atacama, Norte de Chile.

**BTC-41 Romero K.** Biosíntesis de nanopartículas de plata mediada por proteínas del hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor*.

**BTC-42 Rubilar O.** Biosíntesis extracelular de nanopartículas de plata por el hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor*.

**BTC-43 Salas J.** Diferencias en la composición de la microbiota en lenguado de cultivo versus silvestre.

**BTC-44 Sánchez M.** Efecto de una α-1,3-glucanasa de *Trichoderma harzianum* sobre biopelículas mixtas formadas por el periodonto patógeno *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* y especies del género *Streptococcus*.

**BTC-45 Sanhueza E.** Efecto del pH sobre la producción de exopolisacáridos de la cepa nativa y aclimatada de *Lactobacillus salivarius* 979C de origen gástrico.

**BTC-46 Segovia C.** Desarrollo de probióticos recombinantes como tratamiento profiláctico contra *Vibrio parahaemolyticus*.

**BTC-47 Staforelli JP.** Caracterización del pigmento violaceína de *Chromobacterium violaceum* mediante un sistema hiperespectral de imágenes.

**BTC-48 Urtuvia V.** Growth in different carbón sources for the biosynthesis of poly hydroxyalkanoates in *Burkholderia xenovorans* LB400.

**BTC-49 Villalobos A.** Potencial de cepas de Penicillium aislados desde las costas de Chile, para la producción de compuestos bioactivos con actividad citotóxica contra líneas celulares de cáncer..

**BTC-50 Villegas P.** Producción de poli(3-hidroxibutirato) por *Burkholderia xenovorans* LB400 cultivada en diferentes azúcares .

**BTC-51 Zadjelovic V.** Determinación de la capacidad de formación de biopelículas de bacterias aisladas desde sector costero contaminado con hidrocarburos en Antofagasta.

**BTC-52 Dos Santos C.** Producción de etanol por la levadura *Pachysolen tannophilus* CCT1891 bajo la influencia de la concentración de xilosa, tiempo, temperatura y agitación.

**BTC-53 Campusano A.** Expresión de genes antioxidantes en *Botryococcus braunii* en respuesta a la exposición de cobre.

## Ecología microbiana y Medio Ambiente

**EMI-34 Escudero L.** Efecto del enriquecimiento con arsénico e hidrógeno en forma anaeróbica, en microcosmos con sedimentos del salar ignorado del norte de Chile.

**EMI-35 Henríquez M. J.** Evaluación microbiológica de manipuladores y superficies en Industrias elaboradoras de alimentos.

**EMI-36 Hernández E.** Transferencia de genes en inanición de carbono un desafío para bacterias de ambientes oligotróficos.

**EMI-37 Icaza G.** Presencia y diversidad de proteorodopsina en un metagenoma de tapete microbiano del Salar de Huasco y diseño de oligonucleótidos específicos.

**EMI-38 Lagos L.** Análisis metagenómico de la estructura de las comunidades bacterianas en los micrositios de la rizósfera de Ballica (Lolium perenne var. Nui) .

**EMI-39 Marileo L.** Diferencias estructurales de las comunidades bacterianas en suelos tratados con urea y herbicidas de post-emergencia.

**EMI-40 Martínez M.C.** Detección de *Listeria monocytogenes* en cursos de aguas superficiales de la Región Metropolitana por ultrafiltración tangencial.

**EMI-41 Milla K.** Aislamiento y caracterización de la resistencia a cobre de microorganismos frente a un relave minero en Taltal.

**EMI-42 Montiel E.** Diversidad de hongos presentes en un gradiente vertical de un tapete microbiano del Salar de Huasco.

**EMI-43 Muñoz C.** Uso de bacterias marinas con actividad celulasa como pre-tratamiento de biomasa microalgal para la producción de biogás.

| | | |
|---|---|---|
| **EMI-44** | **Ortiz J.** | Resistencia a antibióticos de comunidades bacterianas bentónicas en un gradiente asociado al estuario del Río Maipo. |
| **EMI-45** | **Otth L.** | Sobrevida de *Arcobacter cryaerophilus* como endosimbionte de *Acanthamoeba castellanii*. |
| **EMI-46** | **Peña H.** | Efecto de la radiación solar sobre la estructura comunitaria bacteriana activa en el fiordo de Comau (Patagonia chilena) durante invierno del 2012. |
| **EMI-47** | **Pérez J.** | Validación de marcadores moleculares funcionales implicados en el aporte biogénico del sulfato en ecosistemas acuáticos del altiplano chileno. |
| **EMI-48** | **Pérez V.** | Alta novedad de Archaea y Bacteria en el bofedal de Lirima, altiplano chileno. |
| **EMI-49** | **Remonsellez F.** | Dinámica de las comunidades bacterianas presentes en un proceso industrial de osmosis reversa: Planta de San Pedro de Atacama como caso de estudio. |
| **EMI-50** | **Rodríguez S.** | Caracterización microbiológica de biopelículas en membranas de osmosis reversa de la planta desaladora de San Pedro de Atacama. |
| **EMI-51** | **Rojas C.** | Caracterización de bacterias rizosféricas para su potencial uso en bioremediación de suelos contaminados con cobre. |
| **EMI-52** | **Rojas J.** | Detección de *Salmonella* spp. y *Escherichia coli* diarreogénico en cursos de aguas superficiales de la Región Metropolitana por Ultrafiltración Tangencial. |
| **EMI-53** | **Sánchez P.** | Evaluación microbiológica de alimentos artesanales procesados elaborados por micro empresas del rubro Especialidades Campesinas. |

**Interacciones Patógeno-Hospedero**

| | | |
|---|---|---|
| **IPH-1** | **Bravo-Toncio C.** | Estudios de mortalidad y retardo en el desarrollo de la ameba *Dictyostelium discoideum* frente a diferentes cepas y mutantes de *Pseudomonas aeruginosa*. |
| **IPH-2** | **Cofré G.** | Esporas de *Clostridium difficile* se internalizan en células no fagocíticas. |
| **IPH-3** | **Farfan M.** | Búsqueda de nuevos receptores involucrados en la adherencia de *Escherichia coli* enteroagregativa a células epiteliales. |
| **IPH-4** | **Luchsinger V.** | Caracterización de subpoblaciones linfocitarias mediante citometría de flujo en adultos con neumonía adquirida en la comunidad (NAC). |
| **IPH-5** | **Miranda C.** | Identificación de factores que afectan la adherencia de esporas de *Clostridium difficile* en células epiteliales *in vitro*. |
| **IPH-6** | **Palominos M. F.** | Diapausa inducida por *Pseudomonas aeruginosa* en *Caenorhabditis elegans* depende directamente de la virulencia bacteriana. |
| **IPH-7** | **Ramírez P.** | Evaluación del efecto de distintos determinantes moleculares de *Aeromonas hydrophila* sobre el sistema inmune innato en peces. |
| **IPH-8** | **Varas M.** | *Salmonella enterica* serovar Typhimurium y Enteritidis retrasan diferencialmente el desarrollo de la ameba social *Dictyostelium discoideum*. |
| **IPH-9** | **Verdugo L.** | Componentes genéticos del hospedero intervienen en la formación de diapausa como mecanismo de defensa ante patógenos bacterianos. |
| **IPH-10** | **Vergara A.** | Caracterización del proceso inflamatorio inducido por las fimbrias Lpf1 y Lpf2 de *Escherichia coli* enterohemorrágica en células epiteliales intestinales en cultivo. |
| **IPH-11** | **Vial C.** | Factores Genéticos del huésped y severidad de la infección por hantavirus: estudio de asociación de genoma completo (GWAS). |

# CONFERENCIAS PLENARIAS

**Systems and synthetic biology inputs to personalized medicine: How are you ?… Ask the bacteria !**

**Molina, F**[1].

[1]Biological Complex system modeling and engineering for diagnosis SysDiag UMR3145 CNRS / Bio-Rad .

Personalized medicine is an extension of traditional approaches which aims at determining an individual's molecular characteristics and at using those distinctions to diagnose more finely an individual's disease, select treatments that increase the chances of a successful outcome and reduce possible adverse reactions. Personalized medicine allows as well predicting an individual's susceptibility to diseases and eventually helps to avoid or reduce the risk to which an individual will experience a disease. Several recent scientific and technological advances are responsible for this revolution. However, the newly accumulated knowledge raises the question of the role of the host-microbiome relationships in a disease onset and the way it may influence future medical practices thanks to global systems biology approaches. To be relevant in a real clinical environment personalized medicine must satisfy few criteria: i) The parameters studied (biomarkers) must have a demonstrated impact on the individual patient health or response to treatment, ii) the technology used to measure these parameters must be compatible with clinical practices iii) the new personalized practice must lead to higher patient benefit compared with the existing treatment protocol. Synthetic biology, thanks to bacteria engineering, will provide in the futur a new generation of devices devoted to new practices in medical diagnosis. To this end we must address great technical and ethical challenges.

**New Redesign of Recombinant Attenuated Salmonella Vaccines.**

**Curtis, R**[1].

[1] Arizona State University.

We genetically modify *Salmonella* serovars Typhimurium, Paratyphi A and Typhi as vaccines to exhibit regulated delayed attenuation in vivo, regulated delayed in vivo synthesis of protective antigens specified by codon-optimized DNA sequences and regulated delayed lysis in vivo. These vaccines are grown under conditions that enable the orally administered vaccines to display the capabilities of a wild-type strain to survive host defense stresses and more efficiently colonize lymphoid effector tissues before manifesting attenuation to preclude causing disease symptoms and synthesizing protein antigens to induce protective immune responses. We have engineered strains to eliminate or decrease synthesis of serotype-specific LPS O-antigen and flagellar antigens to enable reuse of the vaccine vector and to expose conserved LPS core and over-express immunologically cross-reactive surface outer membrane protein antigens needed for the acquisition of essential iron and manganese ions. This results in induction of cross-protective immunity to enteric bacterial pathogens. We often include other mutations to preclude biofilm formation and diminish induction of gastroenteritis symptoms while retaining abilities to recruit innate immunity and exhibit biological containment. Recent work focuses on further refinement of the regulated delayed lysis phenotype to develop a superior means to induce cellular immunity and to deliver DNA vaccines to prevent viral and parasite infections. These vaccine strains exhibit complete biological containment to preclude persistence in vivo and survival if excreted. Strains are totally safe at high doses to newborn, pregnant, protein malnourished and immunocompromised mice. We are using these technologies to develop vaccines to prevent infections of newborns with *Streptococcus pneumoniae, Mycobacterium tuberculosis*, a diversity of enteric bacterial pathogens causing diarrheal disease and viral influenza. Vaccines are also being developed against pathogens of agriculturally important animals, especially to enhance food safety by preventing infections by *Salmonella, E. coli* pathovars and *Campylobacter jejuni* that can be passed through the food chain to humans.

Research supported by grants from the Bill & Melinda Gates Foundation, the National Institutes of Health, the United States Department of Agriculture and the Ellison Medical Foundation.

**Nuevos productos naturales de microorganismos marinos.**

**New natural products from marine microbial sources.**

**Imhoff, J**[1].

[1] University of Kiel.

The urgent demand for new drugs as e.g. for multi-resistant bacteria or for the treatment of various types of cancer and the high potential of marine organisms to produce relevant bioactive compounds has stimulated the search for new natural products from marine organisms in recent years. In particular marine microorganisms were recognized as highly potent producers and a large number of new substances from marine bacteria and fungi have been identified. Several of these are in more or less advanced stages for being applied as drugs and some even in late phase of clinical trials. In the Kiel Center for Marine Natural Products (KiWiZ) an interdisciplinary platform for research on marine natural products was established over the past years. Large culture collections of marine bacteria and fungi and the establishment of a substance library of pure marine natural products are the basis for an extended screening with a large number of biological assays and new targets. In addition to classical screening approaches the use of genetic information and genomic analyses assist in the identification of potent producer strains and determining the biosynthetic pathways. The current status of marine natural product research, the strategy of KiWiZ in the search for new bioactive compounds and recent results are presented.

**El lipopolisacárido: más que una endotoxina.**

**The lipopolysaccharide: more than an endotoxin**

**Contreras, I**[1].,Hoare, A[2].

[1]Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

[2]Area de Microbiología, Facultad de Odontología, Universidad de Chile.

El lipopolisacárido (LPS) es el componente mayoritario de la membrana externa de las bacterias Gram-negativo. Por estar expuesto al exterior, media muchas de las interacciones de la bacteria con el ambiente. El LPS está formado por tres dominios estructurales: el lípido A, una región central o core, y el antígeno O (AgO) que se proyecta al exterior. El lípido A, una potente endotoxina, ha sido extensamente estudiado. En contraste, la regulación de la síntesis del core y AgO y su rol en la virulencia han recibido menor atención. Resultados de nuestro trabajo han demostrado que la síntesis del AgO es regulada por un antiterminador transcripcional en respuesta a condiciones ambientales. En esta respuesta participan los factores RpoN y RpoS. Además, el largo de cadena del AgO depende de los niveles relativos de proteínas reguladoras específicas. Esta regulación tiene un impacto en la patogénesis, ya que bacterias que poseen un AgO muy largo son más resistentes al suero que aquellas que no lo poseen. En contraste, en la interacción con células epiteliales, el papel que juegan las regiones del core y AgO son diferentes en distintas enterobacterias: mientras que en *Salmonella* se requiere un residuo específico de la región del core, en *Shigella* es necesario el LPS completo, con sus largos de cadena característicos, para la invasión. En esta última, la modificación del LPS también tiene un impacto en la resistencia al ácido. En conclusión, nuestros resultados subrayan la importancia de los oligosacáridos del LPS y su modulación, en la infección y evasión del sistema inmune del hospedero.

**Financiamiento: Fondecyt 1960864, 1990967, 7990058, 7040173, 1040562**

**Modelling the fermentation of yeast with gene regulation; *in vivo* determination of rate parameters**

**Modelling the fermentation of yeast with gene regulation; *in vivo* determination of rate parameters**

**Asenjo, J**[1].,Andrews, B[2].

[1] Universidad de Chile.

[2]Departamento de Ingeniería Química y Biotecnología, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile.

Metabolic Engineering studies are essential to reconstruct the complete metabolism of bacteria and yeast from basic genome sequence data. This can be effectively used to simulate and optimize metabolic behavior in silico and thus design rational genetic cloning to generate novel and more efficient microorganisms. In metabolic engineering problems, either dynamic or steady state, it is necessary to calculate fluxes that represent both the consumption and production of metabolites as well as their concentrations. Such metabolic networks are modeled as a system of ordinary differential equations (ODEs) and the fluxes that represent the reaction dynamics can be described by Michaelis-Menten or mass-action kinetics. The solution of such problems is non-trivial because they are non-linear systems and very often have far more unknowns (kinetic parameters and concentrations of metabolites) than equations. Such problems can be tackled using Tikhonov's approach by transforming the equations into a minimization problem. We have applied this methodology very successfully to a system of 120 unknowns and 72 equations which corresponds to a continuous model of a metabolic network including gene regulation to simulate metabolic fluxes during batch cultivation of yeast *Saccharomyces cerevisiae.* Two carbon sources were considered, namely glucose and ethanol synthesized during growth on glucose. The metabolic network has 39 fluxes, which represent the action of 50 enzymes and 64 genes and it is coupled with a gene regulation network which defines enzyme synthesis (activities) and it incorporates regulation by glucose (enzyme induction and repression). The model was able not only to simulate the fermentation of yeast during the exponential growth phase on glucose and the exponential growth on ethanol very accurately, but also allowed the obtention of intracellular concentrations of metabolites very similar to experimental values previously reported.

**Sequencing microbes using next-generation platforms: Issues in data analysis and interpretation.**

**Sequencing microbes using next-generation platforms: Issues in data analysis and interpretation.**

**Chain, P**[1].

[1] Los Alamos National Laboratories.

Sequencing has changed the way scientist routinely study and query their experimental or natural systems. The field of genomics itself has undergone a revolution over the last decade, with a battery of novel sequencing technologies that have helped to substantially decrease the cost per base. The increased throughput of next-generation sequencing platforms has also realized a number of new applications that were not fathomable even a few years ago. In this talk, I will cover today's mainstream sequencing technologies, their uses and potential pitfalls, and their application, coupled with bioinformatic methods, in microbial genomics, transcriptomics, and metagenomics.

**De la Astrofísica a la Astrobiología.**

**From Astrophysics to Astrobiology.**

**Garay, G**[1].

[1]Departamento de Astronomía Universidad de Chile.

In this contribution I will present the way and the sequence in which the basic elements that make up very complex molecules have been formed through the history of our Universe.

**El Sistema del Complemento y Moléculas Relacionadas, en la Interacción Hospedero/*Trypanosoma cruzi*.**

**The Complement System and Related Molecules in the Host/*Trypanosoma cruzi* Interaction.**

**Ferreira, L**[1].

[1]Inmunología ICBM, Medicina, Universidad de Chile.

Los dominios central y aminoterminal de calreticulina de *Trypanosoma cruzi* (TcCRT), normalmente contenida en el lumen del retículo endoplásmico (ER), cumplen funciones distintas en la interacción hospedero/parásito. En una estrategia evasiva del parásito, mediada probablemente por estrés del ER, TcCRT es exteriorizada, especialmente a la zona de emergencia flagelar, donde actúa como un DAMP ("damage associated molecular pattern"). C1, detector de señales de peligro, que inicia la activación de la ruta clásica del sistema del complemento, se une al dominio central de TcCRT y, como consecuencia, las serino proteasas *r* y *s* son inactivadas, con bloqueo de la ruta clásica, en beneficio del parásito. Más aún, C1 inactivo, unido al parásito, actúa como un potente factor de virulencia, *in vivo* en animales, y *ex vivo* en humanos. Esta interacción puede ser intervenida, con importante disminución en infectividad, con anticuerpos anti-TcCRT, modificados en el laboratorio.

El dominio amino terminal de TcCRT, dado sus efectos anti-angiogénicos, *in vitro, ex vivo e in vivo*, inhibe el crecimiento de un adenocarcinoma mamario y de un melanoma, ambos experimentales murinos. TcCRT explica así, al menos en parte, la antigua observación que indica que la infección con *T. cruzi* o la administración parenteral de extractos parasitarios tiene un interesante efecto antitumoral. Esta acción de TcCRT también beneficiaría al parásito, al extender la sobrevida del hospedero infectado, permitiendo así una mayor expansión del genoma parasitario, mediada por la transmisión vectorial artrópoda hematófaga.

**Financiado por Proyecto Anillo ACT-112 y FONDECYTs 1095095 y 1130099 de CONICYT- Chile.**

# SIMPOSIOS

**_E. coli_ productora de toxina Shiga: pasado, presente y futuro.**

**Padola, N**[1].

[1] UNICEN.

*Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es el agente causal de colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico (SUH) en niños, asociado a brotes y casos esporádicos, aunque en Argentina es endémico, con 400 casos nuevos por año y la mayor incidencia a nivel mundial (13.9/100000 niños menores de 5 años de edad). Desde la década del 80 en que fue identificado como agente causal de dos brotes, el serotipo O157:H7 ha sido el más estudiado y más buscado a nivel mundial, desarrollándose para su aislamiento técnicas de identificación selectivas. Sin embargo, en la última década se han aislado de casos de SUH serotipos no-O157, por lo cual la metodología de detección ha ido modificándose. El término STEC se refiere a serotipos de *E. coli* que producen toxina Shiga tipo 1 (Stx1), tipo 2 (Stx2) o ambos, y pueden producir otros factores de virulencia accesorios como intimina, una enterohaemolisina (ehxA) y una proteína autoaglutinante, ambas codificadas por un plásmido enterohemorrágico, y factores fimbriales y no fimbriales. Actualmente, se especula que sólo un subgrupo de las cepas STEC presentes en reservorios animales y en alimentos son patógenos para el hombre. Los numerosos factores de virulencia que distinguen a *E. coli* patógeno del que no lo es, frecuentemente están codificados en elementos genéticos móviles como plásmidos, trasposones, bacteriófagos e islas de patogenicidad. Esta diversidad y plasticidad permite innumerables combinaciones de factores de virulencia en diferentes cepas lo cual presenta un desafío para el estudio de E. coli y dificulta la clasificación en patotipos claramente delineados.

**Experiencias en la búsqueda de nuevos nichos de investigación.**

**Torres, A**[1].

[1] The University of Texas Medical Branch.

Vivimos en una economía globalizada, en la que la desaceleración de la economía y los impactos que esto ha tenido en la ciencia y la tecnología han hecho que varios investigadores cambien su línea basal de investigacion o re-inventen su estrategia de financiación que les permita seguir avanzando en la búsqueda de respuestas a su hipótesis experimental. Desafortunadamente, el hacer ciencia por el simple afán de descifrar un principio básico ha sido remplazado por la necesidad de realizar investigacion que tenga una aplicación real y rápida a la comunidad que financia ese proyecto. Estamos frente a un entorno económico turbulento, donde el dinamismo, la complejidad y el grado de incertidumbre que existe para obtener financiación han provocado que el investigador se plantee líneas de investigacion alternativas y proyectos paralelos que se complementen pero que desarrollen conocimiento con aplicaciones prácticas a corto plazo. Esta plática está diseñada para presentar experiencias personales que permitieron re-definir la línea de investigacion actual en mi laboratorio.

**¿Es real que Escherichia coli enteropatogénica no produce toxinas?: EspC una proteína autotransportadora de *Escherichia coli* enteropatogénica (EPEC).**

**Navarro, F**[1].

[1] CINVESTAV-IPN.

Los genes responsables para la lesión A/E causada por EPEC están localizadas en una isla de patogenicidad (PAI) llamada LEE, la cual ha sido extensamente estudiada e incluye un sistema de secreción tipo III (T3SS). En cepas de EPEC más virulentas existe una segunda PAI que codifica a EspC, una proteína autotransportadora. La secreción de EspC es mediada por el T5SS: tiene los tres dominios clásicos y un motivo de serín-proteasa. Durante la infección de células epiteliales por EPEC, la primer proteína encontrada en el sobrenadante de las células infectadas es EspC y 30 min después son secretadas las proteínas translocadoras del T3SS. Curiosamente, durante la infección por EPEC, EspC es secretada mediante el T5SS, pero es translocada a la célula por el translocón del T3SS. Esta eficiente entrega de EspC a la célula causa un efecto citopático caracterizado por redondamiento y desprendimiento celular. Este fenotipo es disparado por daños al citoesqueleto y a las adhesiones focales de la célula. EPEC productora de EspC es capaz de cortar a la proteína del citoesqueleto fodrina en dos sitios específicos de corte y estos eventos llevan al corte de las proteínas focales, paxillina y FAK. Estos efectos no se reproducen en EPEC mutada en *espC* y en una mutante en el motivo de serín-proteasa. Así, EspC es la principal proteína involucrada en la citotoxicidad de células epiteliales, detectada durante los ensayos de adhesión y formación de pedestales. Estos hallazgos sugieren replantear la visión de que las cepas de EPEC no producen enterotoxinas.

**Experiencias de un año sabático en investigación.**

**Puente, J**[1].

[1]Universidad Nacional Autónoma de México.

El origen del año sabático se remonta a la época de los Hebreos que se tomaban el séptimo año de la cosecha para el descanso. Era una costumbre agrícola que permitía dejar la tierra sin trabajar para su recuperación después de 6 años consecutivos de cosecha. Actualmente, buena parte de las Universidades del mundo ofrecen a sus profesores la invaluable oportunidad de tomarse un año sabático por cada seis años de trabajo, como un período que debe dedicarse al estudio, a la investigación o la realización de actividades que conlleven la superación académica. Sin embargo, es también una oportunidad de reflexionar sobre lo que se ha hecho y de planear con una perspectiva fresca lo que se quiere hacer, así como de apreciar aún más el valor del trabajo que realizamos en Latino América donde hacer investigación requiere de mucha creatividad y empuje dada la frecuente escasez de recursos y de infraestructura. En este escenario, cada historia publicada desde un laboratorio en LA encierra gran mérito, porque además representa el esfuerzo principalmente de jóvenes estudiantes, a veces muy jóvenes, que con gran entusiasmo e ilusión dedican sus días a labores de investigación en nuestras entidades académicas. Si bien el sabático no es un periodo de descanso como lo fue para la tierra de los Hebreos, sí lo es de las actividades rutinarias, lo que permite concentrar la atención en actividades para las que se tiene poco tiempo, incluyendo aquellas de carácter personal que tiende uno a relegar, así como de identificar nuevas oportunidades y establecer lazos de amistad y colaboración que uno no hubiera imaginado sin salir de su trinchera. Es sin duda un tiempo para reafirmar que hacer ciencia a pesar de ser un trabajo intenso y de sus limitaciones en nuestros países, es una actividad que nos ofrece lo mejor de varios mundos. En analogía con su origen, es un periodo que como a la tierra, nos permite refrescarnos para tratar de dar mejores frutos durante los siguientes seis años.

**En la busqueda de proteinas celulares que interaccionan con el complejo de pre-integracion del virus Moloney Murine Leukemia .**

**Searching for Moloney Murine Leukemia Virus (MLV) pre-integration complex (PIC) interacting host cell proteins.**

**Arriagada, G**[1].

[1]Ciencias Biologicas, Ciencias Biologicas, Universidad Andrés Bello.

Retroviruses are obligate intracellular parasites; they deliver their genome into the cell nucleus and integrate it into the host genome where it is transcribed by cell machinery to generate mRNAs and new infectious viruses. Each step of this process requires the assistance of multiple host proteins, many of which have not been identified. The viral enzyme integrase (IN) remains associated with the PIC in order to mediate the integration of viral DNA into the host genome, and therefore is a good candidate binding partner for host proteins associated with the PIC. I have identified proteins that specifically interact with MoMLV IN by mass spectrometry. Among them are microtubule motor cytoplasmic dynein 1 intermediate chain 2 and dynactin subunit 2. Those proteins interact with viral cores of MLV at early times of infection, suggesting a direct interaction between the incoming viral particles and the dynein complex. Many viruses utilize the dynein complex to travel from the membrane to the nucleus, although, the mechanism of recruitment is different. Establish the mechanism for each particular virus, like MLV, will provide important clues to understand the retroviruses intracellular trafficking. Here I will present how we identified the MLV PIC associated proteins, and how are we assaying the role of the dynein proteins during infection of murine cells by MoMLV.

**Replicación de un clon molecular del virus de la Hepatitis B crónico, Genotipo F, y el rol potencial de la fosforilacion de HBX.**

**Villanueva, R**[1].

[1]Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

El virus hepatitis B es un virus de DNA circular, que establece en el 10% de los casos una infección persistente crónica, pudiendo provocar cirrosis, y carcinoma hepático. Estudios previos de nuestro grupo han mostrado que el genotipo viral prevalente en Chile es el genotipo F (84%). Con el fin de establecer un sistema para estudiar la replicación del VHB basado en células hepáticas en cultivo, y muestras clínicas, amplificados virales completos fueron clonados, y clones únicos con el genoma viral completo fueron secuenciadas bidireccionalmente. Genomas virales completos fueron liberados desde el vector de clonamiento por digestión enzimática, cuyos extremos cohesivos promueven la circularización del DNA viral. Genomas virales purificados fueron transfectados en células de hepatoma en cultivo. Análisis de extractos celulares transfectados con el aislado 4.5 por de Southern blot, Northern blot, PCR convencional, y PCR en tiempo-real reveló la presencia de intermediarios de replicación de DNA viral. Adicionalmente, análisis de células transfectadas con el Clon 4.5 por medio de microscopía electrónica identificó partículas virales intracitoplásmicas sólo en células transfectadas con el genoma viral del Clon 4.5, y no en células control. Ensayos preliminares de transcomplementación premitirán ensayar el rol de la proteína HBx durante replicación viral, y sitios potenciales de fosforilación de esta proteína están siendo evaluados por mutagénesis sitio-dirigida. El desarrollo de este sistema de replicación viral del genotipo F basado en células en cultivo permitirá estudiar la regulación epigenética de la replicación viral, la patogénesis, y la interacción de células infectadas con nuevas sustancias antivirales.

**Financiado por Proyecto CONICYT-ANILLOS ACT 1119.**

**La proteína quinasa AMPK es modulada diferencialmente durante infección neuronal con virus herpes simplex tipo 1.**

**OTTH, C**[1].

[1]Instituto de microbiologia clinica, facultad de medicina, Universidad Austral De Chile.

Datos recientes sugieren que virus herpes simplex tipo 1 (HSV-1) es capaz de establecer latencia en el cerebro y que esta condición no sería inocua. Asimismo, se ha estimado que el virus se encontraría presente en cerebro en aproximadamente el 70% de la población mayor de 50 años, sugiriendo la existencia de reactivaciones recurrentes en dichos individuos. A pesar de los grandes avances realizados en esta área de investigación, aún falta dilucidar si una neurona, que experimenta reactivación y produce partículas infecciosas, sobrevive y reanuda latencia, o muere. Previamente se demostró que HSV-1 inhibe apoptosis durante infección temprana, pero es pro-apoptótico durante infección productiva. La infección viral conlleva una desregulación en la homeostasis celular tales como alteraciones de los niveles energéticos y metabólicos en la célula infectada. Una de las proteínas que regula estas alteraciones es AMPK (proteína quinasa activada por AMP). Esta quinasa se activa al aumentar la relación AMP/ATP, además está asociada funcionalmente con SIRT1 (una deacetilasa dependiente de NAD+ que censa la relación NAD+/NADH), constituyendo un eje central del estado energético celular. Nuestros resultados han demostrado que durante infección neuronal por HSV-1 existe una modulación diferencial de las vías de señalización dependientes de los sensores metabólicos, produciéndose una inhibición durante infección temprana, activándose en infección tardía. Estos resultados sugieren que HSV-1 modularía recurrentemente el eje AMPK/SIRT1 durante infección neuronal interfiriendo con la respuesta pro-apoptótica alterando el normal funcionamiento neuronal.

**Financiamiento FONDECYT: 1120464**

**Rab27a controla el tráfico de Gag y el ensamblado del VIH en macrófagos y linfocitos T CD4+.**

**Ostrowski, M**[1].

[1]Universidad de Buenos Aires.

During the late stages of the HIV-1 replication cycle, Gag is recruited to the plasma membrane (PM), where it directs HIV-1 assembly. Here, we demonstrate that the small GTPase Rab27a controls membrane association of Gag, both in primary macrophages and CD4+T lymphocytes, the main targets of HIV-1 infection. In the absence of Rab27a, the levels of phosphatidylinositol-(4,5)-biphosphate [PI(4,5)$P_2$] at the PM are decreased. Consequently, Gag remains cytosolic and viral assembly is impaired. The establishment of virological synapses and viral transmission at points of cell-cell contacts also require functional Rab27a. To further characterize the role of Rab27a, we performed an shRNA screening targeting Rab27a effectors. We show that the knock-down of Slp2a, Slp3 and Slac2b phenocopies that of Rab27a, regulating Gag association with the PM and viral production. We conclude that during infection, Rab27a and three of its effectors control the levels of PI(4,5)$P_2$ at the PM, thereby determining the recruitment of Gag and HIV-1 assembly.

**Análisis fenotípico y genotípico de levaduras vínicas comerciales en la utilización de diferentes fuentes de nitrógeno durante la fermentación alcohólica.**

**Phenotypic and genotypic analysis of commercial wine yeasts in the use of different nitrogen sources during alcoholic fermentation.**

Gutiérrez, Alicia.,Chiva, Rosana [1].,Beltran, Gemma[2].,Warringer, Jonas[3].,**Guillamón, J[4]**.

[1]Biotecnología de los alimentos Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos (CSIC).

[2]Bioquímica y Biotecnología Facultat d?Enologia, Universitat Rovira i Virgili, Tarragona.

[3]Department of Chemistry and Molecular Biology University of Gothenburg.[4]Biotecnología de los Alimentos Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA) del CSIC.

Deficiencias en nitrógeno en los mostos de uva son una de las principales causas de paradas o ralentización de la fermentación alcohólica. Actualmente, el método más común utilizado para tratar carencias de nitrógeno en la fermentación, es la adición de nitrógeno. Sin embargo, es importante determinar los requerimientos individuales de cada cepa, tanto a nivel cuantitativo como cualitativo, para evitar adiciones excesivas que pueden conducir a inestabilidad microbiana del vino y acumulación de carbamato de etilo. Este estudio se ha centrado en la importancia de la cantidad y la calidad de nitrógeno presente en el mosto, con el fin de lograr un rendimiento óptimo de la fermentación. Se ha trabajado con cuatro levaduras vínicas comerciales de amplio uso en nuestro país. Para conocer las diferencias necesidades de nitrógeno de estas cepas, se han manejado diferentes técnicas bioquímicas, analíticas y moleculares. Así, algunas variaciones genéticas implicadas en la utilización del nitrógeno se han detectado, permitiendo en el futuro la posibilidad de mejorar el rendimiento fermentativo de estas cepas. Igualmente, a través de este trabajo, se ha probado la eficiencia de diferentes marcadores, con el fin de encontrar un biosensor que pueda ser utilizado en la detección de condiciones limitantes de nitrógeno durante el proceso de fermentación.

**Financiamiento: Este proyecto ha sido financiado por la empresa Agrovin y el Centro para el Desarrollo Tecnológico Industrial (CDTI) dentro del proyecto CENIT DEMETER**

**QTL mapping in multi-parent populations in budding yeast.**

**Cubillos, Francisco A.**[1].,Parts, Leopold[2].,Salinas, Francisco[3].,Liti, Gianni[3].

[1]Ciencia y tecnología de los ALimentos, Tecnológica, Universidad De Santiago De Chile.

[2]Department of Cell & Systems Biology University of Toronto.[3]Institute for Research on Cancer and Ageing of Nice (IRCAN) Université de Nice Sophia Antipolis.

A large fraction of human complex trait heritability is due to a high number of variants with small marginal effects, and their interactions with genotype and environment. Such alleles are more easily studied in model organisms, where environment, genetic makeup and allele frequencies can be controlled. The Saccharomyces Genome Resequencing Project (SGRP) has released genome sequence data of 72 strains of *S. cerevisiae* and its closest known relative *S. paradoxus*. Half of the *S. cerevisiae* strains sequenced fall into five distinct clean lineages, whereas the others have mosaic recombinant genomes. We selected four representative founder strains to produce a grid of six two-parent crosses and a four-parent recombinant population denominated SGRP-4X. Linkage analysis on individual segregants allowed us to find several QTLs on a wide set of conditions, majority specific to a single cross-combination and to a specific environment. By sequencing pooled DNA from millions of SGRP-4X segregants grown under heat stress, we identified 34 and 39 regions selected in haploid and diploid pools respectively, with most of the selection against a single allele. While the most parsimonious model for the majority of loci mapped using either approach was the effect of an allele private to one founder, we could validate examples of pleiotropic effects, and complex allelic series at a locus. The grid of crosses together with SGRP-4X are deeply characterised resources that provide a framework for powerful and high-resolution genetic analysis of yeast phenotypes, and serves as a test bed for testing avenues to attack human complex traits.

**La respuesta a frío: mecanismos, estrategias y dianas para la mejora y selección de cepas de levadura de panadería.**

**The cold signalling mechanism: molecular basis and its physiological significance in freeze-resistance by baker's yeast strains of*S. cerevisiae.***

**Randez-Gil, Francisca**[1].,Córcoles-Sáez, Isaac[1].,Garcia-Marques, Sara[1].,Ballester-Tomas, Lidia[1].,Prieto, Jose A[1].

[1]Biotecnología, Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos, Consejo Superior de Investigaciones Científicas.

Las levaduras de panadería son cepas de *Sacharomyces cerevisiae* seleccionadas por el hombre durante años por su buen poder fermentativo en masas panarías, su rápida propagación en medios industriales y su robustez. No se conoce que genes son los responsables de estas características, aunque están claramente relacionadas con su elevado grado de ploidía. En comparación con las cepas vínicas, las cepas de panadería presentan una menor diversidad genética y un mayor número de dotaciones cromosómicas. Este rasgo parece tener efectos negativos en su capacidad para enfrentarse a situaciones de estrés derivadas de los procesos tecnológicos en las que se utilizan. Concretamente, la expansión del mercado de masas congeladas, ha generado una clara demanda de levaduras panaderas con nuevas propiedades. En este escenario, la modificación por ingeniería genética de las rutas de respuesta a estrés, se presenta como una herramienta útil para la obtención de levaduras industriales más tolerantes a la congelación, como se monstrará en varios ejemplos. No obstante, la percepción negativa del consumidor hacia los organismos modificados genéticamente, ha promovido el uso de estrategias de evolución adaptativa para la obtención de nuevas cepas con mejores características. Por último analizaremos el uso de levaduras non-*Saccharomyces* criotolerantes, en el proceso de panificación.

**Consumo de nitrógeno durante la fermentación alcohólica, un rasgo complejo.**

**Nitrogen consumption during the alcoholic fermentation, a complex trait.**

**García, V[1]**.,Contreras, A[1].,González, D[1].,Ganga, MA[1].,Martinez, C[1].

[1]Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Tecnológica, Universidad De Santiago De Chile.

La fermentación alcohólica es un complejo proceso llevado a cabo *Saccharomyces cerevisiae*, en el cual se ve expuestas a condiciones adversas como cantidades limitadas de nitrógeno, lo cual produce enlentecimiento y paradas de la fermentación provocando grandes pérdidas a la industria vitivinícola. El metabolismo del nitrógeno es un rasgo complejo determinado por numerosos genes, por lo cual las estrategias genéticas son una atractiva herramienta para su estudio. Nuestro laboratorio ha identificado genes involucrados en este rasgo mediante la comparación de perfiles transcripcionales de cepas genéticamente relacionadas pero que difieren en el consumo de amonio o aminoácidos, las dos principales fuentes de nitrógeno de la levadura. Así se identificaron los genes *ICY1*, *ATO2*, *RDL1*, *RDL2 y LST8*, cuyas funciones son desconocidas al igual que los mecanismos involucrados en el metabolismo del nitrógeno. Por otro lado aplicando estrategias de genética cuantitativa se estudio la variación natural asociada a este rasgo en cepas fermentativas. Estos resultados sugieren que variación natural en los genes que codifican para las enzimas del metabolismo central del nitrógeno como *GDH2* y *GLT1*, así como la regulación posttraduccional llevada a cabo por el gen *ASI1* juegan un rol fundamental en el consumo de aminoácidos. Estos resultados sugieren una gran complejidad en el rasgo consumo de nitrógeno y la participación de numerosos genes hasta ahora no relacionados con este proceso, lo cual permite diseñar estrategias genéticas para el mejoramiento mediante cruces de este rasgo.

**Financiado por Fondecyt 3120107 y 1100509.**

**Análisis genético de grupos funcionales bacterianos.**

**Genetic analysis of functional bacterial groups.**

**Imhoff, J**[1].

[1] University of Kiel.

The desire to characterize bacterial communities in respect to functional properties and to analyse the diversity of functional groups in the natural environment, over the past decade has led to the development of methods to determine the diversity of functional groups of bacteria from the metagenome of natural habitats. Key genes of functional pathways in energy generation have been used to characterize environmental communities of nitrifyers, denitrifyers, methanotrophic bacteria, sulfur-oxidizing bacteria, sulfate reducers and various groups of phototrophic bacteria. Because of the phylogenetic diversity and the differences in structures of the photosynthetic apparatus, different genes have been selected for the analysis of anoxygenic phototrophic green and purple bacteria. The gene of a bacteriochlorophyll-a protein specific for the green sulfur bacteria (fmoA) was used to analyse the phylogenetic diversity of these bacteria in habitats of wide geographic distribution. Sequences of pufLM genes of the phototrophic purple bacteria, coding for structural proteins of the photosynthetic reaction center in these bacteria, were established as an excellent tool to analyse the diversity and environmental adaptation of these bacteria. The results indicate the presence of new lines of phototrophic sulfur bacteria, but quite surprisingly demonstrate that most of the phylogenetic lines present in nature are already available in pure culture and media and culture conditions established are well suited. Examples are presented for communities of a Baltic Sea lagoon and on saline lakes of Salar de Atacama (Chile).

**Fungal control of dispersion and activity of bacteria in unsaturated environments.**

**Junier, P**[1].

[1] University of Neuchatel.

In unsaturated porous media such as soils the dispersion of bacteria is greatly limited by the discontinuity and thickness of the water film. One mechanism explaining the movement of bacteria under these adverse conditions is the use of fungal hyphae as a dispersion network or the so-called “fungal highway” theory. The dispersion of bacteria by this mechanism has been studied in relationship to accessibility of substrates during the degradation of pollutants. However, the active role of fungi in the process has never been assessed. We studied the dispersion of GFP-tagged *Pseudomonas putida* on a dispersion network formed by the fungus *Morchella esculenta*. *P. putida* was able to migrate on the network colonizing the entire network in a few days and attaining populations of over $10^7$ CFU after 2 days of incubation. However, using glass fibers with the same diameter as fungal hyphae led to the same result. In contrast, a more significant effect was observed for the fungus moiety of the system. Growth in the presence of bacteria modified the translocation of nutritional resources during the production of survival structures (sclerotia). We showed that *M. esculenta* uses a sophisticated mechanism to obtain advantage from the bacteria being transported in its network. The same sort of experiment was performed using other couples of bacteria and fungi. These experiments revealed that bacterial dispersion over the fungal network is a widespread phenomenon not linked to particular bacterial or fungal species. In addition, the effect of dispersion for the enhancement of the degradation of oxalate and other bacterial substrates was shown. The implications of this type of interaction are very significant considering the ecological and functional importance of bacteria and fungi for soil functioning.

**Microorganismos “en acción” en ecosistemas acuáticos: múltiples aproximaciones.**

**Molina, V**[1].

[1]Laboratorio Biologia Marina, Ecologia y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

Los microorganismos son catalizadores primarios de los ciclos biogeoquímicos del ecosistema, siendo el ciclo del nitrógeno en ambientes acuáticos uno de los más sensibles a alteraciones asociadas a gradientes físico-químicos como la salinidad, oxígeno, temperatura y radiación; variables vinculadas al cambio climático. Comprender el nivel de respuesta de los microorganismos, incluyendo atributos ecológicos generales de sus comunidades como patrones de diversidad, riqueza en relación con actividades microbianas específicas inherentes a sus estilos de vida son fundamentales para evaluar el grado de resiliencia del ecosistema a variaciones ambientales. Este seminario aborda experiencias de investigación en sistemas acuáticos marinos y humedales andinos. En estos ecosistemas se evalúan respuestas de la comunidad microbiana a variables ambientales como la salinidad y la radiación a través de aproximaciones basadas en técnicas moleculares como la secuenciación masiva del gen 16S ribosomal, cuantificación de genes funcionales específicos a través de Q-PCR para grupos con función conocida, como el caso de comunidades arqueanas y bacterianas nitrificantes, desde DNA y cDNA. Estas aproximaciones se investigan en función a procesos como la asimilación y oxidación de amonio basadas en técnicas biogeoquímicas con trazadores e inhibidores conocidos para la nitrificación. En general, estas experiencias indican que la estructura microbiana cambia en respuesta a las variables ambientales estudiadas y aquellas comunidades que juegan un rol ecosistémico clave como las nitrificantes permanecen como grupos pobremente representados en genotecas de ribotipos generales. Sin embargo, estos grupos nitrificantes son posibles de evaluar si se estudian específicamente a través de aproximaciones biogeoquímicas y por la expresión de sus genes funcionales.

**Financiamiento: Fondecyt 1110824; 1110953**

**Rol funcional de la Biósfera rara en ambientes extremos.**

**Functional role of rare biosphere in extreme environments.**

**Dorador, C**[1].

[1]Centro de Bioinnovación, Facultad de Recursos del Mar, Universidad de Antofagasta.

Los humedales de altura del Altiplano Chileno son ecosistemas acuáticos remotos y únicos, considerados parte de la Biósfera fría. Generalmente estos ecosistemas contienen organismos con un alto nivel de endemismo que son capaces de prosperar en condiciones ambientales extremas (amplio rango diario de temperaturas, alta radiación solar, aridez). Se ha descrito que la diversidad microbiana en distintas cuencas altiplánicas es particularmente alta, caracterizada por la presencia de grupos previamente no descritos de Archaea y Bacteria. Utilizando distintas técnicas (genotecas, análisis metagenómicos y pirogenotecas del gen 16S rRNA), se ha demostrado que una importante cantidad de secuencias microbianas de humedales altoandinos está distribuida en grupos de baja abundancia, siendo parte de la llamada Biósfera rara. Estos análisis de pirogenotecas de agua y tapetes microbianos del Salar de Huasco, indican además, un bajo porcentaje de identidad de secuencia con aquellas presentes en bases de datos públicas. A nivel de filo, las bacterias raras de tapetes microbianos (1,6-0,05% de abundancia relativa) fueron afiliadas con Planctomycetes, Verrucomicrobia, Chlorobi, Acidobacteria, SR1, Armatimonadetes (ex-OP10), OD1, BRC1, Saccharibacteria (ex-TM7), OP11, Lentisphaerae, Spirochaetes, Synergistetes, entre otras. Generalmente, se desconoce la función y el metabolismo asociado de la biósfera rara, lo cual se debe principalmente a la falta de cultivo y aislamiento de dichos grupos. En este trabajo se muestran las posibles funciones que estarían realizando miembros de la Biósfera rara en tapetes microbianos del Salar de Huasco, apoyados en una multiaproximación biogeoquímica y metagenómica.

**Decifrando la estrcutura comunitaria y ecofisiología en ambientes extremadamente ácidos mediante un abordaje integrado: desde el Pan- al Meta-genoma.**

**An Integrated Approach to Decipher Community Structure and Ecophysiology in Extreme Acidic Environments: from Pan- to Metagenomes.**

**Valdes, Jorge**[1].,Gonzalez, Carolina[1,2].,Holmes, David S.[3].

[1]Bio-Compunting and Applied Genomics Division Fraunhofer Chile Research.

[2]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Facultad de Ciencias Biológicas, Fundación Ciencia & Vida y Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.[3]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello y Fundación Ciencia y Vida.

Las comunidades microbianas acidófilas están principalmente compuestas por bacterias y arqueas quimiolitótrofas que se caracterizan por su capacidad de obtener energía a partir de fuentes inorgánicas como el azufre y hierro y de resistir altas concentraciones de metales pesados. Se encuentran frecuentemente tanto en drenajes ácidos de minas como en entornos naturales en forma de consorcios de microorganismos. Estas comunidades son utilizadas para la solubilización de metales interés comercial (biolixiviación) a partir de mineral de baja ley. En trabajos anteriores hemos descrito los genomas de diversas especies presentes en estos ambientes extremos, su fisiología predicha y su potencial ecofisiológico. El presente estudio introduce nuevos resultados de abordajes metagenomicos, que en conjunto con la información genómica de referencia, permiten inferir la estructura, diversidad genética y metabolismo de las especies presentes en este nicho extremo. Mediante un análisis genómico computacional del metagenoma hemos clasificado potenciales especies y caracterizado la diversidad genética y el potencial impacto funcional en cada uno de los miembros identificados. Adicionalmente, mediante abordajes de filogenómica, el análisis de la información metagenómica ha permitidos enriquecido nuestra concepción del pan- y core-genomas de cada especie, su grado de divergencia natural y los potenciales mecanismos de evolución operantes en cada miembro de la comunidad. La información generada ha permitido identificar genes esenciales, únicos y prescindibles presentes en cada especie, que junto a un análisis de expansión/reducción de familias de proteínas, entregan claves acerca de la dinámica genética de cada representante de este consorcio microbiano.

Sponsored by C.G: Programa De Becas De Doctorado De CONICYT; D.S.H.: CONICYT Basal CCTE PFB16 Y FONDECYT 1130683; J.V.: FONDECYT 11110434 E InnovaChile-CORFO FCR-CSB 09CEII-6991

**Promesas y trampas en Meta- y Single- Cell Genomics.**

**The Promise and Pitfalls of Meta- and Single Cell Genomics.**

**Chain, P**[1].

[1] Los Alamos National Laboratories.

The increased throughput of next-generation sequencing platforms has opened the door to a number of sequencing applications that were not fathomable even a few years ago. While the increased sequencing capacity has enabled the interrogation of microbial consortia of varying complexities, the tremendous amount of data generated has required new data management practices and the development of novel algorithms and tools to adequately analyze the resulting sequences. The constantly changing landscape in sequencing throughput and platforms continues to challenge our ability to process the data (including common practices such as assembly and read-based analyses). In this presentation, some of these challenges will be discussed, along with novel methods adapted for large datasets derived from microbial communities. In particular, the challenge of metagenome assembly, the use of reference genomes, and the development of signature databases to study microbial communities will be discussed, along with efforts to improve single cell genomics methods to more adequately obtain near-complete references for target environments.

**La relación entre la microbiota intestinal y el sistema de mucosas induce una apropiada colonización bacteriana.**

**The interplay between the gut microbiota-mucus layers encourages an appropriate bacterial colonization.**

**Gálvez, R**[1].

[1] Universidad Mayor.

El intestino humano es huésped de un sistema microbiano altamente complejo y dinámico llamado “microbiota intestinal”. Este sistema ecológico es considerado el sistema microbiano mas grande del que se tenga registro en el mundo. Su contenido genético es 100 veces mayor comparado al genoma humano y sus actividades metabólicas superan las actividades realizadas por el hígado humano. La microbiota intestinal y su interacciones entre sus poblaciones microbianas y el huésped, fenómeno llamado “microbioma” es un ecosistema biológico que refleja una selección natural y coevolución simbiótica caracterizado por adaptaciones y beneficios recíprocos en esta particular simbiosis huésped-bacteria. Uno de los grandes desafíos en microbiología intestinal es saber cómo bacterias de la microbiota intestinal establecen colonización bacteriana a lo largo del intestino. El descubrimiento de un sistema de capas de mucosas, interno y externo, protegiendo la superficie intestinal ha emergido como un nuevo concepto que permite mantener la homeostasis huésped-bacteria y permitir la capacidad de la microbiota de colonizar las mucosas intestinales. El sistema de mucosas del tracto intestinal esta organizado por una red polimérica a través de una molécula altamente glicosilada llamada mucina. Existen diferentes tipos de mucinas en el huésped humano, solo mucinas secretadas del tipo 2 predominan y forman las capas de las mucosas en el intestino. Usando animales libres de gérmenes (Germ-free mice) hemos demostrado que la colonización bacteriana de miembros de la microbiota intestinal es un fenómeno localizado en sitios específicos a lo largo del intestino dentro de las capas de las mucosas intestinales. La relación entre la microbiota intestinal y el sistema de capas de la mucosa a lo largo del intestino son conceptos claves, que deben ser esclarecidos en esta particular simbiosis, que permite la apropiada y correcta colonización bacteriana en el intestino del huésped.

**¿Las bacterias controlan el apetito?.**

**Do bacteria control host apetite?.**

**Molina, F**[1].

[1]Biological Complex system modeling and engineering for diagnosis SysDiag UMR3145 CNRS / Bio-Rad .

Recent advances in microbiome analyses bring a new vision on the human host interaction with its various microbiomes. Interestingly theses interactions are now related with many human pathologies. Next to this, it seems that it exist microbiome influences on host behavior. To help investigate the relationship between inflammatory and other diseases and the composition of the gut microbiota, we propose that a positive-feedback loop exists between the preferences of the host for a particular dietary regimen, the composition of the gut microbiota that depends on this regimen, and the preferences of the host as influenced by the gut microbiota. We cite evidence in support of this hypothesis.

**El virus Andes y los mecanismos de transmisión entre humanos.**

**Andes virus and transmission mechanism between humans.**

**Ferres, M**[1].,Martínez-Valdebenito, C[2].,Marco, C[2].,Valdivieso, F[3].,Vial , PA[4].,Cuiza, A[4].,Calvo, M[5].,Mansilla , R[6].,Carvajal, S[7].,Ulloa, J[8].,Carriel, A[9].,Lanino, P[10].,Mertz, G[11].

[1]Laboratorio Infectologia y Virologia Molecular, Medicina, Pontificia Universidad Católica De Chile.

[2]Laboratorio de Infectologia y Virologia Molecular, Medicina, Pontificia Universidad Católica De Chile.

[3]Proyecto Hantavirus Ecologia y Enferemedad, Medicina, Universidad Del Desarrollo.

[4]Proyecto Hantavirus Ecologia y Enfermedad, Medicina, Universidad Del Desarrollo.

[5]Proyecto Hantavirus Ecologia y Enfermedad, Instituto de Medicina, Universidad Austral De Chile.

[6]Región de Los Ríos, Valdivia, Chile, Secretaría Regional Ministerial.

[7]Region de los Lagos, Osorno.Chile, Hospital Base de Osorno.[8]Región de Los Lagos, Puerto Montt, Chile, Secretaría Regional Ministerial.

[9]Region de Los Lagos, Puerto Montt Chile, Hospital Regional de Puerto Montt.

[10]Region de Los Lagos, Puerto Montt, Chile, Hospital Regional de Puerto Montt.

[11]Department of Internal Medicine, , Medicine, University of New Mexico, Albuquerque, USA.. (Sponsored by National Institutes Of Health Award Number U01AI045452)

Síndrome cardiopulmonar por hantavirus en Chile es causado por ANDV. El contagio es por inhalación del virus aerosolizado desde excretas, orina, saliva de roedores (Oligoryzomys longicaudatus). Para ANDV se ha documentado trasmisión persona a persona (PP). Los contacto cercanos del enfermo tienen veinte veces más riesgo de enfermar que otros contactos de la misma casa. ANDV se encuentra en secreciones respiratorias, sangre y orina. Objetivos: Identificar mecanismos de transmisión PP y ANDV en fluidos del paciente y contactos cercanos. Metodología: Pesquisa casos índices (CI) y sus contactos cercanos, seguimiento clínico/virológico 2 y 5 semanas respectivamente. RT- PCR ANDV en fluidos, las muestras positivas se cultivaron en Vero E6. Protocolo aprobado por Comités Ética correspondientes. Resultados: Se han ingresado 62 CI y 104 contactos cercanos. Ningún contacto enfermó al término del seguimiento. Se identificó ARN viral en todos los fluidos de CI a 0, 7 y 15 días. En 57 casos analizados el 100% tenía ARN viral en células blancas y el 87% a 15 días. En secreciones respiratorias 6/44 (14%) y 1/15 (7%), saliva 8/44 (18%) y 1/17 (6%) en iguales tiempos. El fluido gingivo crevicular fue positivo en 28/40 (70%) al diagnóstico, 3/19 (16%), 2/16 (13%) a 7 y 15 días post hospitalización. 87 muestras RT-PCR ANDV positivas fueron cultivadas, 3 (3.4%) resultaron PCR positiva después de 4 semanas. Conclusiones: Estos resultados sugieren que los fluidos estudiados podrían estar involucrados en la transmisión PP. El estudio prospectivo de contactos infectados ayudara a entender mejor los mecanismos de transmisión PP.

**Glicoproteínas de los hantavirus: llaves para la entrada y salida de la célula.**

**Hantavirus glycoproteins: keys for virus cell entry and exit.**

Barriga, Gonzalo[4].,Acuña, Rodrigo[4].,Cifuentes-Muñoz, Nicolás[4].,Villalón, Fernando[4].,Elola, Ana[4].,Márquez, Chantal[4].,Salazar-Quiroz, Natalia[4].,García, María Pía[4].,Bulling, Manuela[4].,Klingström, Jonas[1,2].,Lozach, Pierre-Yves[3].,**Tischler, Nicole[4,5]**.

[1]Center for Infectious Medicine, Department of Medicine Karolinska Institutet, Karolinska University Hospital, Stockholm, Sweden.

[2]Department of Preparedness Swedish Institute for Communicable Disease Control, Solna, Sweden.

[3]INRS-Institut Armand-Frappier Université du Québec, Québec, Canada.

[4]Laboratorio de Virología Molecular Fundación Ciencia & Vida.[5]Facultad de Ciencias Biológicas Universidad Andrés Bello.

Durante las últimas décadas, los hantavirus han emergido en diferentes partes del mundo. Su ciclo replicativo ha sido aún poco dilucidado y por consecuencia no existen antivirales eficaces aprobados por la FDA. Nuestro trabajo se ha enfocado en entender mecanismos moleculares involucrados en la entrada y salida de los hantavirus de la célula. Estos pasos son mediados por las glicoproteínas Gn y Gc ancladas a la envoltura lipídica viral. Los resultados obtenidos indican que Gn y Gc se auto-ensamblan en partículas semejantes a virus, indicando su rol crucial para el ensamblaje viral y supliendo la función de una proteína de matriz presente en otros virus. Además, estudios de mutagénesis de las glicoproteínas indican que existen diferentes regiones esenciales y no esenciales pare este proceso. Para la entrada de virus envueltos a la célula, éstos fusionan su envoltura con membranas celulares. Utilizando estudios *in silico* e *in vitro* en nuestro laboratorio se ha identificado la proteína de fusión de los hantavirus que corresponde a la glicoproteína Gc. Diferentes estudios realizados han además permitido caracterizar las regiones funcionales de Gc y capturar algunos estados intermediarios del proceso de fusión de membranas, ayudando a descifrar este mecanismo molecular. También se han realizado estudios para inhibir el proceso de fusión y se han caracterizado algunos inhibidores candidatos. Las implicaciones fundamentales de los resultados y sus potenciales aplicaciones serán discutidas.

**Hantavirus, NK cells and endothelial cells: who kills whom?.**

**Hantavirus, NK cells and endothelial cells: who kills whom?.**

Gupta, Shawon [1,2].,Braun, Monika[3].,Tischler, Nicole[4].,Stoltz, Malin[1,2].,Sundström, Karin B. [1,2].,Björkström, Niklas K.[3,5].,Ljunggren, Hans-Gustaf[3].,**Klingström, Jonas[1,2,3]**.

[1]Department of Microbiology, Tumor and Cell Biology Karolinska Institutet.

[2]Department of Preparedness Swedish Institute for Communicable Disease Control.

[3]Center for Infectious Medicine, Department of Medicine Karolinska Institutet, Karolinska University Hospital Huddinge.

[4]Laboratorio de Virología Molecular Fundación Ciencia & Vida.

[5]Liver Immunology Laboratory, Division of Gastroenterology and Hepatology, Department of Medicine Karolinska Institutet, Karolinska University Hospital Huddinge.

Rodent-born hantaviruses cause two severe emerging diseases with high case-fatality rates in humans; hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS) in Eurasia and hantavirus pulmonary syndrome (HPS) in theAmericas. As of today, no specific treatment or FDA-approved vaccine for HPS or HFRS exists. The development of specific treatment strategies are highly awaited, but require better understanding of the underlying disease pathogenesis. A hallmark of HPS/HFRS is increased vascular permeability. While endothelial cells are the main targets for hantaviruses, infection *per se* is not lytic. HPS and HFRS patients show remarkable strong cytotoxic lymphocyte responses including high numbers of activated NK cells and antigen-specific CD8 T cells. We recently showed that hantaviruses protect infected endothelial cells from being killed by NK cells and that hantaviruses inhibit apoptosis in general, showing that hantaviruses strongly interfere with normal cytotoxic lymphocyte responses. Here, we will present novel data suggesting that the massive cellular immune activation observed in hantavirus-infected patients is induced via infected endothelial cells, involving previously unknown virus-induced mechanisms. Surprisingly, this leads to a massive, aberrant activation of the cytotoxic immune cells and subsequent killing of uninfected, bystander, cells. These findings have open up new ways of thinking of the diseases caused by hantaviruses, and suggests the possibility that strong immunosuppressive immunochemotherapy such as is used, e.g., in the severe cases of familial hemophagocytic lymphohistiocytosis (FHL), might prevent the most severer forms of HPS/HFRS.

**Experiences and challenges from clinical treatment studies for hantavirus disease.**

**Experiences and challenges from clinical treatment studies for hantavirus disease.**

Valdivieso, Francisca[1].

[1]Medicina Clinica Alemana Universidad Del Desarrollo.

El síndrome cardiopulmonar por hantavirus (SCPH) presenta letalidad >30% y no tiene tratamiento especifico. En patogenia implicados virus y respuesta inmune. Ribavirina es activa in vitro y efectiva en animales pero ensayo clínico en SCPH no demostró efectividad. Estudio abierto sugería utilidad de corticoides para SCPH. Realizamos ensayo doble ciego, randomizado, controlado con placebo para determinar eficacia y seguridad de metilprednisolona en SCPH en 13 hospitales chilenos entre 2003-2007. Enrolamos 66 sujetos, 60 hantavirus confirmado. 30 recibieron metilprednisolona (16mg/kg/d por 3d) y 30 placebo. No observamos diferencia significativa en outcome primario: muerte, PaFi<55, IC<2.2, taquicardia o fibrilación ventricular. No hubo eventos adversos serios (EAS), ni incremento carga viral por metilprednisolona. En modelo animal de SCPH, uso de anticuerpos neutralizantes (AcN) previene muerte. En humanos, título AcN al ingreso hospitalario tiene correlación inversa con gravedad. Desarrollamos estudio abierto de seguridad y eficacia de inmunoplasma humano para SCPH. Obtuvimos plasma por plasmaféresis a donantes al menos 6 meses post-enfermedad. Se midieron AcN mediante FRNT. Enrolamos 32 sujetos, 29 confirmados SCPH entre 2008-2012. Todos recibieron inmunoplasma en dosis 5.000U AcN/kg. Letalidad tratados fue 4/29(14%) vs. no tratados 63/199(32%) (Chile 2008-2012), p=0,052 OR=0,35(IC=0,12-1,03). Niveles de anticuerpos alcanzados fue variables, sin EAS asociados. Existen dilemas éticos y dificultades prácticas para realización de ensayos clínicos en esta enfermedad de baja incidencia pero alta letalidad.

**_Dictyostelium discoideum_ y _Danio rerio_ como modelos para estudios de la interacción patógeno-hospedero.**

**_Dictyostelium discoideum_ and _Danio rerio_ as models for host-pathogen interaction.**

**Chavez, Francisco P.**[1].

[1]Departamento de Biologia, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. (Sponsored by Francisco Chavez)

Como alternativa al uso de animales mamíferos, en los últimos años ha habido un incremento en el uso de diferentes modelos biológicos tanto vertebrados como invertebrados para realizar estudiar la virulencia y los mecanismos de patogenicidad bacteriana. Entre estos modelos la ameba social (*Dictiostelium discoideum*) y el pez cebra (*Danio rerio*) han sido utilizados con éxito en numerosos estudios patógeno-hospedero. Estos modelos tienen ventajas para realizar estudios in vivo por la sencillez de sus experimentos y por el alto número de muestras que pueden ser analizadas. En el caso de *D. discoideum*y se aprovecha sus capacidades fagocíticas para crecer y formar placas en un césped de bacterias no patógenas pero no en las bacterias virulentas. Mediante este análisis determinamos la virulencia de cepas silvestres de *Salmonella* enterica serovares Typhimurium y Enteritidis en diferentes condiciones de crecimiento de la ameba y de la bacteria así como mutantes del metabolismo de los polifosfatos inorgánicos (poliP). A su vez analizamos la virulencia de cepas silvestres y mutantes de *Pseudomonas aeruginosa* en diferentes condiciones. Los resultados obtenidos en la ameba se corresponden con los obtenidos en otros modelos incluso en mamíferos. Por otra parte el pez cebra *(Danio rerio)* también ha sido utilizado con éxito para estudios de infección con patógenos bacterianos. Particularmente en este modelo hemos desarrollado novedosos métodos de infección no invasivos con larvas en diferentes estados del desarrollo. Mediante estos ensayos hemos estudiado también cepas virulentas y mutantes atenuadas de las *S.* Typhimurium y Enteritidis así como las mismas cepas de *P. aeruginosa* ensayadas en la ameba. Nuestros resultados demuestran que la virulencia bacteriana puede ser estudiada en modelos de infección simple que luego puedan ser estudiados en modelos animales mamíferos.

**Hongos carnívoros modulan la respuesta de escape del nemátodo *Caenorhabditis elegans***

**Carnivorous fungi shape the escape response of the nematode *Caenorhabditis elegans.***

**Alkema, M**[1].

[1] University of Massachusetts Medical School.

Predator-prey interactions are vital determinants in the natural selection of behavioral traits. The nematode *C. elegans* habitat consists of decaying organic matter where it feeds on bacteria. Gentle touch to the head of *C. elegans* elicits an escape response in which the animal quickly reverses and suppresses exploratory head movements. We have studied the ecological significance of the touch response in predator-prey interactions between *C. elegans* and predacious fungi that possess hyphal structures to trap nematodes. Predacious fungi form few, if any traps in the absence of nematodes. Trap formation is induced by the presence of nematodes and stimulates the growth of a variety of hyphal traps. The most sophisticated trapping mechanism consists of a hyphal constricting ring. When a worm crawls through the ring, gentle friction induces the ring to rapidly inflate and lasso its prey. Once a nematode is caught in a hyphal trap, death does not come quickly. A prolonged struggle usually ends when fungal hyphae perforate the cuticle, and absorb the contents of the nematode. We show that the constricting rings of *Drechslerella doedycoides* catch early larval stages of *C. elegans* with a diameter similar to the trap opening. There is a delay between the ring entry and ring closure, which allows *C. elegans* to withdraw from the trap before being caught. Mutants that fail to suppress head movements in response to touch are caught more efficiently than the wild-type. We show that the coordination of head and body movements allows *C. elegans* to smoothly retract from a fungal noose and evade capture. Our results suggest that selective pressures imposed by predacious fungi have shaped the evolution of *C. elegans* escape behavior.

**Diapausa inducida por patógenos bacterianos es un mecanismo transgeneracional de defensa en el nemátodo *Caenorhabditis elegans.***

**Pathogen induced diapause is a transgenerational mechanism of defense in *C. elegans.***

**Calixto, A**[1].

[1]Centro de Genomica y Bioinformatica, Biotecnologia, Universidad Mayor.

The survival or demise of a host depends on its dynamic interaction with pathogens in its environment. We are investigating the effects of environmental and genetic variation on the survival and behavior of a host and its progeny, upon bacterial infection. We used *C. elegans*, as a host; and *P. aeruginosa* PAO1, an opportunistic human pathogen, as infectious agent. Environmental variation was performed supplementing or removing inorganic phosphate (Pi) from the growth media. Removal of Pi produces pigment expression and more virulent bacteria. Animals on *P. aeruginosa* PAO1 at high Pi survived better than at low Pi. Genetic variations were produced by mutations in both pathogen and host. We followed the viability of worms on *P. aeruginosa* PAO1 for two generations: Surprisingly, worms formed large amounts of dauers in the F2. We show that dauer formation is not specific of *P. aeruginosa* PAO1 exposure since they also formed dauers on *Salmonella enterica*. Dauer entry upon infection depends on transcriptional activation of DAF-16 but is independent from pheromone production since dauer formation was unaffected in *daf-22* mutants. Worms preferred *P. aeruginosa* PAO1 over *E. coli* on high Pi. On low Pi initially preferred *P. aeruginosa* PAO1 but switch their preference for *E. coli* after the first hour. Systemic host responses, like RNA interference (RNAi) are likely to be most effective for defense against viruses since they spread far from their entry place. However the link between RNAi and bacterial pathogenesis is unknown. Several *C. elegans* RNAi mutants have a wild-type appearance under laboratory conditions when raised on non-pathogenic bacteria. While RNAi mutants are able to form dauers upon starvation, we found that both cell autonomous and environmental RNAi mutants, failed to form dauers on *P. aeruginosa* PAO1. Furthermore, RNAi mutants failed to avoid pathogenic bacteria in acute and chronic experiments. Our findings suggest that pathogen induced dauer formation is RNAi dependent and serves as trangenerational defense mechanism against bacterial infection.

**Explorando las interacciones planta-bacteria usando el sistema modelo *Arabidopsis thaliana* y dos *Burkholderiales* (*Burkholderia phytofirmans* PsJN and *Cupriavidus pinatubonensis* JMP134).**

**Exploring plant-bacteria interactions using *Arabidopsis thaliana* and two *Burkholderiales* (*Burkholderia phytofirmans* PsJN and *Cupriavidus pinatubonensis* JMP134) as model system.**

**Gonzalez, Bernardo**[1].,Donoso, Raúl[1].,Zúniga, Ana[1].,Leiva-Novoa, Pablo[1].,Timmermann, Tania[1].,Ledger, Thomas[1].,Poupin, María Josefina[1].

[1]Laboratorio de Bioingenieria, Facultad de Ingeniería y Ciencias , Universidad Adolfo Ibáñez.

The interaction between plants and bacteria is a fascinating world where negative (phytopathogens), presumably “neutral” and positive (plant growth promoting rhizobacteria- PGPR) effects are part of a continuum based on complex underlying mechanisms. We have studied the interaction of the plant model *Arabidopsis thaliana* with two closely related β-proteobacteria: the relatively well-known PGPR *Burkholderia phytofirmans* PsJN, and the non-PGPR (but quite versatile aromatic compounds degrader model) *Cupriavidus pinatubonensis* JMP134. Both bacteria establish rhizospheric and endophytic associations with *A. thaliana*. *A. thaliana* root exudates are carbon and energy sources for these strains, and specific transcriptional (transcriptomic) responses to the presence of these plant components are found. Strain PsJN promotes *A. thaliana* growth (increases in fresh weight, root length, root hairs, chlorophyll contents) and protects the plant from infection by a phytopathogen and from saline abiotic stress. In turn, strain JMP134 protects the plant from chemical stress (herbicide exposure). We have demonstrated that several bacterial functions are involved in these effects, but the specific function is dependent on the promoted plant trait. Among them, aromatic compounds degradation functions (*cat*/*ben*/*pca* genes, *tfd* genes); molecular functions related to the production of volatile organic compounds, modulation of ethylene phytohormone levels (*acdS* gene), synthesis and degradation of the phytohormone 3-indoleacetic acid (*iac* genes); and bacterial quorum sensing (*bpl* genes, which in turn control motility and exopolysaccharide production genes). These results suggest a complex array of molecular signaling and transcriptional responses underlying plant-bacteria interactions.

**Control genético y regulación de la biosíntesis de isoprenoides en la levadura *Xanthophyllomyces dendrorhous*.**

**Genetic control and regulation of the biosynthesis of isoprenoids in the yeast *Xanthophyllomyces dendrorhous.***

**Alcaino, J**[1].

[1]Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad De Chile.

Los isoprenoides son un grupo de compuestos naturales que cumplen diversas funciones biológicas. Se caracterizan por estar formados por bloques de isopreno, cuya unidad activa es isopentenil pirofosfato (IPP). La síntesis de carotenoides y de esteroles derivan de IPP, siendo astaxantina y ergosterol los productos finales de ambas vías en la levadura carotenogénica *Xanthophyllomyces dendrorhous*. Estos productos tienen atractivo biotecnológico, ya que astaxantina posee propiedades antioxidantes y se utiliza como colorante especialmente en acuicultura, mientras que ergosterol es precursor de la vitamina D. Por otra parte, en ambas vías de síntesis participan enzimas citocromo P450 las que requieren de un sistema de donación de electrones que generalmente corresponde a la enzima citocromo P450 reductasa (CPR). Sin embargo, en otros organismos se han descrito vías alternativas de donación de electrones a través de citocromo b5 y citocromo b5 reductasa. De acuerdo con nuestros resultados esta vía posiblemente participa en la síntesis de ergosterol, pero no en la de astaxantina en *X. dendrorhous*, ya que CPR mostró ser esencial en la síntesis de este compuesto. Por otra parte, mutantes incapaces de sintetizar ergosterol son sobreproductores de astaxantina, sugiriendo que ergosterol regula la síntesis de carotenoides por un mecanismo de *feedback* negativo. Así, entre los objetivos de nuestro grupo de investigación se busca identificar y estudiar elementos genéticos comunes en la síntesis de carotenoides y de ergosterol involucrados en su control y regulación, los que podrían ser candidatos como blancos en programas de mejoramiento genético de la levadura utilizando herramientas de Ingeniería Metabólica.

**Financiamiento: Fondecyt 11121200 e INACH RG_07-12.**

**Regulatory insights into biofilm formation of *Archaea*. Functional studies of the first identified archaeal biofilm transcriptional regulator AbfR1 in *Sulfolobus acidocaldarius.***

**Regulatory insights into biofilm formation of** *Archaea***. Functional studies of the first identified archaeal biofilm transcriptional regulator AbfR1 in** *Sulfolobus acidocaldarius.*

**Orell, Alvaro**[1,3].,Peeters, Eveline[2].,Vassen, Victoria [3].,Jachlewski, Silke[4].,Schalles, Sven[3].,Siebers, Bettina [4].,Albers, Sonja[3].

[1]Programa de Microbiología y Micología, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

[2]Department of Sciences and Bio-engineering Sciences University of Brussels.

[3]Molecular Biology of Archaea Max Planck Institute for terrestrial Microbiology.

[4]Molecular Enzyme Technology and Biochemistry (MEB), Faculty of Chemistry, University of Duisburg-Essen. (Sponsored by Cecilia Toro Ugalde)

Archaea predominately exist by forming biofilms in nature. However, the molecular mechanisms driving archaeal biofilm development remain poorly characterized. Previously, the maturation of crenarchaeal biofilms by *Sulfolobus* spp. was studied by transcriptomic and proteomic profiling. Here we provide data suggesting that the transcriptional regulators belonging to the Lrs14-like protein family constitute a key regulatory factor during *Sulfolobus* biofilm development. Mutational analysis combined with phenotypic and *in vitro* characterization of the six homologous Lrs14 proteins encoded by *S. acidocaldarius* revealed that three of them markedly influenced biofilm formation. For one homolog, *saci0446*, it was shown that its deletion strongly impaired cell motility and highly increased EPS production, leading to an enhanced biofilm phenotype. Accordingly, *saci0446* was renamed as *abfR1* (for archaeal biofilm regulator 1). Moreover, although the expression of the adhesive pili (aap) genes was up regulated, the genes of the motility structure, the archaellum, were down regulated in Δ*abfR1* strain. Gel shift assays confirmed that AbfR1 bound to the promoters thus controlling the expression of both cell surface structures. In addition, genetic epistasis analysis using Δ*abfR1* as background strain identified a gene cluster involved in the EPS biosynthetic pathway of *S. acidocaldarius*. Thus, these results provide the first insights into the molecular mechanisms that govern biofilm formation in Crenarchaea. As a step forward, we are currently working on unraveling the transcriptional regulatory network of AbfR1. Our approach use a combination of large-scale gene expression analysis by RNA-seq, a genome-wide mapping of AbfR1 interactions by ChIP-seq, and a systematic mutational analysis to characterize the identified genes within the biofilm genetic program of *S. acidocaldarius*.

**Nuevas estrategias para combatir el virus herpes simplex 2.**

**Novel strategies to counteract herpes simplex virus 2.**

**González, P**[1].,

[1] Pontificia Universidad Católica de Chile.

Herpes simplex virus 2 (HSV-2) is the major cause of genital ulcers worldwide and infects nearly 500 million people. Infection with HSV-2 is lifelong and is characterized by frequent reactivations, as well as asymptomatic virus shedding. Importantly, HSV-2 has been consistently demonstrated to increase the risk of acquiring and transmitting human immunodeficiency virus (HIV). In sub-Saharan Africa, up to a quarter of HIV infections may be attributed directly to HSV-2. Thus, prevention of HSV-2 is an important public health concern. Previous attempts to develop a vaccine against HSV-2, based on viral subunit proteins have failed in clinical trials, despite inducing high titers of anti-gD neutralizing antibodies in the sera of vaccinated individuals. These clinical trials suggest that protective immunity against HSV-2 requires effective T cell immune responses. Here, we assessed the capacity of recombinant attenuated mycobacteria strains expressing HSV-2 to confer protection to this virus. Mice immunized with an attenuated strain of *Mycobacterium smegmatis* (Δike) recombinant for HSV-2 antigens developed both, anti-HSV-2 antibodies and IFN-γ expressing T cells against HSV-2 antigens. Upon challenge with a lethal dose of HSV-2, mice immunized with this formulation displayed significantly less neurological disease and had increased survival. Thus, approaches based on attenuated recombinant mycobacteria should be further evaluated as potential strategies to confer protection against HSV-2.

**Escisión de ROD21 y su impacto en la virulencia de *Salmonella* Enteritidis.**

**Excision of ROD21 and its impact on the virulence of *Salmonella* Enteritidis.**

**Tobar, H**[1].

[1] Pontifica Universidad Católica de Chile.

Así como muchas otras enterobacterias, el genoma completo de *Salmonella* Enteritidis (*S.* Enteritidis) ha sido secuenciado y anotado. Estudios de genómica comparativa de S. Enteritidis con otros serovares han permitido la identificación de regiones ausentes en otros serovares de *Salmonella.* Una de estas corresponde a ROD21, que se encuentra flanqueada por secuencias de DNA directo repetidas y posee genes involucrados en virulencia y otros que codifican para integrasa y escisionasa. En investigaciones previas, hemos demostrado que ROD21 corresponde a un elemento genético inestable, que es capaz de escindirse del cromosoma. Evaluamos si la escisión de ROD21 es requerida para que *S.* Enteritidis pueda causar una enfermedad sistémica en su hospedero. Para esto, generamos cepas imposibilitadas de escindir ROD21 y encontramos que presentan reducida su capacidad de causar enfermedad letal y colonizar órganos, comparando con la cepa wild type. Además, generamos cepas que presentan aumentada la frecuencia de escisión de ROD21, observando un aumento en la capacidad de causar enfermedad letal en ratones. Analizamos el nivel de expresión de los genes de ROD21 en los distintos estados de integración de la isla, observamos que se produce un aumento en la expresión de los genes cuando ROD21 esta imposibilitada de escindirse o se escinde con menor frecuencia. Nuestros resultados sugieren que la escisión de ROD21 en *S.* Enteritidis afecta su capacidad de causar enfermedad en ratones. Además nos sugiere fuertemente que la escisión de ROD21 tiene un rol importante en la modulación de la expresión de genes de virulencia de *S*. Enteritidis. Financiamiento: Fondecyt 11075060, 1100971, 1110604 y Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy (P09-016-F).

**Oceanografía microbiana de aguas deficientes de oxígeno.**

**Microbial oceanography of oxygen deficient zones.**

**Ulloa, O**[1].

[1] Universidad de Concepción.

Las zonas marinas deficientes en oxígeno (ZMOs) albergan abundantes y diversas comunidades microbianas que dirigen procesos biogeoquímicos de implicancia global, en particular aquellos relacionados con el ciclo del nitrógeno. Por lo tanto, la desoxigenación de los océanos y la expansión e intensificación de las ZMOs oceánicas debido al calentamiento global se ha convertido en un tema relevante debido a su impacto ambiental. Estudios recientes han mostrado que algunas de las mayores ZMOs oceánicas son anóxicas y que los procesos considerados estrictamente anaeróbicos están activos dentro de ellas. Sin embargo, incluso en la aparente ausencia total de oxígeno y la dominancia de procesos anaeróbicos, procesos aeróbicos como la nitrificación ocurren, particularmente en la parte superior de la ZMO. En este contexto, nuestro laboratorio estudia a través de diversas técnicas (metagenómicas/metatranscriptómicas, genómica de célula-única, citometría de flujo multicolor, y análisis biogeoquímicos) la diversidad, composición y rol de la comunidad microbiana en el ciclaje de nutrientes y el flujo de energía en las ZMOs, con especial interés en aquellos organismos que son no cultivables y cuyas características genómicas y fisiológicas son desconocidas.

**Cambios en el genoma, el ciclo de vida, y la morfología de fitoplancton cosmopolita, *Emiliania huxleyi*, estarían relacionados con la productividad y variabilidad de ambientes oceánicos.**

**The plasticity of the genome, the life cycle, and the morphology of a cosmopolitan eukaryotic phytoplankton, *Emiliania huxleyi*, are related to the productivity and variability of ocean environments.**

**Von Dassow, Peter**[1].

[1]Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile.

Desde su aparición en el registro fósil hace solamente 290 mil años, el fitoplancton eucarionte *Emiliania huxleyi* ha colonizado la superficie del océano, desde regiones sub-polares hasta tropicales y desde aguas productivas hasta aguas oligotróficas. Esa especie produce placas de calcita en la fase diploide de su ciclo de vida, por lo cual puede ser importante en ciclos de carbono. *Emiliania huxleyi* exhibe variaciones importantes en la morfología, el ciclo de vida, y sus respuestas fisiológicas frente a estrés ambiental. El nivel de calcificación varía con el ambiente, y células genéticamente hiper-calcificadas dominan en la surgencia naturalmente alta en $pCO_2$ en las costas de Chile. La respuestas fisiológicas frente a estrés ambiental depende fuertemente del origen de la cepa y la fase del ciclo de vida. Las cepas provenientes de regiones sub-tropicales, estables, y poco productivas han perdido genes para la fase haploide del ciclo de vida y son asexuales, mientras que las cepas provenientes de regiones costeras, variables, y productivas siempre mantienen esos genes. La secuenciación y exploración de los genomas han revelado que, en la rápida diversificación del genoma, cambios en el contenido del genoma por eliminaciones de partes genes y re-organización de cromosomas han sido mucho más importante que cambios a nivel de nucleótidos. Los patrones de ADN por célula revela que la pérdida del ciclo de vida y genes asociados no están relacionada con “genome streamlining” para adaptación a la vida en aguas oligotróficas. Esas observaciones nos ayudan a entender mejor los procesos y escalas de tiempo de evolución de los microorganismos eucariontes.

**Reconstrucción metabólica en una zona costera deficientes en oxígeno: de las Meta – (…) – ómicas a los experimentos de incubación.**

**Metabolic reconstruction in a coastal oxygen minimum zone: from Meta – (…) – omics to incubation experiments.**

**Murillo, A**[1].,Lucy, Belmar[2].,Salvador, Ramírrez-Flandes[1].,Bárbara, Léniz[1].,Cristian, Venegas[1].,Gadiel, Alarcón[1].,Osvaldo, Ulloa[1].

[1]Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas , Universidad De Concepción.

[2]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile.

Las técnicas moleculares independientes de cultivo nos han permitido indagar en la denominada “biota extraña”, que representa el 99% de la diversidad biológica no cultivable y que había permanecido hasta hace un par de décadas fuera del foco de estudio de los microbiólogos. Dentro de los ambientes que habían permanecido poco explorados, los océanos se revelaron dominados por microorganismos con un promedio de $10^6$ bacterias/mL, y siendo los hábitats más extensos de la tierra, los procesos biológicos que en ellos se desarrollan modulan los ciclos biogeoquímicos globales y el clima.

El advenimiento de las técnicas de secuenciación de alto rendimiento ha permitido, no sólo, describir la diversidad taxonómica de los organismos ambientales, a través del análisis del rARN, sino que también obtener información del potencial metabólico de las comunidades microbianas, a través de sus genomas y la expresión génica en dichas comunidades, pudiendo determinar, bajo ciertas condiciones, cuales son los organismos claves del ecosistema. En base a estas técnicas metagenómicas y metatranscriptómicas nuestro grupo ha trabajado en la reconstrucción metabólica de los organismos numéricamente dominantes en zonas costeras deficientes de oxígeno, donde los metabolismos de nitrógeno, carbono y azufre están estrechamente acoplados. Estos datos nos han permitido plantear hipótesis sobre el potencial metabólico, que hemos puesto a prueba en experimentos de incubación en sistemas de microcosmos especialmente diseñados para mantener las condiciones *in situ* de la columna de agua, donde la concentración de oxígeno es <3nM, los principales aceptores de electrones son $NO_3^-$ y $NO_2^-$, los dadores de electrones son $H_2S$ y $NH_4^+$ y la fijación de carbono por quimiolitoautotrofía puede llegar a niveles equiparables a la producción primaria de la capa fótica.

Sponsored by Gordon And Betty Moore Fundation, MI_LOCO Project. Proyecto FONDECYT Postdoctorado # 3120047

**Uso de genómica y metagenómica para estudiar la historia evolutiva y adaptación ambiental en microorganismos.**

**Using genomics and metagenomics to study the evolutionary history and environmental adaptation of microorganisms.**

**Ugalde, Juan A.**[1].

[1]Scripps Institution of Oceanography University of California, San Diego.

El uso de aproximaciones genómicas al estudio de comunidades microbianas, en particular aquellas en donde no es posible cultivar los organismos presentes, ha permitido generar nueva información sobre la diversidad taxonómica y metabólica presente en los miembros que la conforman. Estas comunidades se encuentran sujetas a múltiples factores externos, tanto abióticos como bióticos, influyendo en la diversidad genética, la cual no es posible de cuantificar por análisis de diversidad a través de marcadores (como 16S rRNA) o aproximaciones metagenómicos, la cual muchas veces sólo genera una idea superficial sobre la diversidad genética de la comunidad. En el presente trabajo, quiero mostrar como utilizando genómica comparativa y estudios de metagenómica, podemos explorar en profundidad la diversidad genética de grupos de microorganismos además de explorar su conexión con las condiciones ambientales en que habitan, esto mediante dos ejemplos; en primer lugar, a través de la comparación de 75 genomas de miembros de un mismo género, podemos explorar el conjunto de genes únicos y compartidos entre ellos (pan-genoma), identificando aquel set de funciones común a un grupo y que es único para cada uno de sus miembros, complementando además con la identificación de genes que se encuentren bajo presión selectiva; en segundo lugar, mostrar cómo a través de una aproximación metagenómica, es posible reconstruir genomas de microorganismos que no se tienen en cultivo, y utilizar esta información para explorar la diversidad genética presente en una población microbiana en el ambiente.

**La reducción de telurito ($Te^{+4}$) a su forma elemental ($Te^{0}$) como mecanismo de resistencia de *Escherichia coli* al tóxico.**

**Vasquez, C**[1].

La exposición de bacterias a telurito genera una pigmentación negra debido a la acumulación intracelular de cristales de teluro en estado elemental, fenómeno que ocurre como consecuencia de la reducción enzimática del tóxico ($Te^{+4}$, soluble) a su forma no tóxica (Te elemental, insoluble). Sin embargo, esta reducción tiene como una de sus consecuencias la generación de superóxido, gatillando de este modo un estado de estrés oxidativo en la célula, el que puede ser combatido vía los mecanismos clásicos de respuesta a estrés.

En este contexto y a la fecha, se ha descrito que diversas enzimas poseen una actividad secundaria que les permite reducir telurito a teluro elemental, denominada genéricamente actividad telurito reductasa o TR. Entre ellas se encuentran nitrato reductasas, el componente E3 del complejo piruvato deshidrogenasa, catalasas y la isocitrato deshidrogenasa, entre otras. Recientemente nuestro laboratorio ha descubierto nuevas enzimas que exhiben actividad TR que participan en la cadena de transporte de electrones, vías oxidativas, balance redox y respiración anaeróbica.

Dado que no se ha dilucidado el mecanismo molecular por el que estas enzimas reducen el metaloide, en esta charla se discutirá los avances logrados al respecto y su relación con el referido estrés oxidativo que se genera en presencia de telurito.

**Financiado por Fondecyt Regular 1130362.**

**Oxidación de proteínas por radicales libres.**

**Protein oxidation by free radicals.**

**Lissi, E**[1].

[1] Universidad de Santiago de Chile.

La oxidación de proteínas mediada por radicales libres es un proceso de importancia fisiológica ya que puede afectar su estructura y función. El mecanismo del proceso depende de la proteína, la reactividad y selectividad de los radicales y el locus de su generación. Asimismo, dependen de la proteína y del radical los rendimientos de los principales marcadores generalmente empleados para determinar el nivel de oxidación de las proteínas, grado de oxidación de los grupos tiol, grupos carbonilo, ditirosinas, sulfóxidos, fragmentación, oligomerización, etc. La variedad de factores involucrados hace muy difícil la generalización y el establecer parámetros tan difusos como el “grado de oxidación” de una proteína. En esta presentación nos referiremos a algunos trabajos de nuestro grupo que versan sobre estos aspectos. En especial nos referiremos al efecto de la reactividad del radical atacante y de su localización, con especial énfasis en el rol de los grupos Trp, la generación de carbonilos, la fragmentación de la cadena principal, la protección generada por la presencia de grupos reactivos ( por ejemplo grupos –SH) y la ocurrencia de procesos “en cadena”

**Reguladores no convencionales involucrados en la respuesta SOS: Rol de los factores transcripcionales ArcA y SlyA.**

**Unconventional regulators involved in the SOS response: Role of transcription factors ArcA and SlyA.**

**Saavedra, C**[1].

[1]Ciencias Biológicas, Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

*Salmonella* Typhimurium es un patógeno de amplio rango de hospedero, que al ser fagocitado por células especializadas debe ser capaz de resistir el ataque de una serie de especies reactivas de oxígeno (ROS), como peróxido de hidrógeno ($H_2O_2$). *Salmonella* modula su expresión génica en respuesta a ROS, dentro de los reguladores clásicos se encuentran OxyR y SoxRS. Sin embargo en el último tiempo hemos demostrado los que los factores transcripcionales ArcA y SlyA participan en la resistencia a ROS. Mediante análisis transcriptómicos en dos condiciones de la cepa Δ*arcA*, validación por qPCR se determinó que el regulon de ArcA es distinto en aerobiosis y estrés oxidativo. Además, mediante la medición de NAD+/NADH y GSH/GSSG se determinó que ArcA modula multiples vias del metabolismo central. Por otro lado, mediante qRT-PCR e inmunodetección se determinó que la expresión de SlyA aumenta en respuesta a $H_2O_2$ y se evaluó la susceptibilidad de las cepas 14028s y Δ*slyA* por MICs y MBCs. Además, se determinaron marcadores de daño oxidativo como lipoperoxidación de membrana y carbonilación de proteínas. Análisis transcriptómicos, validación por qPCR y ensayos de interacción DNA-proteína se identificó el regulon de SlyA en respuesta a $H_2O_2$. Lo cual nos permitió definir por primera vez el regulon de SlyA, el cual participa en la modulación de una serie de vías metabólicas relacionadas con la respuesta a ROS. En conclusión los factores transcripcionales ArcA y SlyA son requeridos para la resistencia frente a $H_2O_2$.

**Financiamiento: FONDECYT 1120384 y UNAB DI-19-12/I. Agradecimientos: BECA CONICYT a Collao B.**

**Estrés oxidativo en bacterias y sus nuevas terapias.**

**Oxidative stress in bacteria and their novel therapies.**

**Seeger, M**[1].

[1]Química Universidad Técnica Federico Santa María.

El cambio de una atmósfera sin oxígeno a una atmosfera que contiene un 20% de oxígeno en el planeta Tierra fue consecuencia de la actividad microbiana.Este cambio en la atmósfera permitió el desarrollo del metabolismo aerobio en los seres vivos, que es mucho más eficiente que el metabolismo anaerobio. Sin embargo, el metabolismo aerobio produce inevitablemente especies reactivas de oxígeno (ROS), lo que genera estrés oxidativo y puede provocar un daño en macromoléculas relevantes en los organismos. Para contrarrestar este estrés, los seres vivos incrementan la síntesis de enzimas y de moléculas antioxidantes. Por consiguiente, para la viabilidad de un organismo aerobio es fundamental mantener un equilibrio entre la generación y la destrucción de ROS, que impidan una acumulación de especies reactivos que pueden provocar daño en proteínas, lípidos y ácidos nucleicos lo que puede derivar en la muerte celular. El objetivo de este trabajo es estudiar el estrés oxidativo en bacterias durante el metabolismo de compuestos aromáticos y explorar diversas estrategias de terapia celular. Durante el metabolismo aerobio en bacterias de diversos compuestos aromáticos y xenobióticos como bifenilo y los policlorobifenilos (PCBs), se observó un aumento de ROS y una inducción de proteínas antioxidantes, que reflejan una situación de estrés oxidativo. Una estrategia utilizada para enfrentar los ROS ha comprendido la sobreexpresión de genes de defensa de estrés oxidativo, lo que ha permitido incrementar la degradación y biorremediación mediante bacterias de PCBs. Otra estrategia para contrarrestar este estrés, ha sido la síntesis de una serie de nuevas moléculas antioxidantes a partir de sustratos naturales y sintéticos mediante el empleo de enzimas microbianas como dioxigenasas y deshidrogenasas tanto nativas como recombinantes. Para esto se han utilizado cepas bacterianas recombinantes que sobreexpresan enzimas heterólogas específicas. Algunos de las moléculas antioxidantes naturales y biosintéticas han demostrado tener un gran potencial antioxidante, lo que se ha medido por un ensayo *in vitro* (DPPH). La adición exógena de compuestos antioxidantes ha protegido a las células microbianas frente a la exposición a compuestos aromáticos cuyo metabolismo genera ROS, y ha permitido incrementar su crecimiento celular. Para desarrollar una alternativa de entrega de compuestos antioxidantes, se han sintetizado nanopartículas metálicas como transportadores de estos compuestos bioactivos. La aplicación de moléculas antioxidantes como alfa-tocoferol y flavonoides ha incrementado la biomasa microbiana, la degradación de compuestos aromáticos y la biorremediación de suelos contaminados con xenobióticos por bacterias. Se discutirán algunas de las proyecciones biotecnológicas de estos estudios.

**Agradecimientos: Becas Doctorales Conicyt (FM), Mecesup FMS0710 y Convenio Mecesup (FC,FM), proyectos FONDECYT (1110992,1070507), USM (131342, 131109) y CN&SB.**

**Búsqueda de mecanismos de osmoadaptación en la bacteria halotolerante *Exiguobacterium sp.* mediante el uso de herramientas OMICS.**

**Search of osmoadaptative mechanisms in the halotolerant bacteria *Exiguobacterium* sp. by using OMICS tools.**

**Remonsellez, F**[1].

[1]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias Geológicas, Universidad Católica Del Norte.

El género *Exiguobacterium* se ha detectado en diversos ambientes extremos tales como hielos en glaciares de Groenlandia, Siberia (Rusia), fuentes hidrotermales en Parque Yellowstone, y lagos salinos en el Altiplano de los Andes. Interesantemente, varias cepas de este género poseen propiedades únicas de interés para aplicaciones en biotecnología y biorremediación. A pesar de que en los últimos años se han aislado y caracterizado un gran número de bacterias halófilas, es muy poco lo que se sabe acerca de sus mecanismos de adaptación a la sal. El microorganismos modelo que estamos utilizando es la cepa *Exiguobacterium* sp. SH31 que fue aislada desde el Salar de Huasco ubicado en el Altiplano Chileno, el cual presenta condiciones poliextremófilas tales como baja presión atmosférica, alta radiación solar, alta concentración de sales, grandes diferencias de temperatura entre el día y la noche, entre otros. Además de análisis fisiológicos, la genómica ha sido una de las herramientas utilizadas para la búsqueda de mecanismos de osmoadaptación en esta cepa. El genoma de nuestra cepa se secuenció utilizando la tecnología Roche 454 FLEX, el ensamblaje incluyó 17 scaffolds, y el tamaño final es de 3.049.122 pares de bases. Mediante el sistema de anotación automática RAS se han detectado un total de 3.113 secuencias codificantes (CDSs). Hasta el momentose han detectado genes relacionados con respuesta a estrés tales como *groL*, *groS*, *dnaK*, *cspC*, *gyrA*, *gyrB*, entre otros. También se han detectado rutas metabólicas relacionadas con la síntesis de solutos compatibles (específicamente glutamato y glutamina) y de β-carotenos incluyendo el gen *crtB*. Análisis filogenéticos utilizando genes conservados en cepas del género *Exiguobacterium* con genomas disponibles, indican que nuestra cepa es más cercana a la cepa S17 aislada desde la Laguna Socompa en los Andes (Argentina). Finalmente, nuestro grupo además está interesado en identificar y estudiar elementos genéticos relacionados con la síntesis de otras biomoléculas y metabolitos secundarios con potenciales aplicaciones biotecnológicas

**Financiamiento: Fondecyt 11100414**

**Librerías genómicas y su uso en detección de mecanismo de acción de antibióticos.**

**Genomic tools to profile antibiotic mode of action.**

**Cardona, S**[1].

[1] University of Manitoba.

A pesar de los avances en secuenciación de genomas microbianos y genómica comparada todavía hay un numero sustancial de genes esenciales de función desconocida. Estos genes necesarios para el crecimiento microbiano son blancos de nuevos antibióticos. Adicionalmente, adelantos en química combinacional han permitido a la industria farmacéutica evaluar el efecto biológico de millones de micromoléculas en la búsqueda de nuevos antibióticos. Una forma de identificar los blancos de acción de estos compuestos nuevos es mediante la genómica química, la cual se trata de explorar masivamente las interacciones entre micromoléculas y bibliotecas de genes. En nuestro laboratorio, usamos a *Burkholderia cenocepacia* como un modelo de bacteria con resistencia múltiple a antibióticos. Usando una biblioteca de 30,000 micromoléculas y mediante el método de detección de alto rendimiento hemos identificado unos 100 compuestos que inhiben el crecimiento de *B. cenocepacia*. En este simposio, discutiré la construcción de una librería de mutantes de transposición con expresión condicional de genes esenciales, el uso de la secuenciación masiva para detectar la abundancia relativa de mutantes expuestas a micromoléculas de acción antibiótica, y nuestros avances en la priorización de genes esenciales y micromoléculas hacia la producción de nuevos antibióticos.

**La rápida evolución de *Vibrio parahaemolyticus* en Chile se produjo principalmente por transferencia horizontal.**

***Vibrio parahaemolyticus* rapid evolution in Chile mainly occurred by horizontal transfer.**

**Espejo, R**[1].,García, Katherine[2].,Navarro, Cristell[3].,Loyola, David[3].,Uribe, Paulina[2].,Díaz, Diego[4].,Valdes, Natalia[4].

[1]Biotecnología, INTA/OMICS Solutions, Universidad De Chile.

[2]Biotecnología, INTA, Universidad De Chile.

[3]OMICS Solutions Universidad De Chile.

[4]Bioinformática Universidad de Talca. (Sponsored by Proyectos CONICYT ECM01 Y FONDECYT 1110425)

El arribo de la cepa de *Vibrio parahaemolyticus* serotipo O3:K6 a Chile provocó un gran brote de diarrea asociada al consumo de mariscos, con más de 10.000 casos clínicos solo el verano del 2005. Posteriormente los brotes disminuyeron gradualmente y prácticamente terminaron en 2010. Para provocar estos grandes brotes, la cepa debió reproducirse cuantiosamente en las costas chilenas pues su trasmisión a humanos solo ocurren por consumo de mariscos que las contienen. Este inmenso y rápido aumento de un grupo prácticamente clonal de bacterias nos ofreció una excelente oportunidad para analizar los cambios genéticos (Evolución) que sufren durante su reproducción en su hábitat natural. Con este objetivo se secuenciaron los genomas de cepas aisladas en distintos años con una profundidad de 20 a 40 veces, usando bibliotecas para secuenciar tanto un extremo (single ends) como ambos extremos en fragmentos de 3 Kb (mate paired ends). La comparación de los genomas permitió determinar que los cambios generados por transferencia horizontal pueden llegar a ser miles de veces superiores a los generados por mutaciones. Mientras las mutaciones escasamente superan las cien, los cambios producidos por recombinación con elementos externos pueden estimarse en varios cientos y la adquisición de elementos externos sin recombinación en miles y hasta en decenas de miles. La cantidad de genes adquiridos por transferencia horizontal fue independiente de los tiempos de evolución, y, probablemente, depende más del ambiente y particularidades de cada aislado. Para aprender más sobre la naturaleza de esta alta transferencia horizontal se determinó la naturaleza de los elementos transferidos y de elementos que podrían ser responsables de ella como plasmidios, bacteriófagos, remanentes de fagos y secuencias de inserción. Se analizaron además las regiones CRISPR-Cas que pueden reflejan la historia de infecciones por fagos y los elementos de inserción pero estas no mostraron cambio alguno.

***Vibrio parahaemolyticus* en los mariscos y el comercio internacional.**

***Vibrio parahaemolyticus* in seafood and international trade.**

**Karunasagar, I**[1].

[1] Food and Agriculture Organization (FAO).

It is now well recognized that certain strains of *Vibrio parahaemolyticus* can cause illness in man and the organism has been of interest from the food safety point of view. The main source has been seafood that is consumed raw eg oysters. Though there are no internationally accepted microbiological criterion for this organism, there have been occasions where seafood containing this organism has been rejected in international trade. This year, a new dimension to the problem arose with the recognition of *V. parahaemolyticus* as the causative agent of early mortality syndrome (EMS) or acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND) in farmed shrimp in Asia. Though the bacteria are not present in hepatopancreas till late stage of the disease, the etiological involvement has been confirmed by introduction of *V. parahaemolyticus* either orally or through reverse gavage. The strains causing symptoms in shrimp are negative for *tdh* and *trh* genes and hence unlikely to cause illness in shrimp consumers. It is hypothesized that certain *V. parahaemolyticus* strains produce a toxin in shrimp gut and this toxin causes cytological changes in shrimp hepatopancreas. The genetic factors responsible for this activity have not yet been identified. But there have been import bans on shrimp from countries affected by EMS. Further studies are required to understand the factors involved in causing EMS in shrimp and to understand the emergence of these “new strains” of *V. parahaemolyticus* that is impacting international seafood trade.

**Estudios de largo plazo por presencia de *Vibrio parahaemolyticus* in moluscos bivalvos en Chile.**

**Long-term study on *Vibrio parahaemolyticus* prevalence in chilean shellfish.**

**Cachicas, V**[1].

[1]Microbiologia de Alimentos, Salud Ambiental, Instituto de Salud Pública de Chile.

Nuestro país y especialmente la Región de Los Lagos es un importante productor de alimentos de origen marino como salmón y moluscos bivalvos para consumo interno y exportación. Desde el año 2004, se han registrado brotes de intoxicación alimentaria asociados a consumo de moluscos que contienen *Vibrio parahaemolyticus* (*Vp*) con presencia de genes asociados a patogenicidad como *tdh*. Con el objetivo de promover el consumo de moluscos frescos y seguros, hemos realizado estudios para medir la concentración de *Vp* totales y patogénicos asociado a variables ambientales como temperatura atmósferica (T-atm) y superficial del mar (TSM) y su efecto en la salud de nuestra población. Desde el año 2008, hemos analizado alrededor de 100 muestras cada periodo estival desde los meses de Diciembre a Marzo en el formato semi-cuantitativo-molecular de PCR en tiempo real y la metodología tradicional de cuantificación en alimentos Número Más Probable (qPCR-MPN). Las muestras fueron obtenidas en Ferias Públicas Puerto Montt donde llegan moluscos de toda la Región e enviadas en cadena de frío a su análisis en ISP. Los resultados sugieren para centros de cultivos que tienen *Vp*-patogénicos, TSM sobre 18,5 °C, aumentarían la concentración de *Vp*-totales sobre 100 qPCR/NMP y Vp- patogénico sobre 10 qPCR/NMP por gramo de molusco. Estas condiciones ambientales aumentan el riesgo de intoxicación alimentaria y podrían llegar a ser la base de recomendaciones de cosecha y consumo. Proyecto FAO-USP-PR-38361/CORFO INNOVA-09CN14-5951.

**Marcadores de virulencia en *Vibrio parahaemolyticus* y su relación con el riesgo.**

***Vibrio parahaemolyticus* virulence markers and relationship to risk.**

**Jones, J**[1].

[1] Food and Drug Administration (FDA).

The most recent illness data available indicates the incidence of vibriosis continues to rise. There are many possible reasons for this, but, understanding the risk of illness from *Vibrio spp*. requires an understanding of their ecological persistence and human virulence potential. Past research has identified two main virulence factors for *V. parahaemolyticus*, the thermostable direct hemolysin (TDH) and the TDH-related hemolysin (TRH). These enzymes have are encoded by the *tdh* and *trh* genes, respectively. There is much evidence supporting the role of TDH and TRH in pathogenicity; however, recent studies indicate the presence of these genes is not entirely predictive of strain virulence. Certain serotypes of *V. parahaemolyticus* have also been associated with increased virulence (such as the pandemic serotypes), regardless of the presence of *trh* and/or *trh*. As we gain for insight into this pathogen, it becomes evident that virulence determination is not so clear cut as once believed, and may be further complicated by regional strain variants. Our laboratory has begun a line of research with the ultimate goal of identifying more reliable indicators of strain virulence in *V. parahaemolyticus*. We are using a well characterized group of strains from oysters and clinical cases. Through use of multiple subtyping methods, proteomics, *in vitro* cytotoxicity assays, and whole genome sequencing, we are in pursuit of identifying more reliable biomarkers of *V. parahaemolyticus* virulence and determining how each biomarker contributes to public health risk.

**Importancia de una perspectiva internacional en las medidas de salud pública para la intoxicación alimentaria: lecciones de los estudios sobre la pandemia de *Vibrio parahaemolyticus.***

**Importance of international perspective and public health measures in food poisoning: lessons from the studies on the pandemic of Vibrio parahaemolyticus infection.**

**Nishibuchi, M**[1].,[1] University of Kyoto.

We reported, for the first time in the history of *Vibrio parahaemolyticus* study, a pandemic spread of infection by *V. parahaemolyticus* (Vp). The study on the pandemic of Vp infection started from a collaborative investigation in India in 1996 and developed into international collaborative studies on clinical and environmental specimens (seafood). The pandemic was caused by a new clone of Vp belonging to the O3:K6 serotype. Application of suitable examination methods including PCR targeting unique base changes in the *toxRS* genes (ToxR PCR), DNA fingerprinting with an arbitrarily primed PCR, and immunomagnetic separation allowed precise identification of the pandemic strains and their serovariants and these were of great use to confirm our hypothesis that the international spread of the pandemic clone was mediated at least by shellfish trade.

The reports on the Vp pandemic by us and other workers stimulated actions to establish preventive measures at domestic as well as international levels. The preventive measures newly established in Japan focused on improvement of hygienic practice such as handling, washing, transportation, and storage of seafood. These measures appear to be very effective since seafood-borne Vp infection has been decreasing in recent years and became nearly zero in Japan last year. Some of these measures have been included in the latest Codex recommendation on the hygienic practice for seafood against vibrio infection. The effect may be observed at international levels if the recommendation is reflected in practical manners in each of the member countries.

# MESA REDONDA

**Ciencia: rutas de emancipación y autoritarismo.**

**Science: pathways of emancipation and authoritarianism.**

**Mayol, A**[1].

[1]Sociología, FACSO, Universidad de Chile.

La ciencia ha cumplido roles diversos en la historia. Las mismas teorías, los mismos contenidos, han sido en un momento capaces de incrementar radicalmente la libertad, de romper ataduras; para luego (o antes) convertirse en fuente de opresión. En los tiempos actuales, el entronque entre ciencia y técnica ha sido denunciado desde las ciencias sociales como un vínculo con alto potencial ideológico. El refugio, muchas veces autoritario, de las elites políticas en los expertos plantea un dilema relevante a la hora de comprender cuál es la línea que debe limitar la relación entre ambos mundos. Hay quienes han planteado que el mayor riesgo actual del Estado no es la influencia religiosa, sino la científica. La relación del poder y e conocimiento se ha vuelto problemática, más aún bajo la premisa que nos encontramos en una sociedad del conocimiento. Por su parte, en una sociedad como la actual donde el capital financiero es decisivo y donde gran parte del conocimiento se financia a partir de intereses corporativos, la ciencia puede transformarse en una simple emisaria, compleja por cierto (pero real) de los intereses de las grandes compañías y con exclusiva vista del crecimiento económico entendido como incremento del capital. La capacidad de producir valor social o discusión pública, se encuentra limitada. Estos problemas son algunos de los principales nudos que enfrenta la ciencia en su actual relación con la sociedad.

**Datos científicos abiertos en Chile.**

**Open scientific data in Chile.**

**Gutierrez, C**[1].

[1] Universidad de Chile.

El rápido desarrollo de la tecnología computacional y de Internet ha abierto nuevas aplicaciones para las fuentes básicas de la investigación –la base material de datos de investigación—. Las bases/bancos de datos se han convertido en una parte esencial de la infraestructura del sistema global de la ciencia. (OCDE) Hoy es consenso que el acceso a los datos de investigaciones trae tanto beneficios públicos para la comunidad como particulares para los investigadores. Entre los primeros, está el incremento del retorno de las inversiones públicas en esta área; el incentivo a la diversidad de estudios y de opiniones; la promoción de nuevas áreas de trabajo, así como la exploración de tópicos no vistos por los investigadores originales. Pero Entre los beneficios individuales se encuentra la mayor visibilidad y credibilidad a la investigación y los investigadores; el incentivo a nuevas investigaciones sobre el tema (y luego más citas y relevancia del tópico); y la facilitación de investigaciones cruzadas y colaboración con otros colegas. En esta charla discutiremos esos beneficios, daremos una breve mirada a las políticas de la OCDE, y mostraremos ejemplos y guías prácticas para implementar esas políticas. Discutiremos también experiencias actuales y los desafíos que presenta la implementación de estas políticas en Chile, así como sus complejidades como los temas de privacidad y derechos intelectuales. El objetivo es abrir una discusión en la comunidad científica sobre este relevante tema.

**Periodismo científico y divulgación en Chile: avances y desafíos.**

**Journalism and science communication: what is happening in Chile.**

**Roberts, R**[1].

[1] ACHIPEC.

La relación entre el público, los periodistas e investigadores científicos chilenos es poco conocida: aunque las personas tienen interés en temas científicos, no consideran la ciencia como algo prioritario. Esta presentación examina los resultados de encuestas de percepción pública, analiza algunas causas posibles de esta relación entre ciencia y público, y muestra algunas actividades que la Asociación Chilena de Periodismo Científico está realizando para superarla. Entre las causas se postula la falta de incentivos para comunicarse entre ambos grupos: por una parte, la sociedad ofrece muchos temas a un periodista (además de fantásticos reportajes sobre ciencia elaborados en otros países, listos para publicar). Formar a un periodista científico es más caro que otras especializaciones. El periodismo científico, por tanto, no ha sido prioritario para los medios. En el lado de los científicos, el reconocimiento y la valoración (e indirectamente el financiamiento) son obtenidos de las revistas especializadas propias de la especialidad científica. Además, tradicionalmente quienes financian la investigación en Chile no han considerado prioritario el comunicar los resultados de investigación por otras vías que no sean las formales. Sin embargo, desde hace unos años hay una nueva generación de periodistas y científicos con interés por comunicar resultados o por participar como voces expertas en temas de interés social y contenido científico. Estos se enfrentan actualmente a la visión tradicional de desconfianza, y están desarrollando herramientas y conocimientos para superar esta situación, en la que además comienzan a estar en pugna dos modelos de divulgación científica: el de déficit y el participativo.

**Llevando la ciencia a la ciudadanía.**

**Bringing science to the public.**

**Gallardo, M**[1].,Mejías, F[2].

[1]Centro de óptica y Fotónica Universidad De Concepción.

[2]Coordinador Sur Más Ciencia Chile.

El modo en que el conocimiento científico y desarrollos tecnológicos se integran en el contexto sociocultural y vida cotidiana de las personas constituye un problema central. ¿Qué opina la ciudadanía respecto a problemáticas que pueden ser abordadas por la ciencia? ¿Existen instancias de diálogo entre ciudadanía-científicos-tomadores de decisión-sector productivo y es posible construir una agenda en conjunto? Para orientar las políticas en forma eficaz, se deben generar orientaciones estratégicas que vinculen las capacidades científicas en ciencia y tecnología con los problemas, utilizando para ello un enfoque de participación. Vincular en forma sistémica las instituciones científico-tecnológicas con demandas sociales, conlleva un proceso que moviliza a muchos actores, no sólo a la comunidad científica. Planteamos dos estrategias para abordar y responder estas interrogantes. Primero, fomentar la generación de una cultura científica que permita involucrar activamente a investigadores, especialmente a generaciones jóvenes, realizando actividades de divulgación de distintas temáticas, promover la participación de otros actores sociales en el debate público sobre la ciencia; y fomentar instancias de discusión pública en temas como institucionalidad científica, financiamiento, políticas públicas, inserción de postgraduados, entre otros. Finalmente, monitorear el estado de la opinión pública ya que la información y cultura científica constituyen la base para la participación ciudadana y la democratización de la toma de decisiones. Los desafíos de vincular la ciencia a las demandas sociales, así como la necesidad de fomentar la participación ciudadana, también requieren la continuidad y profundización de los esfuerzos por medir la percepción social de la ciencia y la tecnología.

**Uso del modelo bacteriano para la enseñanza escolar de Ciencias: enseñando Microbiología desde la Antártica.**

**Use of the bacterial model for school education in Sciences: Teaching Microbiology from Antarctica.**

**Pérez-Donoso, J**[1].,Soto, L[1].,Monrás, J[1].,Saona, L[1].,Gran, A[1].,Órdenes, N[1].,Gallardo, C[1].,Plaza, D[1].,Straub, Y[1].

[1]Bionanotechnology and Microbiology Lab Universidad Andrés Bello.

Desde sus inicios, en el laboratorio de Bionanotecnología y Microbiología hemos estado interesados en mostrar a la sociedad de manera simple nuestra investigación y acercar a los escolares de nuestro país el mundo Universitario y la investigación científica en Microbiología. Algunas de las actividades que realizamos son: i) Taller para el desarrollo de competencias científicas de estudiantes de enseñanza media en base a Microbiología; realizamos un análisis de las competencias científicas requeridas por el Ministerio de Educación en estudiantes de enseñanza media y buscamos como desarrollar estas competencias a través de la Microbiología.
En base a esto, durante un semestre realizamos actividades prácticas microbiológicas que permitieron desarrollar competencias en ciencias en alumnos de 2do y 3ro medio del colegio José Agustín Alfonso. ii) Desarrollo de proyectos de investigación por escolares de los colegios José A. Alfonso y Liceo 1 de niñas (2012 y 2013). Estas experiencias se han basado en Microbiología Antártica, involucran trabajo experimental en nuestro laboratorio, son tutoradas por tesistas de postgrado y los proyectos generados han sido bastante exitosos (1er lugar Feria Antártica Escolar años 2012 y 2013, 1er lugar Junior del Agua Chile 2012, 1er lugar Junior Water Prize de Estocolmo 2013, 1er lugar Feria Científica Nacional Juvenil del Museo Nacional de Historia Natural de Chile años 2012 y 2013, entre otros).
Esto ha permitido a los estudiantes viajar a exponer sus proyectos a distintas regiones de Chile, al extranjero y participar de expediciones al continente Antártico. Además, los alumnos que han participado en estas actividades al conocer la maravilla y simplicidad que involucra el mundo de la Microbiología han desarrollado un gran interés por la Ciencia y han logrado acercar y sentir posible un futuro como profesionales Universitarios dedicados a la investigación.
Evidencia de esto es que escolares que participaron de estas actividades actualmente postulan a ingresos especiales como “Científicos Jóvenes” en carreras científicas de destacadas universidades nacionales e internacionales. Finalmente, el éxito de las experiencias realizadas con estos jóvenes ha permitido difundir ampliamente la investigación realizada por nuestro grupo, primero en la comunidad escolar y segundo a nivel nacional e internacional a través de los diversos medios de comunicación.

**Primer estudio de las bacterias oxidantes de nitrito (BON) que habitan en el Pacifico Sur-Oriental frente a Concepción (~36° S): evaluando los efectos de la radiación solar.**

**First study of nitrite-oxidizing bacteria (NOB) inhabiting in the Eastern South Pacific off Concepción (~36° S): assessing the effects of solar radiation.**

**Levipan, Héctor**[1,5].Molina, Verónica[2,3].,Fernandez, Camila[4,5].

[1]Departamento de Oceanografía y Programa de Doctorado en Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

[2]Laboratorio de Biología Marina , Facultad de Ecología Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

[3]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad De Playa Ancha De Ciencias De La Educación.

[4]Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR), Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

[5]LOMIC, Observatoire Océanologique, F-66650, Banyuls s/mer, France, Univ Paris 06 and CNRS. (Sponsored by Dr. Miguel Antonio Martínez Poblete)

La regeneración del nitrato marino depende de la oxidación del nitrito catalizada por bacterias oxidantes de nitrito (BON). Se desconoce la actividad y diversidad de las BON en la zona de surgencia estacional de chile central, y su respuesta a la radiación solar. Se estudiaron dos periodos contrastantes (surgencia v/s no surgencia) mediante pirosecuenciación tag (454) del gen de ARNr-16S y qPCR. Sólo se detectaron BON tipo *Nitrospina*, algunas de ellas relacionadas a ribotipos de ecosistemas similares, ambientes sedimentarios y del océano profundo. La abundancia y riqueza de *Nitrospina* sp. aumentó con la profundidad (~5% a 80m), y los experimentos qPCR confirmaron esta tendencia. Sin embargo, el radio de cuentas qPCR (ADNc/ADN) indicó mayor actividad de *Nitrospina* sp. durante el periodo de surgencia y en los primeros 30m. Por otra parte, la actividad potencial de *Nitrospina* sp. no se correlacionó significativamente a la radiación solar natural, mientras que los experimentos de radiación solar emulada indicaron que *Nitrospina* sp. sufrió mayor fotoinhibición al espectro PAR + UVA durante el periodo favorable a la surgencia. Además, la capacidad de recuperación del ensamble *Nitrospina* sp. tras la fotoinhibición fue discreta (PAR + UVA) o indetectable (PAR) durante este periodo en comparación al periodo invernal. En conclusión, la BON *Nitrospina* son dominantes y se mantienen activas en toda la columna de agua del área estudiada, por lo que su rol en la nitrificación debiese ser mejor valorado.

**Financiamiento: FONDECYT No. 1100358 y 1110824. H. Levipan fue financiando por CONICYT No. 24121239 y 21090032.**

**Variantes atípicas del sistema de interferencia génica CRISPR-Cas en la bacteria acidófila de biominería *Acidithiobacillus caldus.***

**Atypical variants of the CRISPR-Cas system in the bioleaching acidophile *Acidithiobacillus caldus.***

**Acuña, Lillian Gabriela**[1,2].,Quatrini, Raquel[3].

[1]Laboratorio de Ecofisiología Microbiana, Fundación Ciencia & Vida. Universidad Andrés Bello,Facultad de Ciencias Biológicas.

[2]Laboratorio de Ecofisiología Microbiana Fundación Ciencia & Vida.

[3]Laboratorio de Ecofisiología Microbiana Fundación Ciencia & Vida Universidad Andres Bello. (Sponsored by Raquel Quatrini)

El análisis genómico de bacterias del género *Acidithiobacillus*, ha revelado la presencia de variantes atípicas del sistema CRISPR-Cas. En otros microorganismos estos sistemas funcionan como barrera frente a la entrada de DNA foráneo, mediando la degradación secuencia-específica de éste. Este hallazgo sugiere que en el econicho de biolixiviación existe un activo movimiento horizontal de genes y pone en evidencia que los microorganismos allí presentes cuentan con estrategias para limitarlo. En este trabajo se describe y caracteriza el sistema CRISPR-Cas de *Acidithiobacillus caldus* ATCC 51756 en términos de su organización, diversificación y funcionalidad. Este sistema está compuesto por dos arreglos de repetidos no idénticos y cinco genes asociados divergentes respecto de los genes descritos, entre los que se cuenta un ortólogo de *cas6e* requerido para el procesamiento del pre-crRNA. A pesar de estas variaciones, el sistema está ampliamente representado en la especie, conservando tanto su arquitectura como la composición génica, mientras que su contenido de espaciadores se encuentra bien diversificado. Ambos aspectos sugieren que el sistema es objeto de selección positiva y que podría jugar un rol en la interferencia frente a plásmidos. El sistema CRISPR-Cas y una serie de genes relacionados con la adhesión a sustrato co-ocurren dentro de un elemento integrativo conjugativo (ICE) y se co-expresan en células adheridas. Sin embargo, no existe procesamiento del pre-crRNA en células planctónicas ni adheridas. Los hallazgos reportados constituyen un aporte a la comprensión de sistemas CRISPR-Cas atípicos y dan luces del rol de los ICE en la propagación de estos sistemas.

**Agradecimientos: FONDECYT 1100887 – Becas CONICYT 21090398/24110057**

**_OmpW_ es regulado positivamente de manera coperativa por MarA y SoxS en respuesta a menadiona.**

**_OmpW_ is cooperatively up-regulated by MarA and SoxS in response to menadione.**

**Collao, B**[1].,Morales, E. H.[2,3].,Gil, F.[1].,Calderón, I. L.[1].,Saveedra, C. P.[1].

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular, Ciencias Biologicas, Universidad Andres Bello.

[2]Great Lakes Bioenergy Research Center University of Wisconsin-Madison.

[3]Department of Biomolecular Chemistry University of Wisconsin-Madison.

OmpW es una porina menor cuya función biológica no ha sido definida claramente. Evidencia obtenida en nuestro laboratorio indica que en *Salmonella enterica* servorar Typhimurium la expresión de OmpW es activada por SoxS frente a la exposición a paraquat y que es requerida para su resistencia. SoxS es de la amplia familia de reguladores transcripcionales AraC, como MarA y Rob. Estos tienen una alta similitud estructural, los genes que están bajo su control han sido agrupados en el regulon *mar*/*sox*/*rob*, los cuales presentan una secuencia consenso de unión al DNA denominada *marsox* box. En este trabajo, evaluamos el rol de los factores transcripcionales MarA, SoxS y Rob de *S. enterica* serovar Typhimurium en la regulación de la expresión de *ompW* en respuesta a menadiona. Determinamos los niveles de transcrito y proteína de OmpW en diferentes fondos genéticos, en las cepas silvestre y Δ*rob, ompW* fue regulada positivamente en respuesta a menadiona, mientras que en las cepas Δ*marA* y Δ*soxS* la inducción fue abolida. En una cepa doble mutante *marA soxS*, los niveles de transcrito de *ompW* fueron bajos luego de la exposición a menadiona, y solo con una complementación en trans con ambos genes se restableció la regulación positiva. Utilizando fusiones transcripcionales y ensayos de cambio en la movilidad electroforética con versiones mutantes de la región promotora, demostramos que dos de los sitios predichos eran funcionales. Adicionalmente, demostramos que MarA incrementa la afinidad de SoxS por la región promotora de *ompW*. En conclusión, nuestro estudio mostró que *ompW* es regulado positivamente en respuesta a menadiona, de manera cooperativa por MarA y SoxS, a través de una interacción directa con su región promotora.

**Financiamiento: FONDECYT 1120384 y UNAB DI-19-12/I. Agradecimientos: BECA CONICYT a Collao B.**

**Sistemas toxina-antitoxina como parte del genoma flexible de *Acidithiobacillus ferrooxidans.***

**Toxin-Antitoxin systems as part of the flexible genome from *Acidithiobacillus ferrooxidans.***

**Bustamante, P**[1].,Orellana, O[1].

[1]ICBM, Programa de Biología Celular y Molecular, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. (Sponsored by Omar Orellana Orellana)

Los sistemas toxina-antitoxina (TA) corresponden a módulos genéticos compuestos en su mayoría por un par de genes codificantes para una toxina estable y una antitoxina inestable. Están ampliamente distribuidos en plásmidos y cromosomas de bacterias y arqueas. Si bien los sistemas TA plasmidiales están involucrados en la estabilización de estos elementos genéticos móviles, la función de los sistemas TA cromosomales está aún en debate. En este trabajo analizamos el repertorio de sistemas TA cromosomales en la bacteria acidófila Gram-negativa *Acidithiobacillus ferrooxidans* y su relación con elementos genéticos móviles, con énfasis en los sistemas TA codificados en el ICE*Afe*1, un elemento integrativo conjugativo. *A. ferrooxidans* posee un alto contenido de sistemas TA, gran parte de los cuales están codificados cercanos o dentro de posibles elementos genéticos móviles. Si bien la gran mayoría de los sistemas están presentes en las dos cepas secuenciadas (ATCC 23270$^T$ y 53993), cuatro son exclusivos de la cepa tipo y están codificados en el ICE*Afe*1. En un sistema heterólogo la sobreexpresión de estas toxinas afecta el crecimiento bacteriano con un resultado bacteriostático o bactericida. Al menos tres de ellas son RNasas y estamos estudiando sus especificidades de secuencia y blancos celulares. Adicionalmente, hemos identificado que una isla genómica de la cepa ATCC 53993 codifica para otros cuatro sistemas TA, los cuales además están presentes en otro elemento móvil compartido por ambas cepas. Postulamos que los sistemas TA codificados en estos elementos móviles pueden ser responsables de su mantención estable en el cromosoma de *A. ferrooxidans*.

**Financiado por Fondecyt 1110203 (OO) y Beca de apoyo AT24100112 (PB).**

**Endo-β-N-acetilglucosaminidasas de bifidobacterias intestinales infantiles liberan N-glicanos complejos de glicoproteínas de leche materna**

**Endo-β-N-acetylglucosaminidases from infant-gut associated bifidobacteria release complex N-glycans from human milk glycoproteins**

**GARRIDO, D**[1].

[1]Ingenieria quimica y bioprocesos, ingenieria, Pontificia Universidad Católica De Chile.

Breastfeeding is one of the main factors guiding the composition of the infant intestinal microbiota in the first months of life. This process is shaped in part by the high amounts of free human milk oligosaccharides that serve as a carbon source for saccharolytic bacteria such as *Bifidobacterium* species. Infant-borne bifidobacteria have developed various molecular strategies for utilizing these oligosaccharides as a carbon source, which include membrane ABC transporters and intracellular glycosyl hydrolases. Here we hypothesized that infant bifidobacteria can also interact with structurally similar N-glycans found in host glycoproteins as those found in human milk and the intestinal epithelium. Endo-β-N-acetylglucosaminidases were identified in certain isolates of *Bifidobacterium (longum* subsp. *longum*, *longum* subsp. *infantis* and *breve)*, and their presence correlated with the ability of these strains to deglycosylate glycoproteins. An endoglycosidase from *B. infantis* ATCC 15697, EndoBI-1, was active towards all major types of N-linked glycans found in glycosylated proteins. Its activity was not affected by core fucosylation or extensive sialylation, fucosylation, or antenna number, releasing several N-glycans from human lactoferrin and immunoglobulins A and G. Extensive N-deglycosylation of whole breast milk was also observed after coincubation with this enzyme. Mutation of the active site of EndoBI-1 did not abolish binding to N-glycosylated proteins, and this mutant specifically recognized $Man_3GlcNAc_2$(α1-6Fuc), the core structure of human N-glycans This work reveals an unprecedented interaction of bifidobacteria with host N-glycans, and describes a novel endoglycosidase with broad specificity on diverse N-glycan types.

**El sistema de dos componentes BaeSR de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium regula positivamente a *sodA* en respuesta a ciprofloxacino.**

***Salmonella enterica* serovar Typhimurium BaeSR two-component system positively regulates *sodA* in response to ciprofloxacin.**

Guerrero, Patricio[1].,Collao, Bernardo[1].,Álvarez, Ricardo[1].,Salinas, Hernán[1].,Morales, Eduardo H.[2].,Calderón, Iván L.[1].,Saavedra, Claudia P.[1].,**Gil, Fernando**[1].

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular, Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.[2]Department of Biomolecular Chemistry and DOE Great Lakes Bioenergy Research Center UNiversity of Wisconsin-Madison. (Sponsored by Claudia Paz Saavedra Sánchez)

En respuesta a antibióticos las bacterias activan sistemas regulatorios que controlan la expresión de genes que participan eliminando estos compuestos, tales como los sistemas de expulsión de múltiples drogas. En nuestro laboratorio se demostró previamente que el sistema de dos componentes BaeSR de *S*. Typhimurium participa en la detección del antibiótico bactericida ciprofloxacino, regulando positivamente la expresión de *mdtA*, el cual forma parte de un sistema de expulsión implicado en la resistencia a antibióticos. El objetivo de este trabajo fue demostrar la participación del sistema BaeSR en la regulación de las superóxido dismutasas frente a ciprofloxacino, dado que los antibióticos bactericidas aumentarían las especies reactivas de oxígeno (ROS). En este trabajo demostramos que el sistema BaeSR regula positivamente a *sodA* en respuesta al tratamiento con ciprofloxacino. En la ausencia de *baeSR* los niveles de transcrito evaluados mediante qRT-PCR y la actividad superóxido dismutasa asociada a *sodA* se ve disminuida. Mediante EMSAs y fusiones transcripcionales demostramos que BaeR regula a *sodA* a través una interacción directa con su región promotora. Financiamiento:

**Financiamiento: FONDECYT Nº 11100142, 1130074 y DI-UNAB 15-12/R. Beca de Doctorado CONICYT para Collao, B.**

**Efecto de la Alta Presión Hidrostática sobre *Listeria* spp. inoculada en un queso fresco comercial .**

**Fate of *Listeria* spp. inoculated in a commercial starter-free fresh cheese by means of high pressure processing.**

**Evert-Arriagada, Katherine**[1].,Trujillo, Antonio[1].,Guamis, Buenaventura [1].,Hernández, Manuela[1].

[1]Ciencia Animal y de los Alimentos Universidad Autonoma de Barcelona.

Commercial starter-free fresh cheese was inoculated with *Listeria* spp. in order to evaluate the effectiveness of high pressure processing (HPP; 300-600 MPa for 5 min at 6 °C) to assure food safety. Three bacterial strains (*L. monocytogenes* Scott A and CECT 4031, and its surrogate *L. innocua* CECT 910) were selected to study the initial inactivation achieved and the sublethal damage generated. Treatment at 300 MPa did not inactivate any of the strains inoculated. Conversely, 500 and 600 MPa were effective to achieve significant reductions of pathogen counts in fresh cheese. On the other hand, treatment of fresh cheese within the range of 300-600 MPa did not produce significant sublethal injury. Regarding behaviour differences among *Listeria* strains, it was observed that *L. monocytogenes* CECT 4031 was the most sensitive and *L. monocytogenes* Scott A the most resistant to HPP.

**Identificación de antígenos inmunogénicos asociados a la membrana externa de *Escherichia coli* productor de shigatoxina (STEC), usando inmunoproteómica.**

**Montero, David**[1].,Orellana, Paz[1].,Toledo, Viviana [1].,Pardo , Mirka [1].,Salazar, Juan [1].,Del Canto, Felipe[1].,Vidal, Roberto [1].

[1]Programa de Microbiología y Micología, Medicina, Universidad De Chile.

**Introducción:** *Escherichia coli* productor de shigatoxina (STEC) es agente etiológico de diarrea aguda, disentería y Síndrome Hemolítico Urémico (SHU). En Chile, el 90% de los casos de SHU se asocian a infecciones por STEC, por lo que se ha catalogado como un problema endémico. Actualmente, no existe vacuna aprobada para humanos o tratamiento para la infección por STEC ya que el uso de antimicrobianos favorecería la producción de las shigatoxinas. Por lo tanto, es necesario buscar nuevas alternativas de tratamiento o terapias preventivas contra STEC. **Objetivo:** Identificar proteínas de membrana externa (PME) inmunogénicas asociadas a STEC como potenciales candidatos a vacunas. **Método:** se realizó extracción de PME de las cepas STEC O26:H11, O103, O113:H21, O157:H7 y de la cepa comensal *E. coli* HS. Se analizó los perfiles electroforéticos mediante SDS-PAGE y 2D-PAGE, y se reconoció las proteínas inmunogénicas mediante Western blot, usando una colección de sueros de pacientes pediátricos con SHU (n=10) y un grupo de sueros control (n=3). Se identificó a las proteínas serorreactivas por MALDI-TOF/TOF. **Resultados:** diez proteínas inmunogénicas presentes sólo en cepas STEC fueron serorreactivas para sueros de pacientes con SHU, siete de ellas no son reconocidas por sueros control, y para las que esta cualidad no ha sido publicada en STEC, por lo que constituyen nuevos antígenos para este patotipo. **Discusión:** La inmunogenicidad de estas proteínas proyectaría su uso como blanco para el desarrollo de vacunas que permitan disminuir la morbilidad y mortalidad asociadas a STEC.

**Sponsored by FONDECYT 1110260**

**Inhibición de la RNA polimerasa de *Escherichia coli* por una proteína Gp2, derivada del bacteriófago T7, mediante la desestabilización del complejo transcripcionalmente competente.**

**Camara, B**[1].

[1]Departamento Química Universidad Técnica Federico Santa María.

El proceso de infección de *Escherichia coli* por el bacteriófago T7 conlleva a la inhibición rápida y selectiva de la RNA polimerasa (RNAP) huésped. RNAP es una enzima de multiples subunidades responsable de la transcripción de genes. La inhibición de la RNAP se produce por una pequeña proteína (7 kDa), codificada por el fago, llamada Gp2. Gp2 es un potente inhibidor de la RNAP de *E. coli* en condiciones *in vitro.* Este trabajo describe la primera estructura de resolución atómica de Gp2 y revela una región con residuos aminoacídicos cargados negativamente expuestos en la superficie de un lado de la proteína. Estudios de mutagenesis sitio dirigida demuestra que dos residuos de arginina conservados y situados en el lado opuesto de Gp2, son importantes para la unión e inhibición de la RNAP. Utilizando como base un modelo estructural del complejo RNAP-Gp2, se propone que la inhibición de transcripción por Gp2 involucra la prevención de la interacción adecuada de la RNAP y el promotor DNA. Estas interacciones son requeridas para la separación de las hebras de DNA y la estabilidad de la burbuja de transcripción ubicada en las cercanías del sitio inicial de la transcripción, pasos indispensables para la formación de un complejo promotor transcripcional competente. Nuestros resultados proveen una base estructural y funcional para esclarecer los mecanismos de inhibición del huésped RNAP por Gp2.

**Agradecimientos: Dr Seth Darst por las coordenadas del modelo RNAP. Se agradece los financiamientos de la BBSRC, UK.**

**Agregación amiloide, modificación post-traduccional y actividad antibacteriana del péptido microcina E492.**

**Amyloid aggregation, post-translational modification and antibacterial activity of the microcin E492 peptide.**

**Marcoleta, A**[1].,Aguilera, P[1].,Marin, M[1].,Mercado, G[1].,Valpuesta, J.M.[2].,Monasterio, O[1].,Lagos, R[1].

[1]Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

[2]Centro Nacional de Biotecnología, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Campus Cantoblanco, Universidad Autónoma de Madrid, España.

La microcina E492 (MccE492), una bacteriocina que forma fibras amiloides, es exportada como una mezcla de dos formas: no modificada (inactiva) y modificada post-traduccionalmente en el extremo C-terminal con derivados de enteroquelina, modificación esencial para conferirle actividad antibacteriana. Durante la fase estacionaria de crecimiento, la forma no modificada comienza a acumularse, y la MccE492 es rápidamente inactivada. Hasta ahora, la naturaleza molecular de dicha inactivación, así como la relación entre la modificación post-traduccional y la formación de fibras amiloides, permanecían desconocidas. Nuestros estudios demostraron que el fenómeno de inactivación involucra la formación de fibras amiloides. Además, se determinó que la modificación post-traduccional desfavorece dicho proceso, modulando así la inactivación. Se concluyó que la incorporación de MccE492 no modificada es cinéticamente más eficiente que la de las formas modificadas, probablemente porque la primera posee una conformación que favorece su agregación. Si bien la agregación *in vitro* de la MccE492 es un proceso documentado, se desconoce si esta proteína forma agregados amiloides al interior de la célula donde es sintetizada, y de qué manera se controla y limita la agregación prematura de esta y otras proteínas amiloidogénicas bacterianas. Hemos comenzado una nueva serie de estudios para indagar sobre este fenómeno. Resultados preliminares indican que bajo ciertas condiciones, células que expresan la MccE492 acumulan inclusiones citoplasmáticas de naturaleza amiloide.

# COMUNICACIONES ORALES

**Comparación de métodos de diagnóstico para la detección e identificación del virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) en salmonidos.**

**Comparison of diagnostic methods to detection and identification of infectious pancreatic necrosis virus (IPNV) in salmonids.**

**Eissler, Yoanna**[1].,Tapia, David[1].,Torres, Pamela[1].,Espinoza, Juan Carlos[1].,Conejeros, Pablo[1].,Kuznar, Juan[1].

[1]Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales, Facultad de Ciencias, Universidad De Valparaíso.

La industria del salmón se ha desarrollado notablemente en Chile en un período breve de tiempo. Con ello, además, se ha incrementado la importancia del control de las enfermedades infecciosas que afectan a los salmónidos, especialmente en la sensibilidad de los métodos de diagnostico utilizados. En esta comunicación, se muestra la comparación de cinco metodologías utilizadas para la detección del virus IPN y su identificación por medio de secuenciación genética. Las metodologías comparadas fueron: aislamiento en células, inmunofluorescencia indirecta (IFAT), y tres ensayos en PCR tiempo real (qRT-PCR). Se analizaron 46 muestras de órganos de peces, provenientes de pisciculturas y centros de mar del sur de Chile. Se obtuvo ADNc de una porción del segmento A del virus y se secuenció para posteriormente determinar su genogrupo.

Los resultados muestran que la adecuada selección de partidores permite una buena correlación entre técnicas de qRT-PCR. Un 50 y 63% de las muestras positivas por PCR también resultaron positivas por IFAT y aislamiento del virus, respectivamente. Un 80% de las muestras se identificaron dentro del genogrupo 5 (Europeo) y el resto se encontró en el genogrupo 1 (Americano), indicando un predominio del primer genogrupo sobre el segundo, presentándose leves diferencias en relación a la sensibilidad de las técnicas de diagnóstico utilizadas. En principio, los resultados indican que determinar la presencia del virus IPN por técnicas de qRT-PCR y de inmunofluorescencia, es adecuado, preciso y complementario para realizar un buen diagnostico de la enfermedad y obtener información adicional para incrementar las medidas de control.

**Diazotrofía en tapetes microbianos del sistema hidrotermal Porcelana (Región de Los Lagos): diversidad, tasas de fijación de nitrógeno, patrón de expresión diario (*nif*H) y actividad nitrogenasa.**

**Alcamán, M. Estrella**[1].,Díez, B[1].

[1]Genética Molecular y Microbiología P. Universidad Católica de Chile.

Organismos fotosintéticos termófilos tales como cianobacterias son los productores primarios dominantes en tapetes microbianos de muchos sistemas hidrotermales en el mundo y cruciales para el ciclo de nitrógeno a través del proceso biológico de fijación de nitrógeno. La actividad nitrogenasa diaria (ensayo de reducción de acetileno, ARA) y tasas de fijación de nitrógeno (captación celular de nitrógeno marcado $^{15}N_2$) fueron estudiados *in situ* en tapetes microbianos dominados por cianobacterias en la terma Porcelana, ubicada en la Patagonia norte Chilena. Nuestros resultados muestran niveles significativos de fijación de nitrógeno (290 nmol $^{15}N_2$ $cm^{-2}$ $h^{-1}$) en un rango de temperatura dependiente, siendo significativamente más altos durante el día. Valores promedio de actividad nitrogenasa (35 nmol $C_2H_4$ $cm^{-2}$ $h^{-1}$) son similares a los reportados para otros sistemas hidrotermales, siendo estos los primeros derivados de un sistema hidrotermal no ácido en un gradiente de temperatura a escala interanual. La diversidad, distribución y abundancia relativa de organismos diazótrofos en el tapete microbiano mediante genes *nif*H (codifica una subunidad de la enzima nitrogenasa), demuestran que cianobacterias filamentosas del grupo V (Stigonematales) son los principales fijadores de nitrógeno en este sistema, con un aumento de la actividad nitrogenasa durante el día a temperaturas entre 45-50°C. Estos resultados son consistentes con el patrón de actividad nitrogenasa obtenida en laboratorio para el aislado CHP1, perteneciente al grupo V de cianobacterias, el cual domina en la terma de Porcelana.

**Funcionalidad de las peroxidasas Dyp y citocromo c peroxidasa en *Leptospirillum* spp.**

**Functionality of the Dyp and cytochrome c peroxidases in *Leptospirillum* spp.**

**Zapata, Claudia**[1].,Contreras, Mackarena[2].,Quatrini, Raquel [3].,Levicán, Gloria[1].

[1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología , Universidad De Santiago De Chile.

[2]Escuela de Bioquímica, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[3]Laboratorio de Ecofisiología Microbiana Fundación Ciencia & Vida.

Los microorganismos de los ambientes biolixiviantes ácidos se encuentran naturalmente expuestos a condiciones que favorecen la generación de especies reactivas de oxígeno (ROS). Las bacterias ferrooxidantes del género *Leptospirillum* son dominantes en estos ambientes, lo cual sugiere la presencia de mecanismos moleculares eficientes en la defensa antioxidante. En este estudio se caracterizó bioinformática y funcionalmente las peroxidasas DyP y citocromo c peroxidasa CcP de las bacterias *Leptospirillum ferriphilum* y *Leptospirillum rubarum,* respectivamente. Ambas peroxidasas mostraron una alta conservación de residuos catalíticos. La sobreexpresión del gen *dyp* en *Escherichia coli* no confirió una mayor tolerancia a $H_2O_2$. No obstante, al evaluar la expresión de este gen en *L. ferriphilum* mediante RT-qPCR se observó un incremento significativo en respuesta a $H_2O_2$. Por su parte la peroxidasa CcP mostró ser activa en *L. rubarum* y se evidenció un incremento significativo de su actividad frente a condiciones de estrés oxidativo inducido con $Fe_2(SO_4)_3$ o $H_2O_2$. Mediante un experimento de RT-PCR se determinó que el gen *yhjA* que codifica para la peroxidasa CcP forma parte de un operón junto a los genes *fur*, *prx* y *adr* que codifican para el regulador de la homeostasis de hierro Fur, una peroxirredoxina y una acidorreductona dioxigenasa, respectivamente. La expresión de todos estos genes presenta una tendencia a aumentar en condiciones de estrés oxidativo inducido con $Fe_2(SO_4)_3$ o $H_2O_2$. Estos resultados sugieren que ambas peroxidasas participan en la respuesta a estrés oxidativo en *Leptospirillum* spp. y que sus genes podrían ser regulados a nivel transcripcional bajo estas condiciones.

**Financiamiento: FONDECYT 1120746**

**Expresión génica de IFI27 y MMP9 en lactantes con bronquiolitis grave y leve causada por la infección con virus respiratorio sincicial (VRS).**

**Gene expression of IFI27 and MMP9 in infants with severe and mild bronchiolitis by respiratory syncytial virus (RSV) infection.**

**Henríquez, T**[1].,Andriguetti, C[1].,Larrañaga, C[1].,Lizama , L[1].,Ampuero, S[1].

[1]Programa de Virología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. (Sponsored by Sandra Patricia Ampuero Llanos)

El VRS es el principal agente de la infección del tracto respiratorio bajo en niños (IRAB) y constituye un importante problema a nivel de salud pública a pesar de su baja tasa de mortalidad. La identificación de biomarcadores de la patogénesis de esta infección permitiría generar estrategias de prevención y tratamiento. Recientemente, resultados obtenidos en nuestro grupo mediante microarreglos, indicaron la existencia de genes asociados a la evolución clínica en niños con bronquiolitis por VRS. Entre estos genes se encontraron IFI27 y MMP9. El objetivo de este estudio fue validar la asociación de la expresión de los genes IFI27 y MMP9 con la evolución clínica en lactantes con IRAB por VRS. Se obtuvo el RNA de muestras de sangre y de aspirado nasofaríngeo de 30 lactantes (15 leves y 15 graves) y 8 lactantes control. El diagnóstico de VRS se realizó mediante transcripción reversa-PCR tiempo real (RT-PCRtr) y xTAG-RVPfast (Luminex). Para la cuantificación relativa (método ΔΔCt) de la expresión de IFI27 y MMP9 se utilizaron los genes GBF1 y HPRT1 como referencia. Los resultados indican que la expresión del gen IFI27 no estaría relacionada particularmente con ninguno de los grupos clínicos analizados. Sin embargo, los grupos muestran una diferencia significativa para la expresión de MMP9 (mediana grupo leve=0,794, grave=21,396) respaldando su uso como marcador de gravedad en infección por VRS.

**Financiamiento: Fondecyt de Iniciación-11070254 y Fondecyt-1100477.**

**Caracterización de un micovirus de doble hebra de RNA (dsRNA) en *Penicillium roqueforti* cepa *pga*1$^{G42R}$.**

**Characterization of a double-strand RNA mycovirus (dsRNA) in *Penicillium roqueforti* strain *pga*1$^{G42R}$.**

**Gil-Durán , Carlos**[1].,Cottet, Luis[1].,Medina, Exequiel[1].,Castillo, Antonio[1].,García-Rico, Ramón-O[2].,Vaca, Inmaculada[3].,Chávez, Renato[1].

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

[2]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Básicas , Universidad de Pamplona, Colombia.

[3]Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

*Penicillium roqueforti* es un hongo con gran interés biotecnológico. En nuestro laboratorio contamos con 2 cepas de este organismo: una cepa nativa y un transformante que contiene una mutación en el gen que codifica para la subunidad alfa de una proteína G (cepa *pga*1$^{G42R}$) lo que se manifiesta en cambios fenotípicos y fisiológicos en el hongo. Durante el análisis transcripcional de las diferencias entre ambas cepas mediante una genoteca sustractiva de cDNAs, se obtuvieron 40 clones diferencialmente expresados en la cepa *pga*1$^{G42R}$ que contenían secuencias con similitud a genes de micovirus de dsRNA. Estas 40 secuencias fueron ensambladas en 2 “contigs” que codifican parcialmente para una RNA polimerasa dependiente de RNA (RdRp) y un gen sin función conocida denominado ORF4. Las secuencias RdRp y ORF4 parciales poseen 54% y 34% de similitud con el micovirus DK-21 de *Fusarium graminearium*, mientras que análisis filogenéticos usando la secuencia RdRp indican que este nuevo micovirus tendría una relación estrecha con miembros de la familia *Hypoviridae*. Para iniciar la caracterización del micovirus, se realizó el aislamiento de ácidos nucleicos totales y posterior cromatografía en celulosa CF11. Se observó la presencia de un dsRNA de tamaño aproximado de 6.0 Kpb. Finalmente, mediante RT-PCR se confirmó la expresión diferencial de RdRp y ORF4 en la cepa mutante. En conjunto, nuestros datos sugieren, por primera vez, la presencia de un micovirus de dsRNA en una cepa de *Penicillium roqueforti*.

**Financiamiento: Fondecyt 1120833 y DICYT-USACH.**

**Expresión génica diferencial en *Piscirickettsia salmonis:* un análisis proteómico y trascriptómico.**

**Vera, Tamara**[3].,Cuevas, Alexei[1].,Peña, Barbara[1].,Reinders, Jörg[2].,Figueroa, Jaime[3].

[1]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Universidad Austral De Chile.

[2]Instituto de Genómica Funcional Universidad de Regensburg, Alemania.

[3]Instituto de Bioquímica y Microbiología y Centro FONDAP (INCAR), Ciencias, Universidad Austral De Chile. (Sponsored by Jaime Eugenio Figueroa Valverde)

*P. salmonis*es una bacteria Gram-negativa, intracelular facultativa, agente causal del Síndrome Riketsial Salmonídeo (SRS), que en los últimos treinta años ha causado grandes pérdidas en la industria salmonera. Sin embargo, por su naturaleza intracelular, los programas de control basados en antibióticos han tenido pobres resultados, lo que hace necesario mejorar la cantidad y calidad de la información del patógeno.

El objetivo general es analizar patrones de expresión global a nivel de transcriptoma y proteoma para identificar efectores relevantes involucrados en patogenicidad y virulencia. Para ello, se emprendió la búsqueda de genes involucrados en: i) proceso de infección de la línea celular; ii) supervivencia intracelular; iii) y genes relacionados a la adaptabilidad de esta bacteria al crecimiento en medio libre de células. Esta estrategia también incluye análisis comparativos de proteoma y transcriptoma de una cepa virulenta (IBM040) con la cepa de referencia (LF-89), al igual que análisis proteómico comparativo (2D-DIGE) de esta última cepa, sometida a condiciones de vida intracelular con respecto a crecimiento en medio libre de células.

Los resultados se han obtenido mediante las técnicas de secuenciación de transcriptoma, qPCR, electroforesis bidimensional y espectroscopía de masa. Los datos proporcionados aquí han permitido obtener información relevante que contribuirá a dilucidar el efecto que tienen las diferencias de expresión génica en la supervivencia intracelular y patogenicidad de *P. salmonis*.

**Financiamiento: FONDAP 15110027, Beca Apoyo tesis Doctoral CONICYT 24110194**

***Neisseria gonorrhoeae* induce un fenotipo tolerogénico en macrófagos humanos derivados de monocitos.**

***Neisseria gonorrhoeae* induces a tolerogenic phenotype in monocytes-derived human macrophages.**

**Ortiz, Carolina**[3].,Tempio, Fabian[1].,Acuña, Caludio[2].,Imarai, Monica[2].,Lopez, Mercedes[2].,Escobar, Alejandro [3].

[1]Inmunología , Medicina, Universidad De Chile.[2]Inmunología, Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.[3]Ciencias Básicas , Odontología, Universidad De Chile.

**INTRODUCTION** *Neisseria gonorrhoea* is the etiological agent of gonorrhoea, a sexually transmitted disease widespread throughout the world, with an estimated 60 million new cases per year. Infections with *gonococcus*do not improve immune response in re-infected patients, suggesting that gonococcus displays several mechanisms to evade immune response. Macrophages are an essential component of innate immunity with a central role in host defense. In response to various signals, macrophages may undergo classical-M1 activation or alternative-M2 activation. Current data suggest that *N. gonorrhoeae* infected murine macrophage fails to elicit proliferative CD4+ response. However, until now there are no reports of the gonococcus effect on human macrophages and its consequences in macrophages activation. **MATERIAL AND METHODS** We assessed the phagocytic ability of monocytes-derived macrophages by immunofluorescence and gentamicin protection experiments. Then we evaluated by flow cytometry M1/M2 specific-surface markers on macrophages challenged with *N. gonorrhoeae*. **RESULTS** We found out that *N. gonorrhoeae* is efficiently phagocytosed by macrophages and produce up-regulation of M2-asocciated markers and down-regulation of M1-asocciated markers. We also found that the bacterium was unable to induce the expression of the co-stimulatory molecules, CD86 and MHC-II. **DISCUSSION** Our results indicate that *N. gonorrhoeae* induces a tolerogenic phenotype in monocytes-derived macrophages and this effect could explain in part the immune evasion observed in *N. gonorrhoeae* infected patients.

**Financiamiento: FOUNDED FONDECYT 11110304**

**Actividad intracelular de Salmonella enterica serovar Typhimurium en células fagocíticas de ratón IL-10$^{-/-}$ .**

**Intracellular activities of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium in phagocytic cells from IL-10 $^{-/-}$ mice.**

**Salazar, G**[1].,Riquelme, Sebastián A[1].,Kalergis, Alexis M[2,3].,Bueno, Susan M[1].

[1]Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile.

[2]Genética Molecular y Microbiología, de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile.

[3]Reumatología, Medicina, Pontificia Universidad Católica De Chile. (Sponsored by Susan Marcela Bueno Ramírez)

*Salmonella enterica* serovar *Typhimurium* (*S. typhimurium*) causes a severe and lethal typhoid-like disease in mice by impairing the induction of an adequate immune response. Recent studies have shown that *S. Typhimurium* can both survive inside macrophages and dendritic cells (DCs) and restrict cell-to-cell communication, thus blocking the normal onset of the host defense. However, how this bacterium negatively modulates these processes remains unsolved. Interleukin (IL)-10 is a cytokine essential for the suppression of the immune response. Interestingly, it can be exploited by pathogens to facilitate their own survival by impairing bacterial clearance. Thereby, we investigated the immune-suppressive role of IL-10 on *S. Typhimurium* infection in phagocytic cells as a potential mechanism that dampens host immune response upon *S.* Typhimurium infection. We evaluated by Flow Cytometry and Confocal Microscopy whether *S. Typhimurium* survives within innate immune cells from WT and IL-10$^{-/-}$ mice and whether these cells are able to clear more efficiently this bacteria. Interestingly, we observed *S. Typhimurium* was able to both survive and proliferate inside DCs and macrophages from IL-10 $^{-/-}$ mice. However, IL-10 $^{-/-}$ phagocytic cells produced increased levels of pro-inflammatory cytokines after S. Typhimurium infection, suggesting that the expression of IL-10 by phagocytic cells due to S. Typhimurium infection reduces the soluble inflammatory determinants that can activate both innate and adaptive immune responses.

**Financiamiento: This study was supported by grants Fondecyt 1110604, Fondecyt 1100971 and Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy P09/016-F.**

**Caracterización de la regulación de los genes *mceBA* del sistema productor de Microcina E492.**

**Characterization of expression regulation of the *mceBA* genes of the microcin E492 producer system.**

**Argandoña, Yerko**[1].,Marcoleta, Andrés[1].,Monasterio , Octavio[1].,Lagos, Rosalba[1].

[1]Laboratorio de Biología Estructural y Molecular , Facultad de Ciencias, Universidad De Chile. (Sponsored by Rosalba Lagos Monaco)

La Microcina E492 (MccE492) es una bacteriocina formadora de poros producida por la enterobacteria *Klebsiella pneumoniae* RYC492. Su síntesis depende en gran parte de la fuente de carbono presente en el medio, sugiriendo que su producción esta controlada por represión catabólica. Los genes *mceBA*, codificantes para la proteína de inmunidad y estructural de MccE492, conforman una sola unidad transcripcional y estos han sido clonados y expresados en *E. coli*. A través del uso de fusiones traduccionales de *mceBA* con *lacZ* hemos visto en un hospedero *crp*$^-$ que existe un dismnución de al menos 100 veces en la expresión de los genes *mceBA*. Sin embargo dicho efecto no se observa en una cepa mutante *cyaA*-. Por otro lado la expresión de los genes *mceBA* aumenta casi dos veces en fase estacionaria, por lo que se estudió el efecto que podría tener el factor sigma de fase estacionaria ($\sigma^S$) en su expresión utilizando cepas *rpoS*$^-$, no observándose ningún cambio en esta mutante. Estos resultados sugieren que la producción de MccE492 estaría determinada por la presencia de CRP y que el aumento de la expresion de *mceBA* en fase estacionaria no puede ser atribuido a $\sigma^S$.

**Financiamiento: FONDECYT numero 1100141**

**Efecto de carbohidratos dietarios en la resistencia a sales biliares de cepas chilenas de *Campylobacter jejuni.***

**Effect of dietary carbohydrates on resistance to bile salts in *Campylobacter jejuni* chilean strains.**

**DIAZ, P**[1].,Ulloa, Maria Teresa[1].,Toro, Cecilia[1].

[1]Programa de Microbiología, ICBM, Facultad de Medicina, UNIVERSIDAD DE CHILE.

Uno de los principales mecanismos utilizados por *Campylobacter jejuni* para resistir los efectos de las sales biliares es la bomba de eflujo CmeABC. Para determinar si los carbohidratos dietarios son capaces de modificar la resistencia a sales biliares en *C. jejuni*, se determinó el efecto de carbohidratos en el fenotipo de resistencia a sales biliares en un grupo de 9 cepas chilenas de *C. jejuni* y además se examinó la expresión del operón *cmeABC* en presencia de carbohidratos y de la sal biliar desoxicolato de sodio (DOC) mediante la fusión transcripcional $P_{cmeABC}$ - *lacZ*. Los resultados más significativos se obtuvieron con manosa y melizitosa, azúcares que disminuyeron el efecto de DOC, mientras que el prebiótico inulina aumentó el efecto inhibitorio de la sal biliar en el crecimiento bacteriano. Además, los carbohidratos utilizados no produjeron cambios en el crecimiento bacteriano por sí solos, cuando fueron suplementados en el medio de cultivo sin DOC. También se examinó la expresión del operón *cmeABC* en presencia de DOC y carbohidratos. Si bien la mayoría de los azúcares no afectaron por sí solos la expresión del operón, la condición DOC+inulina aumentó significativamente la expresión del operón, de forma dependiente de la concentración de la sal biliar. Estos hallazgos sugieren que el prebiótico inulina reforzaría el efecto de DOC, tanto en el fenotipo de resistencia como en la expresión del operón *cmeABC*.

**Identificación de blancos para los sRNAs RyhB1 y RyhB2 de *Salmonella* Typhimurium bajo condiciones de estrés nitrosativo y carencia de hierro.**

**Target identification of small noncoding RNAs RyhB1 and RyhB2 of *Salmonella* Typhimurium under nitrosative stress and iron starvation conditions.**

**Calderón, P. F.**[1].,Morales, E. H.[2].,Acuña, L. G.[3].,Collao, B.[1].,Salinas-Grenet, H.[1].,Gil, F.[1].,Saavedra, C. P.[1].,Calderón, I. L.[1].

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Department of Biomolecular Chemistry and DOE Great Lakes Bioenergy Research Center University of Wisconsin-Madison.

[3]Laboratorio de Ecofisiología Microbiana Fundación Ciencia & Vida. (Sponsored by Iván Luis Calderón Lizana)

La capacidad de las bacterias para responder a condiciones de estrés y mantener la homeostasis puede ser mediada a nivel post-transcripcional por pequeños RNAs no codificantes (sRNAs). Estos sRNAs pueden aparearse con un mRNA específico modulando su expresión tanto positiva como negativamente. RyhB1 y RyhB2 son dos sRNAs parálogos de *Salmonella* Typhimurium, cuya expresión es inducida significativamente bajo condiciones de estrés nitrosativo y en carencia de hierro. Con el propósito de identificar mRNAs blancos de estos sRNAs, se clonó el gen *ryhB2* en un vector apropiado para lograr su sobreexpresión. Luego de sobreexpresar RyhB2 en una cepa silvestre de *S*. Typhimurium, se procedió a analizar el perfil global de transcritos mediante microarreglos. La sobreexpresión de RyhB2 alteró significativamente la expresión de genes relacionados con la degradación de especies reactivas de nitrógeno (nitrato y nitrito reductasas), así como también la de algunos genes que codifican para proteínas asociadas a hierro (bacterioferritinas y citocromos). La validación de estos blancos se realizó mediante qRT-PCR utilizando cepas de *S*. Typhimurium silvestre, mutantes individuales Δ*ryhB1* y Δ*ryhB2* y doble mutante Δ*ryhB1/*Δ*ryhB2*, bajo condiciones de estrés nitrosativo y en carencia de hierro. Los resultados indican que en condiciones limitantes de hierro ambos sRNAs regulannegativamente a *cybC* y *cydB* (citocromo y citocromo oxidasa, respectivamente) y bajo condiciones de estrés nitrosativo regulan de manera positiva a *nirB* y *narK* (nitrito reductasa y proteína extrusora de nitritos, respectivamente). Predicciones bioinformáticas confirman estos mRNAs como blancos de RyhB1 y RyhB2.

**Financiamiento: Fondecyt/11110216, DI-UNAB-340-13/R.**

**Caracterización taxonómica de una nueva *Epsilonproteobacteria* perteneciente al género *Helicobacter*.**

**Taxonomic characterization of a new *Epsilonproteobacteria* belonging to the genus *Helicobacter*.**

Collado , Luis[1].,**Jara, Ronald[1]**.,Gonzalez, Susana[1].

[1]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Universidad Austral De Chile.

El género *Helicobacter* agrupa 33 especies, de las cuales la más estudiada es *Helicobacter pylori* por su rol patógeno en humanos. Sin embargo, recientemente otros helicobacters han adquirido mayor importancia como patógenos emergentes y como potenciales agentes zoonóticos asociados con enfermedades intestinales y hepatobiliares. Durante un estudio sobre diversidad de campylobacterias en muestras fecales de aves silvestres, realizado en Valdivia durante el año 2013, se aislaron dos cepas (WBE-14$^T$, WBE-19) identificadas inicialmente como *Campylobacter* sp. Sin embargo, estos aislamientos mostraron un patrón de RFLP desconocido hasta el momento, por lo que fueron seleccionadas para una caracterización sistemática polifásica. El objetivo del presente estudio fue determinar la posición taxonómica de estos aislamientos utilizando técnicas fenotípicas y genotípicas. Mediante PCR especifico de *Campylobacter*, *Arcobacter* y *Helicobacter* se pudo comprobar que pertenecían a este último género. Esto fue confirmado por análisis de los genes RNAr 16S y *cpn60*, donde claramente estas cepas forman una nueva línea filogenética. Además, los nuevos aislamientos presentaron características fenotípicas diferentes al resto de los helicobacters mediante API Campy (bioMérieux). La morfología, tamaño celular y presencia de flagelos fue analizada por microscopia electrónica de transmisión. Los resultados obtenidos, confirman que las cepas WBE14$^T$ y WBE19 representan una nueva especie del género *Helicobacter* para la cual proponemos el nombre de *Helicobacter valdiviensis* sp. nov. El significado epidemiológico de este nuevo taxón se desconoce por lo que son necesario estudios posteriores para definir sus reservorios naturales, su posible relevancia clínica y potencial zoonótico.

**Agradecimientos: Dirección de Investigación y Desarrollo, Universidad Austral de Chile.**

**Efecto del virus ipn en la expresión de mediadores de la respuesta inmune innata en *salmo salar.***

**Cardenas, Felipe**[1].,Morales, Paulina[1].,Soto, Maria Lorenza[1].,Figueroa, Jaime[2].,Yañez, Alejandro[2].,Haussmann, Denise[1].

[1]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Universidad Austral De Chile.

[2]Instituto de Bioquímica y Microbiología y Centro FONDAP (INCAR), Ciencias, Universidad Austral De Chile. (Sponsored by Jaime Eugenio Figueroa Valverde)

La Necrosis pancreática infecciosa es una patología viral, provocada por IPNv, infecta a especies de salmónidos (*S. salar*) causando altas tasas de mortalidad, la segunda luego del ISAv y genera importantes pérdidas económicas a la industria salmonera. La caracterización de la respuesta inmune innata del huésped (*Salmo salar*), nos permitirá comprender el comportamiento de los distintos mediadores de esta respuesta frente a la infección, entregando directrices que permitan encontrar blancos terapéuticos para tratar esta patología viral. En este estudio se comparó por RT-qPCR los niveles de expresión de diferentes componentes de la respuesta inmune innata en *S. salar* tanto en peces sanos comoinfectados con IPNv (con y sin sintomatología clínica) a partir de muestras de cDNA de bazo. Además se realizó ensayos de estallido respitario en cultivo primario de linfocitos de riñón anterior Resultados preliminares indican que los distintos mediadores muestran expresión diferencial, al comparar individuos sanos y enfermos (IPN+). Esto hace pensar que la respuesta inmune de estos peces podría actuar en diferentes niveles, aumentando la expresión de algunos mediadores, y disminuyendo la de otros. Lo cual se podría enmarcar en un tipo de respuesta inmune innata (temprana/tardía) o un tipo de respuesta (estimulada/inhibida). Estos antecedentes podrían dar señales para el diagnostico temprano de esta infección viral, estableciendo un momento en el que se podría aplicar un tratamiento efectivo.

**Financiamiento: FONDECYT 3130348, FONDAP 15110027 y Marine Harvest**

**Detección de daño genético en células pulmonares que expresan ectópicamente E6 y E7 de virus papiloma humano tipo 16 y expuestas a condensado de humo de cigarrillo.**

**Peña, N[1]**.,Carrillo, D[1].,Muñoz, J.P[1].,Urzúa, U[2].,Smith, P[3].,Aguayo, F[3].

[1]Virología, facultad de medicina, Universidad De Chile.

[2]Programa de Biología Celular y Molecular, facultad de medicina, Universidad De Chile.

[3]Unidad Académica de Odontología, Facultad de medicina, P. Universidad Católica de Chile.

El Virus Papiloma humano tipo 16 (VPH16), es uno de los papilomavirus de alto riesgo con mayor prevalencia en distintas neoplasias genitales y extragenitales. Además, se ha detectado su presencia en un subgrupo de tumores de pulmón. En este estudio, se plantea la hipótesis que los oncogenes virales E6 y E7 de VPH16 pueden funcionar como co-factores del humo de cigarrillo en carcinogénesis pulmonar, generando un aumento en la capacidad de producir quiebres de la doble cadena de ADN (DSBs) en células pulmonares expuestas a ambos agentes carcinogénicos. Se realizó la técnica “Alkaline Comet Assay” en células bronquiales y alveolares, transfectadas con los oncogenes virales E6/E7 de VPH16 y expuestas a condensado de humo de cigarrillo (CSC) de la Universidad de Kentucky (2R4F) en distintas concentraciones (0, 1, 10 y 50 µg/mL), por un período de 72 h de incubación a 37ºC. La técnica fue usada siguiendo las instrucciones proporcionadas por el fabricante. Además, se incubaron células con 100 µM de peróxido de hidrógeno ($H_2O_2$) a distintos tiempos de exposición (0, 5, 10, 15, 20, 40 y 60 min), resultando aquellas transfectadas con pLXSNE6/E7, con mayor, pero no significativa producción de DSBs. Mediante un micrarray dye-swap Cy3/Cy5, se detectaron notables diferencias transcripcionales en células pulmonares (A-549), expresando ectópicamente los oncogenes virales E6/E7 del VPH-16. Los resultados obtenidos sugieren que los oncogenes E6/E7 de VPH16 incrementan la generación de quiebres del DNA de doble hebra en presencia de agentes químicos como peróxido de hidrógeno y condensado de humo de cigarrillo.

**Efecto letal de *Gunnera tinctoria* (Nalca) sobre *Helicobacter pylori.***

**Lethal effect of *gunnera tinctoria* (nalca) on *helicobacter pylori.***

**Hebel, Sonja**[1].,García, Apolinaria[1].,Bustamante, Luis[2].,Pinuer, Luis [1].,Torres, Eillen[3].,Pastene, Edgar[3].

[1]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas , Universidad de Concepción.

[2]Departamento de Análisis Instrumental, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción.

[3]Departamento de Farmacia, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción.

*Helicobacter pylori* (*Hp*) cuya prevalencia nacional es 73%, está involucrado en patologías gástricas. Para su erradicación se utiliza una triterapia, la que presenta falla terapéutica por la resistencia antibiótica, necesitándose nuevas moléculas. El objetivo fue identificar moléculas en extractos de pecíolo de *Gunnera tinctoria* (nalca), determinando si éstos inhibían el crecimiento y producían cambios ultraestructurales bacterianos. Se extrajo y fraccionó nalca y se realizó una asignación tentativa de identidad para parte de sus componentes mediante HPLC-ESI-MS/MS. Se evaluó su efecto anti-*Hp* en cepas 43504 y J99 mediantecurvas de muerte y microscopía electrónica de transmisión. Se obtuvo 4 fracciones desde el extracto total y se observó moléculas como galoil-hexahidroxidifenoilhexosa, p-cumaroilhexosa, hexósido del ácido ferúlico, ácido elágico y digaloilhexosa. Los resultados más favorables fueron sobre la cepa 43504, observándose muerte bacteriana en todos los casos, exceptuando la fracción 3. Esto ocurrió a las 3 horas para amoxicilina (control), 5 para fracción 2, 4 para fracción 4, 8 para extracto total y en la fracción 1 se observó que en solo 2 horas presentó un efecto letal. Microscopía electrónica indica que el extracto total y fracciones actuarían a nivel de la pared celular, provocando disrupción en la membrana, que daría paso a lisis y muerte bacteriana. La actividad de nalca sobre *Hp* hace pensar en su potencial uso como nutracéutico y/o ingrediente en productos fitoterapéuticos para manejo preventivo y/o complementario de la terapia farmacológica.

**Agradecemos a Fondecyt N°11110442, CONICYT Beca de Magíster 2012 N°2212206, INNOVA BIOBIO 12.57-EM.TES (12.171) y DIUC Nº 212.085.033-1.0.**

**Identificación de nuevos genes involucrados en la colonización sistémica de *Salmonella* Typhimurium en ratones BALB/c.**

**Identification of novel genes involved in systemic colonization of BALB/c mice by *Salmonella* Typhimurium.**

**Silva, CA**[1].,Cheng, P[2].,Blondel, CJ[1].,Pezoa, D[1].,Molina-Quiroz, R[1].,Zhao, M[3].,Zhang, Y[3].,Desai, P[2].,Porwollik, S[2].,Hoffman, R[3].,Andrews-Polymenis, H[4].,Contreras, I[1].,Santiviago , C[1].,McClelland, M[2].

[1]Bioquímica y Biología Molecular Universidad de Chile.

[2]Irvine University of California.

[3] Anticancer, Inc.

[4] Texas A&M University .

*Salmonella* Typhimurium (*S*. Typhimurium) es una bacteria capaz de colonizar sistémicamente diversos hospederos animales y corresponde al principal modelo de estudio de patogenicidad en *Salmonella*. En este trabajo, nos propusimos identificar nuevos genes de *S*. Typhimurium involucrados en la colonización sistémica usando un modelo de infección murino. Para esto, grupos de ratones BALB/c se inocularon intraperitonealmente con genotecas de mutantes en las cuales cada gen de *S*. Typhimurium 14028s se reemplazó por un cassette de resistencia a kanamicina (3.649 mutantes) o cloranfenicol (3.509 mutantes), obteniéndose una cobertura combinada de3.892 genes de un total de 4.356. Al cabo de dos días, se sacrificaron los animales y se recuperaron las mutantes desdeliminar se recuperaron las mutantes bazo e hígado para analizar cambios en su abundancia con respecto al inóculo mediante hibridaciones en un "*tiling array*" de alta densidad (387.000 oligos). Se identificaron genes descritos en la literatura como necesarios para la colonización sistémicade *S*. Typhimurium (operones *rfa, rfb, aroD, aroH, phoPQ,* SPI-1 y SPI-2, entre otros) y genes noasociados previamente a este proceso. Dentro de éstos, destacan tres marcos de lectura: (i) STM0286, una proteína relacionada con un Sistema de Secreción Tipo 6;(ii) STM0551, una fosfodiesterasa del segundo mensajero bacteriano c-di-GMP y (iii) STM2363, una proteína involucrada en la producción de colicina V. Actualmente, estamos realizando ensayos de competencia y complementación para cada uno de estos genes.

**Financiamiento: Proyectos FONDECYT 1110172, NIH AI052237, AI075093, AI083646, AI034829, NIH contract, DOD BC073899 y BARD. C. A. Silva : CONICYT y STIPAS UCH0717.**

**Contaminación de lagos patagónicos por compuestos orgánicos tóxicos: efectos sobre la diversidad genética y metabólica de la comunidad bacteriana.**

**Pollution of Patagonian lakes by toxic organic compounds: effects in bacterial genetic and metabolic diversity.**

**Aguayo, P**[1].,Hernandez , Evelyn[1].,Pettinelli, Natalia[1].

[1]Microbiología, ciencias biológicas , Universidad de concepción. (Sponsored by Miguel Martínez Poblete)

En ecosistemas acuáticos las comunidades microbianas mantienen la homeostasis y funcionamiento de en los ciclos biogeoquímicos. Sin embargo, estas funciones pueden ser alteradas por un ingreso de compuestos orgánicos tóxicos como consecuencia de cambios en la composición y fisiología. Se investigó en microcosmos de lagos patagónicos los efectos de simazina (0,1mM) y ácido 2,4 diclorofenoxiacético (0,5mM)en la diversidad metabólica y genética mediante el sistema Biolog Ecoplate y electroforesis en gel con gradiente denaturante (DGGE) respectivamente.Además, se determinó microcosmos y encepas bacterianas, la presencia de plásmidos y capacidad para adquirir ADN extracomosomal. Los resultados indican que los tres lagos tienen un perfil metabólico similar. Los microcosmos de los Lagos Témpanos y Mercedes disminuyeron la intensidad de uso de sustratos y los recuentos bacterianos viables en presencia de simazina, sugiriendo una capacidad para responder eventuales llegadas de compuestos orgánicos tóxicos. El perfil genético de los microcosmos suplementados con ácido 2,4 diclorofenoxiacético o Simazina mostraron diferencias significativas (P <0,05) en la diversidad genética y metabólica. Se detectó también la presencia de plásmidos en cepas aisladas desde estos lagos y se demostró su transferencia. Los resultados en su conjunto, sugieren que la incorporación de compuestos orgánicos tóxicos a estos ambientes puede modificar la fisiología y diversidad genética y metabólica y disminuir la capacidad para reciclar materia orgánica. Los resultados de este estudio contribuyen a conocer los efectos de potenciales impactos de actividades humanas en ambientes vulnerables y diseñar estrategias que permitan su mitigación.

**Financiamiento: FONDECYT Nº 1100462; CONICYT; BECA Apoyo a la realización de tesis doctoral; Apoyo Técnico Srta. Ruth Contreras.**

**Somos lo que comemos: Influencia directa de la dieta sobre la neurodegeneración en el nemátodo bacterivoro *Caenorhabditis elegans.***

**We are what we eat: direct influence of diet over neurodegeneration in the bacterivorous nematode *Caenorhabditis elegans.***

**Fuentes, A**[1].,Santander, Javier[1].,Calixto, Andrea[1].

[1]Centro de Genomica y Bioinformatica, Medicina, Universidad Mayor.

La nutrición impacta el desarrollo y longevidad de los organismos (Sohal & Weindruch, 1996). En este trabajo analizamos la influencia de la dieta en la neurodegeneración del nemátodo bacterivoro *C. elegans,* usando bacterias Gram-positivas y Gram-negativas como alimento y un mutante de *C. elegans* cuyas neuronas mecanoreceptoras (NMR) degeneran por la apertura constitutiva del canal MEC-4d. MEC-4 es un canal de sodio expresado en las NMR y su apertura constitutiva por la mutación *mec-4d* provoca necrosis de estas neuronas (Driscoll & Chalfie, 1991). Previamente demostramos que la restricción calórica y la inhibición del receptor de insulina, previenen la degeneración gatillada por MEC-4d por mecanismos que disminuyen el estrés oxidativo (Calixto et al, 2012). Utilizamos *E. coli* OP50, alimentación rutinaria de *C. elegans* y *las bacterias no patógenicas Comamonas 1877, Comamonas testosteroni, Bacillus megaterium, E. coli K12, E. coli B, E. coli HT115 y E. coli Nissle*, para comparar distintas fuentes nutricionales sobre la degeneracion neuronal. Las NMR de gusanos *mec-4d* alimentados con *E. coli* OP50 degeneran en 72 horas mientras que alimentados con el resto de las bacterias están protegidas desde un 10% hasta un 60%. Para entender la causa de neuroprotección realizamos perfiles bioquímicos a todas estas cepas y descubrimos que *E. coli* OP50 no produce Ornitina descarboxilasa (OD). La OD cataliza la decarboxilación de la ornitina para producir putrescina, una amina que se convierte en espermina y espermidina, factores que reducen el envejecimiento celular y el estrés oxidativo (Eisenberg et al, 2009). Proponemos que la presencia de estas poliaminas en la dieta impactan sistémicamente y confieren neuroprotección.

**Financiamiento: Proyecto FONDECYT 3100099 y 1131038 a AC y proyecto anillo ACT1109.**

**Análisis multivariado de comunidades microbianas de suelos del estuario del río Aconcagua y su dinámica ante impacto por hidrocarburos mediante DGGE y secuenciación masiva.**

**Multivariate analysis of microbial communities from Aconcagua river estuary soils and their dynamic facing hydrocarbon pollution by DGGE and massive sequencing.**

**Fuentes, Sebastian**[1].,Ding, Guochung[2].,Caporaso, Gregory[3].,Cárdenas, Franco[1].,Smalla, Kornelia[2].,Seeger, Michael[1].

[1]Departamento de Química Universidad Técnica Federico Santa María.

[2]Institute for Epidemiology and Pathogen Diagnostics Julius Kühn-Institut, Braunschweig-Germany.

[3]Center for Microbial Genetics and Genomics Northern Arizona University, Flagstaff-US.

La cuenca del río Aconcagua alberga una serie de actividades humanas. Con el objetivo de explorar las variables ambientales que inciden en la estructura de las comunidades microbianas, suelos de cinco sitios del estuario se analizaron empleando electroforesis en gel de gradiente desnaturalizante (DGGE) del gen rRNA-16S (*Bacteria*) e ITS (*Fungi*). Mediante análisis de redundancia basado en distancias (db-RDA) se estableció que pH y tipo de suelo son relevantes en la estructura de las comunidades. Los niveles de calcio, cobre y arsénico explican las diferencias observadas en *Bacteria*, así como las clases *Alphaproteobacteria* y *Betaproteobacteria*. Asimismo, hidrocarburos totales de petróleo (TPH) y poliaromáticos (PAH) explican la varianza de los géneros *Pseudomonas* y *Bacillus*. Dada la cercanía de la refinería de Concón, se estudió la dinámica de las comunidades frente a contaminación con hidrocarburos por secuenciación masiva del gen rRNA 16S (Illumina). La respuesta a tiempos cortos fue sitio-específica. En los sitios ubicados río arriba, las poblaciones de *Acinetobacter* y *Pseudomonas* experimentaron un florecimiento a los 3 días post-contaminación. *Alcanixorax*, perteneciente a un grupo especial denominado bacterias hidrocarbonoclásticas obligadas (OHCB), experimentó un aumento significativo a la cuarta semana. En el sitio cercano al mar, los géneros *Marinobacter*, *Pseudoidiomarina* y *Cycloclasticus* respondieron significativamente ante la contaminación a los 3, 7 y 14 días, respectivamente. Las variables ambientales relevantes pertenecen principalmente a la minería del cobre, industria del cemento y refinería de petróleo. Conocer el efecto de las perturbaciones antropogénicas sobre las comunidades microbianas permite desarrollar mejores estrategias de mitigación.

**Financiamiento: Becas Doctorales CONICYT (SF), Mecesup-FMS0710 (SF,FC), CONICYT Apoyo Tesis Doctoral AT-24100177, Fulbright pasantía doctoral (SF), proyectos FONDECYT 1110992, USM 131342 y CN&SB, PUCV y UTFSM.**

**Análisis de la expresión y del uso de codones del sistema *tra* en el elemento integrativo conjugativo ICE*Afe*1 de *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270.**

**Expression and codon usage analysis of the *tra* gene cluster encoded in the integrative and conjugative element ICE*Afe*1 of *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270.**

**Flores, R[1,3].**,Tello, Mario[2].,Quatrini, Raquel[3].,Orellana, Omar[1].

[1]Programa de Biología Celular y Molecular, Medicina, Universidad de Chile.

[2]Biología, Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

[3]Ecofisiología Microbiana Fundación Ciencia & Vida.

Estudios de genómica comparativa en microorganismos del género *Acidithiobacillus* han puesto en evidencia la amplia ocurrencia de eventos de transferencia génica horizontal. Un elemento genético móvil (EGM) encontrado en la cepa tipo (ATCC 23270) y denominado ICE*Afe*1 presenta módulos génicos propios de elementos integrativos conjugativos (ICEs) involucrados en la integración y escisión, movilización y estabilización del elemento. Recientemente, se demostró que el ICE*Afe*1 es capaz de escindirse del cromosoma y se ha sugerido que posee la capacidad de autotransferirse conjugativamente utilizando un sistema de secreción de tipo IV (T4SS) codificado en el mismo elemento. El ICE*Afe*1 posee los componentes mínimos necesarios para generar un T4SS funcional, los cuales estarían organizados en 5 operones predichos y cuya organización se conserva en otros *Acidithiobacilli*. En este trabajo se demostró que estos genes son transcripcionalmente activos. Análisis filogenéticos de TraC, TraD, TraA (relaxasa) sugieren diferencias en sus orígenes, siendo esta última más lejana evolutivamente. Estudios del uso de codón muestran que existen importantes diferencias en el operón de la relaxasa comparado con los otros operones conjugativos, lo que se correlaciona con la mayor distancia evolutiva respecto de los otros *clusters* presentes. Los resultados de este estudio sugieren que la adquisición del operón relaxasa ocurrió independiente de los otros módulos conjugativos presentes en el ICE*Afe*1.

**Financiamiento Fondecyt 1110203 (OO), Fondecyt 1100887 (RQ), Basal PFB-16, Beca Conicyt (RF)**

**Identificación de las regiones del genoma responsables de la variación natural en los procesos fermentativos en *Saccharomyces cerevisiae*.**

**Identification of genomic regions underlying natural variation in fermentation processes in *Saccharomyces cerevisiae*.**

**Araos, S**[1].,Aguilera , O[1].,García, V[1].,Cubillos, F[1].,Martínez , C[1].

[1]Ciencia y tecnología de los Alimentos, Tecnológica, Universidad De Santiago De Chile.

La levadura *Saccharomyces cerevisiae* es el principal organismo responsable del proceso de fermentación. En la última década, ésta levadura se ha convertido en un organismo modelo para la genética cuantitativa, gracias a su gran diversidad tanto genética como fenotípica. Este trabajo tiene por objetivo identificar aquellas regiones del genoma responsables de las diferentes cinéticas de fermentación entre dos cepas fermentadoras crecidas a diversas temperaturas. Para esto, 96 segregantes derivados del cruce de las cepas Y12 (Sake) y DVBPG6765 (Wine-European), fueron fermentados en mosto sintético MS300 a 25°C y a 12°C durante 21 y 59 días respectivamente. A partir de estos perfiles de fermentación se obtuvieron indicadores tales como: pérdida de $CO_2$, velocidad y aceleración de pérdida de $CO_2$ y máximo índice de fermentación. Mediante mapeos por ligamiento con marcadores genéticos se han identificado QTL (*Quantitative Trait Locus*) dinámicos para la cantidad y la velocidad de perdida de $CO_2$ en las fermentaciones elaboradas a 25°C. Para el fenotipo de pérdida de $CO_2$ a 25°C,dos QTL tentativos fueron encontrados, el primero en el cromosoma 8 y el segundo en el cromosoma 12. Adicionalmente, identificamos un QTL tentativo para el fenotipo de velocidad de pérdida de $CO_2$ en el cromosoma 6. Finalmente, en la última parte de este trabajo se realizarán análisis similares en los otros fenotipos de interés, tanto a 25°C como a 12°C, para luego proceder a validar los QTL obtenidos. De esta forma, se pretende determinar los genes involucrados en las diferentes cinéticas de fermentación entre cepas fermentadoras de sake y vino.

**Nuevos determinantes de resistencia a cobre en el metagenoma de suelos contaminados.**

**Novel copper resistance determinants from the metagenome of contaminated soils.**

**Núñez, M**[1].,Moreira, Benjamín[1].,Yáñez, Carolina[1].

[1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

La mayor parte de los estudios de genes de resistencia a metales pesados en los microorganismos se realizan a través del empleo de técnicas de cultivo tradicionales. La metagenómica es una poderosa herramienta de la biología molecular que utiliza el metagenoma, material genético total de una muestra ambiental, para la identificación de genes nuevos y propiedades, ya que no discrimina los microorganismos cultivables de los no cultivables. El siguiente trabajo tuvo como objetivo buscar nuevos determinantes de resistencia a cobre (Cu) mediante el análisis del metagenoma de suelos contaminados con este metal. Para ello, se construyó una biblioteca metagenómica a partir del ADN de suelos con altas concentraciones de Cu. Se obtuvo y caracterizó un total de seis clones. Se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) a este metal en medio LB en los clones, mostrando niveles de resistencia por sobre 300 mg/l de Cu. Los clones exhibieron diferentes perfiles de resistencia al realizar un ensayo de gota sobre placas de LB con diferentes concentraciones de Cu. La digestión enzimática de los insertos reveló que éstos son diferentes entre sí y presentan un tamaño estimado entre 1500 y 5500 bp. Estos resultados permiten concluir que estos suelos alojan una diversidad de determinantes genéticos que otorgan resistencia a Cu. Actualmente está en curso la secuenciación de los insertos para así revelar sus respectivas identidades.

**Financiamiento. FONDECYT 3090071; Vicerrectoría de Investigación y Estudios Avanzados, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso,Proyectos DI Iniciación 037.311/2011 y 037.393/2012.**

**Detección molecular de bacteriocinas en *Lactobacillus salivarius* UCO_979C, con efecto inhibitorio sobre *Helicobacter pylori.***

**Molecular Detection of Bacteriocins from *Lactobacillus salivarius* UCO_979C, with inhibitory effect upon *Helicobacter pylori.***

**Navarro, K**[1].,García Cancino, A[1].,González Correa, C[1].,[1]Microbiología, Ciencias Biológicas, Universidad De Concepción.

*Lactobacillus salivarius* UCO_979C corresponde a una cepa gástrica con actividad anti *Helicobacter pylori*. La totalidad del mecanismo inhibitorio aún se desconoce, sin embargo, puede atribuirse a la producción de bactericionas. Las bacteriocinas son proteínas o péptidos biológicamente activos producidos por bacterias que inhiben o matan a otras especies bacterianas. El objetivo de este trabajo fue establecer si la cepa *L. salivarius* UCO_979C presenta genes que codifican para bacteriocinas. Como control se utilizaron las cepas *L. salivarius* LMG14476 (positivo bacteriocina ABP118) y LMG9477 (negativo para bacteriocinas). Además, se empleó la cepa *L rhamnosus* UCO_25A como control en los ensayos de inhibición. La presencia de genes que codifican para Acidocina, Salivaricina ó bacteriocina tipo ABP se investigó por PCR y la actividad inhibitoria de los lactobacilos sobre *H. pylori* (cepas ATCC42504, J99 y G27) se evaluó por difusión de los sobrenadantes en agar Columbia suplementado con 5% sangre de caballo. Los resultados muestran que la cepa UCO_979C inhibe a las tres cepas de *H. pylori* ensayadas y que ésta actividad es cualitativamente superior a la observada en la cepa UCO_25A, productora de Acidocina. La detección molecular, a su vez, mostró amplificación de un fragmento de aproximadamente 340 pb coincidente con la subunidad β de la bacteriocina ABP118. Los resultados sugieren la presencia de genes que codificarían para una bacteriocina tipo ABP en la cepa UCO_979C. Esta cepa se encuentra actualmente en análisis de su potencialidad como cepa probiótica anti *H. pylori.*

**Evaluación de promoción de crecimiento vegetal por bacterias rizosfericas con actividad ACC-Desaminasa, provenientes de suelos de la región de Coquimbo, Chile.**

**Evaluating the plant growth promotion of rhizosphere bacterias with ACC-deaminaseactivity, native to soils from the Coquimbo region, Chile.**

**Segovia, Natalia**[1,2].,Maldonado , Stefanie[2].,Stoll, A[2].,Bravo, Jaime[3].

[1]Agronomia, ciencias, Universidad De La Serena.

[2]Lab microbiologia ceaza.

[3]Microbiologia Universidad Politécnica de Pénjamo, México.

La biofertilización forma parte de una agricultura sustentable, entregando múltiples beneficios como la disminución de costos, productos inocuos, recuperación de suelos y mejor aceptación del consumidor. Este estudio evalúa la capacidad de bacterias rizosfericas con actividad enzimática de la ACC-Desaminasa, de potenciar el crecimiento y resistencia a estrés hídrico de*Arabidopsis thaliana* y *Latuca sativa* (lechuga), cultivo de importancia en la región de Coquimbo. Desde suelos agrícolas se aislaron 350 bacterias con actividad ACC-Desaminasa. En placas Petri se realizaron ensayos de germinación y desarrollo de plántula de *A.thaliana* y *L. sativa*, evaluando la morfología radicular (longitud de raíz, cantidad de raíces secundarias y densidad de pelos radiculares), además del área foliar. Una selección de 22 aislados fue aplicada en ensayos de maceta con lechuga, considerando dos tipos de manejo: a) riego normal, se observaron efectos positivos sobre la morfología radicular: 1) mayor de superficie a través de aumento de raíces secundarias y 2) pelos radiculares; adicionalmente se registra un leve adelanto en el desarrollo general de las plantas con tratamiento bacteriano frente el control (número y peso de hojas) y b) riego disminuido (50%, déficit hídrico), dos aislados aminoran efectos de déficit hídrico logrando un desarrollo similar al control con riego normal. En conclusión, los aislados seleccionados demuestran una capacidad de promoción de crecimiento vegetal en lechuga bajo condiciones controladas. Además, dos de ellos disminuyen adicionalmente efectos negativos de un déficit hídrico inducido. Una próxima etapa evaluará el desempeño de estos aislados bajo condiciones de cultivo en campo. Palabras clave: biofertilizante, bacterias pgpr, ACC,  germinación, déficit hídrico.

**Sponsored by Gore Coquimbo Fic 2012 Bip 30127532-0**

# SESIÓN DE PANELES

AMI-1

**Rol del sistema de dos componentes BaeSR de *Salmonella* Typhimurium en la modulación de la actividad catalasa frente a Ciprofloxacino.**

**Role of BaeSR two-component system of *Salmonella* Typhimurium in the catalase activity in response to Ciprofloxacin.**

**Álvarez, Ricardo**[1].,Frávega, Jorge[1].,Guerrero, Patricio[1].,Collao, Bernardo[1].,Calderón, Iván L.[1].,Saavedra, Claudia P.[1].,Gil, Fernando[1].

[1]Laboratorio Microbiología Molecular, Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

Los sistemas de dos componentes (TCS) permiten a *Salmonella* Typhimurium responder a cambios medioambientales. El TCS BaeSR de *S.* Typhimurium participa en la respuesta frente a ciprofloxacino (CIP) activando la expresión del operón *mdt*. Por otro lado, se ha demostrado que los antibióticos bactericidas aumentan la generación de especies reactivas de oxígeno. Uno de los principales es el peróxido de hidrógeno ($H_2O_2$), el cual es degradado a $H_2O$ y $O_2$ por catalasas. En *S.* Typhimurium se han descrito 3 catalasas, KatE, KatG y KatN, que se expresan diferencialmente en la fase de crecimiento. El objetivo de este trabajo fue demostrar que BaeSR de *S.* Typhimurium participa en la regulación de las catalasas frente a CIP. Se realizó la medición de la actividad catalasa asociada a la descomposición de $H_2O_2$ en la cepa silvestre y Δ*baeSR*, frente a ciprofloxacino en fase exponencial. Además, se obtuvo un aumento de la descomposición de $H_2O_2$ en la cepa silvestre cuando fue tratada con CIP, en cambio, en Δ*baeSR* este aumento no se observó. Por otro lado, se determinó la actividad catalasa en gel, donde también se encontró un aumento de la actividad en la cepa silvestre en el tratamiento con CIP. Por otra parte, mediante actividad reportera se observó un aumento de *katE* en la cepa silvestre cuando es tratada con CIP, este aumento no fue observado en la Δ*baeSR*. Estos resultados sugieren que BaeSR regula la actividad catalasa frente a CIP.

**Financiamiento: FONDECYT Nº 11100142, 1130074, DI-UNAB 15-12/R**

AMI-2

**Búsqueda y análisis de expresión de genes implicados en resitencia a antibióticos en cepas nacionales de *Piscirickettsia salmonis***

**Cartes, C[1]**.,Isla, A[2,1].,Lagos, F[1].,Haussmann, D[1].,Figueroa, J[2,1].

[1]Laboratorio de Biología Molecular de Peces, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile., Universidad Austral de Chile.

[2]Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR) Centro FONDAP.

*Piscirickettsia salmonis,* bacteria Gram negativa, inmóvil, pleomórfica, generalmente cocoide, presenta un diámetro entre 0,2-1,5 µm. Causante de la Septicemia Rickettsial Salmonidea (SRS), infección sistémica que afecta a cultivos de salmonideos en Chile, conlleva grandes pérdidas económicas. El conocimiento del genoma de cepas aisladas en Chile es vital para revelar la interacción patógeno-hospedero, grados de virulencia y distintos grados de susceptibilidad a antimicrobianos que estos subtipos puedan presentar. Actualmente, se emplean diversos antibióticos contra *P. salmonis*, principalmente Florfenicol y Oxitetraciclina, por lo que es de fundamental importancia el conocimiento acerca del grado de sensibilidad o resistencia que distintas cepas presenten hacia estos, así como qué genes estarían involucrados en conferir esta resistencia. La metodología utilizada fue identificar genes involucrados en la resistencia a Oxitetraciclina y Florfenicol de 9 genomas de cepas de *P. salmonis* mediante predicciones *in silico* utilizando el software GenDB y análisis por BLAST para una caracterización de estos. Posteriormente se realizaron estudios de sensibilidad antimicrobiana para determinar la concentración inhibitoria mínima de 3 cepas de *P. salmonis* y finalmente un análisis de expresión de los genes encontrados mediante qPCR, tratando estas cepas con 2 concentraciones distintas de los antibióticos en estudio. Los resultados observados permitieron identificar distintos grados de susceptibilidad a los antibióticos utilizados, además de una expresión diferencial en el tiempo de estos genes y de una diferencia de expresión entre cepas.

**FONDECYT 1130069 y FONDAP 15110027**

AMI-3

**Peptide identification with potential anti-bacterial activity produced by microalgae.**

**Contreras, Oscar**[1].,Wong, Genezareth[1].,Henríquez, Vitalia[1].,Ojeda, Claudia[2].,Guzmán, Fanny[2].,Escobar, Carolina[1].,Rojas, Verónica[1].

[1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

[2]Nucleo de Biotecnología de Curauma (NBC) Pontificia Universidad Católica De Valparaíso. (Sponsored by James Robeson)

Los péptidos antimicrobianos (AMPs) son importantes efectores del sistema inmune innato, con un amplio espectro contra bacterias Gram-negativas y Gram-positivas, que se pueden considerar como potenciales agentes terapéuticos para evitar el uso de antibióticos. A la fecha se han identificado más de 1200 AMPs aislados desde organismos unicelulares, insectos, plantas, anfibios, aves, peces y mamíferos. Son de bajo peso molecular, mayoritariamente catiónicos y anfipáticos, e interaccionan electrostáticamente con las membranas de bacterias. Las microalgas son microorganismos fotosintetizadores procariontes y eucariontes unicelulares. Presentan diversas moléculas de interés biotecnológico tales como pigmentos carotenoides, astaxantina, metabolitos, ácidos grasos poli-insaturados, lípidos, esteroles y toxinas. Algunos de sus compuestos tendrían actividad antibacteriana; no obstante, no se han caracterizado péptidos antibacterianos a partir de ellas. El objetivo de este trabajo es identificar péptidos con potencial actividad antibacteriana en diferentes especies de microalgas de agua dulce y marinas, como una nueva fuente de compuestos biológicamente activos. Se analizaron 2 especies de microalgas de agua dulce (*Chlamydomonas reinhardi* y *Haematococcus pluvialis*) y 4 marinas (*Asteromonas gracilis. Isochrysis galbana*, *Nannochloropsis oculata* y *Tetraselmis suecica*), se extrajeron los péptidos mediante extracción ácida, seguida de cromatografía por Sep-Pak C18 y elución con diferentes concentraciones de acetonitrilo. Los eluidos se evaluaron respecto a su capacidad de inhibición del crecimiento de las bacterias *Escherichia coli* cepa ML-35 y *Micrococcus luteus* (ATCC 9341), aquellos recuperados con 40% de acetonitrilo presentaron la mayor actividad contra ambas bacterias, y se caracterizaron parcialmente por RP-HPLC y espectrometría de masas.

**Financiamiento: Proyecto DIE-PUCV 037.698**

AMI-4

**Determinación de efecto Antifúngico en Briófitas del Gran Concepción**

**Determination of antifungal effect on bryophytes of the communes of the Gran Concepción**

**Contreras, Paulina**[1].,Avello Lorca, Marcia[1].

[1]Farmacia, Farmacia, Universidad De Concepción.

En este trabajo se determinará el efecto antifúngico de Briófitas que crecen en el Gran Concepción con el fin de encontrar nuevas fuentes de productos antifúngicos que son de amplia necesidad en diversas industrias del país (farmacéutica, alimentaria, agrícola, forestal). Para esto se tomaron muestras en las localidades de Hualqui y Quilacoya, las cuales presentan las condiciones climáticas favorables para el desarrollo de la planta.De esta forma se observará la variación del efecto según las características de los distintos ambientes. También se estudiarán muestras del musgo *Sphagnum magellanicum*, recolectadas en la región de Aysén, el cual tiene comprobado efecto antifúngico y servirá de patrón que llevará un control de las metodologías. La actividad antifúngica se medirá por la acción que tienen los extractos de las plantas en cultivos *in-vitro* de hongos patógenos de interés para las industrias mencionadas. Los extractos más activos serán seleccionados para un estudio en detalle, donde se identificaran los compuestos responsables de la actividad y la posibilidad de purificarlos por métodos analíticos. A raíz de esto, se determinará el o los mecanismos de acción que permiten el efecto antifúngico.

AMI-5

**Determinación de la sensibilidad antimicrobiana de cepas de *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli* aisladas de carnes de pollo broiler.**

**Determination ofantimicrobial susceptibilityof*Campylobacter jejuni*and*Campylobacter coli* strains isolates frombroilerchickenmeat.**

**Farias, L**[1].,Jara, M.[1].,Martínez, MC.[1].,Gatica, MA[2].,Lapierre, L[2].

[1]Microbiología de Alimentos, Salud Ambiental, Instituto de Salud Pública de Chile.

[2]Laboratorio Centralizado de Investigaciones Veterinarias, Facultad de Veterinaria , Universidad De Chile.

El desarrollo de la resistencia a los antibióticos por parte de patógenos bacterianos es un importante problema de salud pública a nivel mundial. Al respecto, para agentes zoonóticos como *Campylobacter* spp., este es un problema emergente existiendo en las últimas décadas un incremento en la resistencia a antibióticos de la familia de las fluoroquinolonas y macrólidos, fármacos utilizados para el tratamiento de campylobacteriosis en pacientes humanos. El uso indiscriminado de antibióticos en producción animal, se describe como una de las principales causas de este fenómeno. En Chile, existen muy pocos estudios sobre la susceptibilidad antimicrobiana a ciprofloxacino, tetraciclina, eritromicina y gentamicina en cepas de *Campylobacter* spp., aisladas desde alimentos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la susceptibilidad a los antibióticos en 40 cepas aisladas de carnes de pollos Broiler. Se utilizaron dos métodos, un screening con la técnica de Etest y dilución en agar mediante la técnica de concentración mínima inhibitoria (CIM). Del total de cepas 17 fueron resistentes a ciprofloxacino, 14 a tetraciclina, 11 a eritromicina y 4 a gentamicina; mientras que 16 cepas fueron multiresistentes, con el perfil más común tetraciclina/ ciprofloxacino/eritromicina. De acuerdo a estudios realizados anteriormente en nuestro país, los niveles de resistencia de *Campylobacter* spp., a los antimicrobianos analizados han aumentado, lo que demuestra la importancia de establecer un sistema de vigilancia en Chile con un enfoque integrado entre Medicina Veterinaria, alimentos y Medicina Humana, con el fin de resguardar la salud de la población y la inocuidad alimentaria.

AMI-6

**Evaluación in vitro de los principios activos de un medicamento de uso veterinario frente a los patógenos causante de la otitis.**

**In vitro evaluation of the active ingredients of a medicinal product for veterinary use against the pathogens causing otitis.**

**Gutierrez, Luz Adriana**[1].,Ramirez , Luz Adriana [2,3].,Hincapié, Juan Esteban.,Ortiz Del Rio, Carolina [3].

[1]Zootecnia , Ciencias Administrativas y Agropecuarias , Corporación Universitaria Lasallista .

[2]Medicina Veterinaria, Ciencias Administrativas y Agropecuarias , Corporación Universitaria Lasallista .

[3]Antioquia , Ciencias Administrativas y Agropecuarias , Corporación Universitaria Lasallista.

La caracterización de los microorganismos causantes de una infección es uno de los procesos más importantes para el diagnóstico de la enfermedad y la recomendación del tratamiento adecuado. El objetivo de esta investigación fue evaluar el efecto in vitro de los principios activos de un medicamento veterinario frente a los microorganismos aislado postratamiento in vivo con el fármaco en 27 perros con otitis. Para comprobar la efectividad del medicamento in vivo, en 27 animales, se realizó una evaluación postratamiento; se aislaron de 5 perros, dos *Pseudomonasaeruginosas*, tres *Staphilococosintermedius* y tres levaduras del genero *Malassezia* sp. Se preparó un stock de 3mL de Gentamicina (3mg/mL) y 3mL de Clotrimazol (10mg/mL). Las bacterias se llevaron a un concentración de $1x10^6$ bacterias/mL, igualmente las Levaduras. En los platos de Elisa se inocularon las muestras midiendo 150uL de antibiótico y 150uL de cada bacteria, 150uL de Clotrimazol y 150uL de levaduras. Se hicieron dos repeticiones y tres réplicas de cada microorganismo y de control, se empleó antibiótico más agua y microorganismos sin antibiótico ni antifúngico, ajustados a 300uL, las condiciones de crecimiento en el espectrofotómetro fueron: 35ºC/10rpm/24horas y cada dos horas media crecimiento a 660 DO. Los resultados fueron tabulados y analizados por medio de análisis de varianza o ANOVAcon $p<0,05$, encontrando que el antibiótico (Gentamicina 3mg/mL) tiene efectos positivos sobre los microorganismos in vitro, mientras que el clotrimazol no tiene efectos inhibitorios sobre las levaduras, estos resultados demuestran que los comportamientos infecciosos de los microorganismos son procesos multifactoriales y la resistencia microbiana a los medicamentos es un proceso de continua de defensa, recomendando de esta forma un aumento en la concentración de clotrimazol en el medicamento.

AMI-7

**Estudio de la Resistencia a Antibióticos de Cepas Bacterianas Aisladas de Mastitis Bovina.**

**Study of Antibiotic Resistance of Bacterial Strains Isolated from Bovine Mastitis.**

Peralta, Maria Jose[1].,Baeza, Alvaro[1].,Cordero, Ninoska[1].,Castillo, Eduardo[1].,**Reyes-Jara, Angélica[1]**.

[1]Laboratorio de Microbiología y Probióticos, INTA, Universidad De Chile.

**Introducción:** La mastitis bovina (MB) constituye un serio problema a nivel productivo en la industria láctea. Diversos son los agentes causales y entre ellos las bacterias juegan un importante rol. El tratamiento de esta patología se ve agravado dado que el uso prolongado de antibióticos, favorecen la aparición de cepas resistentes. **Objetivo**: Determinar la tasa de resistencia en cepas aisladas de MB de la zona central y sur del país, refractaria a antibióticos. **Métodos:** Se evaluó la susceptibilidad a antibióticos en 108 aislados de MB: *Escherichia coli* (15), *Staphylococcus aureus* (29), *Staphylococcus coagulasa negativa (SCN)* (29), *Corynebacterium sp*. (22) y *Streptococcus uberis* (13) según la metodología de la NCCLS. Los antibióticos ensayados fueron: gentamicina (CN), amoxicilina–ácido clavulánico (AMC), tetraciclina (TE), sulfa/trimetoprim (SXT), cefotaxima (CTX) y neomicina (N). **Resultados**: Se observó que *Escherichia coli* y *SCN* presentaron una mayor tasa de resistencia a TE con un 20 y 14 % respectivamente, mientras que *Streptococcus uberis y Staphylococcus aureus* demostraron mayor resistencia a N con 38% y 7% respectivamente. Por otro lado, *Corynebacterium sp*., fue más resistente a AMC (9%).Los patógenos aislados de MB en la Zona Central presentaron mayor frecuencia de resistencia a TE (22%) y a AMC (13%), a diferencia de los obtenidos de la Zona Sur donde 7.6% presentaron resistencia a N. **Conclusión**: El uso de antibióticos para el control de MB ha favorecido la selección de bacterias resistentes provenientes de la zona central y sur del país.

**Financiamiento FIA PYT -2013-0030.**

AMI-8

**Efecto de agentes desnaturantes sobre la actividad antimicrobiana de la bacteriocina gicina A.**

**Effects of denaturing agents on the antimicrobial activity of the bacteriocin gicin A.**

Fernández Oyarzún, Paulina [1].,**Rivas, E[1]**.,Cortés-Cortés, P[1].,Baez, M[2].,Corsini, G[1].

[1]Centro de Investigación Biomédica Universidad Autónoma De Chile.

[2]Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Bioquímica y Biología, Facultad de Ciencias Químicas y Farmaceuúicas, Universidad De Chile.

En los últimos años, algunas bacteriocinas emergen como una alternativa en la industria alimenticia debido a su actividad potente y selectiva contra bacterias patógenas o involucradas en la descomposición de los alimentos. Es por esta razón que surge la necesidad de estudiar la estabilidad de las bacteriocinas. Las microcinas producidas por bacterias Gram negativo, muestran una alta estabilidad ante agentes desnaturantes, este es el caso de gicina A, un bacteriocina sintetizada por *Pseudomona aeruginosa* O400 que tiene actividad sobre bacterias Gram positivo, la cual ha mostrado ser resistente a altas temperaturas. Para estudiar la estabilidad de este polipeptido, se observaron los efectos de algunos agentes desnaturantes sobre su actividad. Para esto se purificó gicina A, a partir de su cepa productora, mediante cromatografía de intercambio hidrofobico, para luego ser incubada por 2 y 4 horas en soluciones con distintas concentraciones de urea y cloruro de guanidinio y soluciones amortiguadoras de distinto pH y finalmente se ensayaron sobre un césped de una bacteria indicadora. Se realizaron controles de gicina A en ausencia de agentes desnaturantes, sin previa incubación y controles de las soluciones sin gicina A. Los resultados muestran que la incubación de gicina A en presencia de agentes caotrópicos, tiende a aumentar su actividad, sin embargo a pH mayores y menores a 7 la actividad de gicina A tiende a disminuir. Según estos antecedentes obtenidos, se podría postular que gicina A es un péptido sin estructura definida y que no requiere de ésta para llevar a cabo su acción.

AMI-9

**Caracterización *in vitro* de la citotoxicidad del polipéptido antimicrobiano gicina A, sobre líneas celulares normales y tumorales humanas.**

**In vitro characterization of cytotoxicity of the antimicrobial polypeptide gicina A on normal and tumor human cell lines.**

**Rivas, E**[1].,Férnandez, Paulina[1].,Gálvez, Nicolas[1].,Corsini, Gino[1].

[1]Centro de Investigación Biomédica Universidad Autónoma De Chile.

Gicina A es una bacteriocina producida por *Pseudomonas aeruginosa* O400, que presenta actividad antimicrobiana sobre bacterias Gram positivo. Las bacteriocinas presentan potenciales aplicaciones en la industria alimentaria, en la industria farmacéutica, en terapias antibióticas y en terapia antitumoral. Debido a sus potenciales usos, es relevante evaluar el efecto citotóxico que presentan sobre células eucarióticas tumorales y normales. La citotoxicidad de gicina se caracterizó sobre líneas celulares (HEK293, HeLa, U937 y K562) a través de 2 técnicas, tinción azul de tripán y viabilidad celular por MTT, empleándose como control de baja citotoxicidad la bacteriocina nisina, producida por *Lactococcus lactis.* Se utilizaron 3 concentraciones de gicina, la concentración inhibitoria mínima (MIC) sobre *Staphylococcusauerus* (2.048 UA/mL), 10 veces la MIC (20.480 UA/mL), y 100 veces la MIC (204.800 UA/mL). Como resultado se observó un mayor efecto citotóxico con una concentración 100 veces la MIC sobre HEK293 y HeLa (80% muerte, a las 72 h). Además gicina, no presenta citotoxicidad para células HEK 293, HeLa, y K562 a una concentración de 2048 UA/mL y 10 veces el valor de la MIC muestra solo una baja leve en el porcentaje de sobrevida. En cambio para células U937 el efecto es tóxico a 100 veces la MIC. El efecto citotóxico sobre K562 y U937 es menor, que las HEK293 y HeLa, con un porcentaje de muerte de alrededor 50%. El efecto citotóxico de nisina fue menor al de gicina, excepto en U937, donde se comportan de manera similar.

**Financiamiento: Fondecyt 11090182, VRA-UDP Proyecto-Semilla CG 13.03.25.018.**

AMI-10

**El extracto de orujo de uva disminuye la expresión de la bomba de expulsión NorA y potencia la actividad de ciprofloxacino en *Staphylococcus aureus.***

**Grape pomace extract decreases the expression of the efflux pump NorA and potentiates the activity of ciprofloxacin in *Staphylococcus aureus*.**

**Sanhueza, L**[1].,Ferrer , Alonso [1].,Zapata , Robinson [1].,Mendoza , Leonora [2].,Levicán , Gloria [1].,Wilkens , Marcela [1].

[1]Biología , Química y Biología , Universidad De Santiago De Chile.

[2]Química de los Materiales , Química y Biología , Universidad De Santiago De Chile.

Los antibióticos bactericidas, estimulan la producción de especies reactivas de oxígeno (ROS) contribuyendo a la muerte celular. Sin embargo, cuando estas ROS son producidas en concentraciones subletales generan mutaciones que pueden resultar en multirresistencia. Además se ha descrito que las ROS inducen la expresión de la bomba de expulsión NorA presente en *S. aureus,* responsable de la resistencia a fluoroquinolonas como ciprofloxacino. En nuestro laboratorio hemos determinado que el extracto de orujo de uva actúa en sinergismo con ciprofloxacino y que además contiene compuestos polifenólicos, capaces de disminuir las ROS intracelulares inducidas por antibióticos. El objetivo del trabajo fue evaluar si el extracto de orujo de uva reduce la generación de ROS y de este modo disminuye la expresión de *nor*A inducida por ciprofloxacino en *S. aureus* como posible mecanismo de acción para el efecto sinérgico observado.

Se evaluó la concentración mínima inhibitoria (MIC) del extracto de orujo de uva y ciprofloxacino. La generación de ROS intracelular se cuantificó utilizando la sonda $H_2$DCFDA, mientras que la expresión de *nor*A se realizó midiendo la actividad β-galactosidasa en *nor*A::*lac*Z. Los resultados muestran que el extracto utilizado disminuyó los niveles de ROS intracelulares en el control y en los tratamientos con ciprofloxacino en 60% y 80%, respectivamente. Además, se determinó que el extracto disminuyó la expresión de *nor*A en un 40% en los cultivos tratados con ciprofloxacino. Estos datos sugieren que el extracto de orujo de uva podría estar ejerciendo su efecto sinérgico a través de la disminución de la expresión de *nor*A.

Sponsored by Beca Doctorado Nacional CONICYT, FONDECYT 1120746 -1130389

AMI-11

**Compuestos fenólicos provenientes de extractos de orujo de uva actúan en sinergismo con antibióticos contra *Staphylococcusaureus* y *Escherichia coli*.**

**Phenolic compounds from grape pomace extracts act synergically with antibiotics against *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli*.**

**Sanhueza, L**[1].,Mendoza , Leonora [2].,Wilkens , Marcela [1].

[1]Biología , Química y Biología , Universidad De Santiago De Chile.

[2]Química de los Materiales , Química y Biología , Universidad De Santiago De Chile.

El continuo desarrollo de mecanismos de resistencia a antibióticos por numerosas bacterias patógenas es un grave problema. Una de las estrategias para su tratamiento es el uso de extractos de plantas en combinación con antibióticos. Un recurso rico en compuestos fenólicos con actividad antibacteriana de amplio espectro es el orujo de uva. Se evaluó el efecto sinérgico entre extractos de orujo de uva en combinación con antibióticos y ácidos fenólicos contra aislados de *S. aureus* y *E. coli*. Para ello, se determinó la concentración mínima inhibitoria (MIC) de antibióticos y extractos por microdiluciones. Las interacciones extracto/antibiótico y extracto/ácidos fenólicos previamente identificados por LC-MS, fueron evaluadas por el método del tablero de damas. Los resultados muestran que los extractos poseen efecto sinérgico en combinación con betalactámicos, fluoroquinolonas, tetraciclina y cloranfenicol en *S. aureus* y *E. coli*, con índices de concentración fraccionaria inhibitoria (FIC) entre 0,046-0,33, disminuyendo la MIC hasta 64 veces. Dentro de los ácidos identificados se encuentran: gálico, vaníllico, p-cumárico y benzoico, que redujeron la MIC entre 16-64 veces (FIC 0,03-0,12) en combinación con el extracto. Las combinaciones de extracto - antibióticos/ácidos fenólicos contra *S. aureus* y *E. coli* muestran un efecto sinérgico de amplio espectro, indicando que los compuestos presentes en el extracto poseen distintos mecanismos de acción. Los antibióticos utilizados han sido identificados como sustratos de distintas bombas de expulsión en *S. aureus* y *E. coli*, lo que sugiere que uno o más compuestos presentes en los extractos poseen la capacidad de inhibir estas bombas.

Sponsored by Beca Doctorado Nacional CONICYT, FONDECYT 1130389

AMI-12

**Propiedades antibacterianas de 4-hidroxi-3-(3-metil-2-butenol)acetofenona aislada desde *Senecio graveolens*.**

**Antibacterial properties of 4-hydroxy-3-(3-methyl-2-butenyl)acetophenone isolated form *Senecio graveolens*.**

**Santander, Javier**[1,3].,Otto, Caitlin[2].,Lowry, Dave[3].,Mellado, Marco[4].,Cuellar, Mauricio[4].,Salas, Cristian[5].,Echiburu-Chau, Carlos[6].

[1]Centro de Genomica y Bioinformatica, Instituto de Biotecnologia, Universidad Mayor.

[2]Biodeasing Institute Arizona State University.

[3]School of Life Sciences Arizona State University.

[4]Departamento de Farmacia Universidad de Valparaíso.

[5]Departamento de Química Pontificia Universidad Católica De Chile.

[6]Cancer and Oxidative Stress Lab Centro de Investigaciones del Hombre en el Desierto (CODECITE-CIHDE). (Sponsored by Universidad Mayor)

Resistance to antimicrobial drugs has become an increasingly global problem, and is the main reason for an extended search for new drugs to treat microbial infections. Senecioneae is one of the largest tribes of Asteraceae, comprised of about 150 genera and 3000 plant species. *Senecio graveolens*, commonly called Chachacoma, is highly used as a medicinal plant for altitude sickness by the natives of the Andes Mountains around the Atacama Desert. Previous studies have demonstrated that *S.graveolens* extracts possess antibacterial properties, but its active compound and molecular mechanisms are still unknown. Here we determined that *S. graveolens*extract has specific antibacterial activity against Gram-positive bacteria, including methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, and *Mycobacterium smegmatis*. The most abundant compound from *S. graveolens* extract, 4-hydroxy-3-(3-methyl-2-butenyl)acetophenone (4-H-3-(MB)AP), showed broad antibacterial activity against Gram-positive but no activity against Gram-negative strains. We determined that 4-hydroxy-3-(3-methyl-2-butenyl)acetophenone permeabilizes bacterial membranes and precludes cell division by disrupting the divisome of Gram-positive bacteria, suggesting that the synthesis of teichoic acid is inhibited. We conclude that 4-H-3-(MB)AP is one of the active compounds of *S. graveolens* extract responsible for its antibacterial activity. In light of the need of new drugs against multi-resistant bacteria, 4-H-3-(MB)AP is a candidate for further chemical modification studies and practical approaches.

AMI-13

**Caracterización microbiológica y determinación de los parámetros cinéticos de crecimiento de una bacteria silvestre con actividad antifúngica contra *Botrytis cinerea.***

**Microbiological characterization and determination of the kinetic parameters of growth of a wild-type bacterium with antifungal activity against *Botrytis cinerea.***

**Santiago, R**[1].,Cottet, L[1].,Huiliñir, C[2].,Castillo, A[1].

[1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

[2]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad De Santiago De Chile.

El principal propósito de este trabajo es la caracterización microbiológica y cinética de un nuevo microorganismo con actividad fungicida contra *B. cinerea*. A partir de muestras de suelo de la tercera y séptima región, se logró obtener aislados bacterianos con actividad antifúngica contra *B. cinerea* y por diluciones sucesivas se obtuvieron colonias aisladas, correspondientes a clones isogénicos, considerados cepas bacterianas puras. Para su caracterización se aisló DNA genómico, se amplificó y secuenció una porción del rDNA 16S utilizando los pares de primers 8F/1392R y 27F/800R, respectivamente. Los resultados obtenidos permitieron clasificar las cepas bacterianas en los géneros *Bacillus, Serratia y Paenibacillus*. Luego se continuó trabajando con la cepa del género *Paenibacillus* con mayor actividad antifúngica, ya que este género de bacterias posee las propiedades fundamentales para constituirse en un nuevo biofungicida contra *B. cinerea*. Esto es, alta tasa de esporulación, altos niveles de secreción de moléculas con actividad antifúngica y naturalmente se encuentra colonizando tejidos vegetales, rizósfera y suelos adyacentes. Las pruebas bioquímicas realizadas confirmaron los resultados de secuenciación y finalmente para la obtención de los parámetros cinéticos se utilizó glucosa como principal fuente de carbono y los crecimientos discontinuos se realizaron a 30°C, pH 5, 200 rpm y 1 vvm de aireación.

Sponsored by DGT-USACH

**Financiado por proyecto DGT-USACH**

AMI-14

**Evaluación de la actividad lacasa de *Botrytis cinerea* y su relación con el efecto antifúngico de compuestos fenólicos.**

**Evaluation of laccase activity from *Botrytis cinerea* and its relationship to the antifungal effect of phenolic compounds.**

**Sepúlveda, Felipe**[2].,Campos-Vargas, Reinaldo[1].,Polanco, Rubén[2].

[1]Centro de Biotecnología Vegetal. Laboratorio de Postcosecha., Facultad de Ciencias Biologicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Departamento de Ciencias Biológicas. Laboratorio de Bioquímica., Facultad de Ciencias Biologicas, Universidad Andrés Bello. (Sponsored by Claudia Saavedra S.)

La “pudrición gris” causada por *Botrytis cinerea* (Bc) es una de las fitopatologías de mayor impacto en la agricultura mundial. El método tradicional para controlar a este hongo consiste en el uso de fungicidas químicos sintéticos, los cuales presentan diversos problemas, entre los que destacan la contaminación ambiental y la aparición de cepas resistentes. Metabolitos secundarios, como feniletil alcohol (PEA) y ð-decalactona (DL), son producidos por hongos del género *Trichoderma*, y presentan acción antifúngica sobre Bc. El propósito de este estudio fue evaluar el efecto antifúngico de PEA y DL sobre distintos aislados de Bc en condiciones de cultivo que incrementen la actividad lacasa de *Botrytis*. PEA (50 mM) provocó una inhibición del crecimiento de Bc del 75% al 83%, dependiendo de la cepa analizada. PEA (5 mM) mostró sólo una inhibición en la formación de micelio aéreo, al igual que DL. Al usar medios de cultivo suplementados con $CuSO_4$ (0,1%), se logró un incremento cualitativo de la actividad lacasa, que va desde un 10% hasta un 40%, sin afectar el crecimiento de las cepas de Bc en estudio. En estas condiciones, se observó un incremento significativo del efecto antifúngico de PEA (50 mM), alcanzando una inhibición del crecimiento que va del 88% al 96%. Esto nos permite establecer una relación entre el aumento de la actividad lacasa con un incremento del efecto antifúngico del PEA, proponiendo a esta enzima como un interesante blanco para el control de *Botrytis* mediante el uso de compuestos de naturaleza fenólica.

**FINANCIAMIENTO: PROYECTOS CA12i10104 (IDeA – FONDEF) Y DI-130-12/R (UNAB).**

AMI-15

**ALTA RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN CEPAS DE *C. jejuni* AISLADAS DE CARNE DE POLLO EXPENDIDA EN SUPERMERCADOS CHILENOS.**

**HIGH RESISTANCE TO ANTIBIOTICS IN STRAINS OF C. jejuni ISOLATED FROM CHICKEN IN CHILEAN SUPERMARKETS.**

**Troncoso, Miriam**[1].,Gallardo, Patricia[1].,Reyes, Angélica[1].,Figueroa, Guillermo[1].

[1]Laboratorio de Microbiología y Probiótcos, INTA, Universidad de Chile.

**Antecedentes:** La carne de ave es el principal reservorio de *C. jejuni*, uno de los patógenos bacterianos que causa con frecuencia gastroenteritis tanto a nivel mundial como en Chile. Este peligro se ve aumentado ya que se ha reportado la emergencia de cepas de *C. jejuni* resistente a antimicrobianos, en especial fluoroquinolonas, uno de los antimicrobianos de elección para el tratamiento de este patógeno.

**Objetivo**: Evaluar la resistencia a ciprofloxacino, tetraciclina y eritromicina en cepas de *C. jejuni* aisladas de carne de pollo nacional e importada expendida en supermercados de la Región Metropolitana.

**Métodos:** En el período entre 2010 y 2012 se recolectaron 121 cepas de *C. jejuni* provenientes de pollo congelado, nacional (n=87) e importado (n= 34) a la venta en supermercados. La susceptibilidad antibiótica de los aislados se determinó mediante método de difusión en disco y luego confirmó mediante la determinación concentración inhibitoria minina conforme a los protocolos recomendados por CLSI.

**Resultados**: Se observó que las cepas aisladas de carne importada presentaron una alta y mayor tasa de resistencia a ciprofloxacino (94%, 32/34,) y tetraciclina (77%, 26/34), en comparación con las cepas de procedencia nacional (59/87, 68% y 36% 31/87 respectivamente). Se detectó un 48% de resistencia simultánea a ambos antibióticos. Resistencia a eritromicina se demostró solo en una cepa de origen nacional (1%).

**Conclusión:** Los resultados confirman la importancia del uso adecuado y controlado de los antibióticos veterinarios, las Buenas Prácticas Ganaderas, así como, una vigilancia permanente de los patógenos zoonóticos y sus niveles de resistencia.

AMI-16

**Búsqueda de genes involucrados en la síntesis de compuestos bioactivos en *Actinobacterias* marinas aisladas del Sur de Chile**

**Searching for gene involved in bioactive compounds synthesis in marine *Actinobacteria* isolated from Southern Chile**

**Undabarrena, Agustina**[1].,Claverías, Fernanda[1].,González, Myriam[1].,Seeger, Michael[1].,Cámara, Beatriz[1].

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Center for Nanotechnology and Systems Biology & Centro de Biotecnología D. Alkalay L. Universidad Técnica Federico Santa María.

Dado el aumento de microorganismos patógenos resistentes a los antibióticos es de crucial importancia desarrollar estudios enfocados en encontrar nuevos metabolitos que presenten propiedades bioactivas. Las *Actinobacterias* representan al grupo bacteriano más prominente para la producción de compuestos bioactivos, siendo un gran número de ellos producidos por sintetasas de péptidos no ribosomales (NRPS), poliquétido sintasas (PKS), o una combinación de ambos. Estos sistemas se organizan en agrupamientos genéticos definidos, y se caracterizan por sintetizar compuestos naturales con diversas actividades biológicas. Se propuso realizar una búsqueda de la presencia y potencial funcionalidad de estos agrupamientos génicos de PKS y NRPS de muestras provenientes de sedimentos marinos del Pacífico Sur de Chile, enfocado en el aislamiento y caracterización de cepas marinas preferentemente del phylum *Actinobacteria*. Se determinó que un número importante de los aislados analizados pertenece al phylum *Actinobacteria*. Mediante secuenciación del gen rRNA 16S, se detectó que los aislados pertenecen a diversas familias, dentro de las que se destaca *Micrococcinaceae* con géneros del tipo *Arthrobacter* y *Kocuria*. Se detectó mediante PCR la presencia de los agrupamientos génicos que contienen genes PKS y NRPS, indicando la presencia de estos sistemas en los aislados. Además, las cepas aisladas fueron analizadas funcionalmente por medio de antibiogramas en contra de cepas tipo como *Staphylococcus aureus* y *Pseudomonas aeruginosa*, encontrándose una actividad de inhibición de su crecimiento. Estos resultados indican la presencia genética de estos agrupamientos biosintéticos y posible funcionalidad, señalando la potencialidad de producir compuestos bioactivos de interés farmacológico.

Sponsored by Beca Doctoral Conicyt (AU), Proyecto Fondecyt (11121571, 1110992), PIE>A UTFSM (FC, AU) Y USM 131342

**Financiamiento: Beca Doctoral Conicyt (AU), Proyecto Fondecyt (11121571, 1110992), PIE>A UTFSM (FC, AU) Y USM 131342**

AMI-17

**Determinación de la actividad antibacteriana de complejos mixtos de Cobalto (III) con fenantrolina y carbohidratos.**

**Determination of antibacterial activity of Cobalt (III) mixed-ligand complexes with phenanthroline and carbohydrates.**

**Wiese, G**[1].,Atria, Ana María[2].,Parada, José[2].,Corsini, Gino[1].

[1]Centro de Investigación Biomédica Universidad Autónoma De Chile.

[2]Departamento de Química Inorgánica y Analítica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad De Chile.

Desde hace algunos años, nuestro grupo de investigación ha centrado su interés en la química de coordinación de metales de transición, con ligantes que presentan átomos de oxígeno y/o nitrógeno dadores y su asociación con la actividad y/o modulación de procesos biológicos. En este trabajo presentamos el estudio de las propiedades antibacterianas de tres complejos de cobalto (III) de fórmula: $[Co(fen)_2(Carbohidrato)]Cl_2$, en donde fen corresponde a 1,10-fenantrolina y Carbohidrato corresponde a arabinosa, maltosa o galactosa respectivamente. La fórmula de estos complejos se propuso en base a estudios de dicroísmo circular, espectroscopía de absorción UV-Vis y $^1$H-RMN en solución. La actividad antibacteriana de estos complejos se evaluó mediante ensayos en discos, empleando un panel de bacterias Gram negativo (*E. coli*, *S. enterica* sv Enteritidis, *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa*) y un panel de bacterias Gram positivo (*E. faecalis*, *B. cereus*, *Micrococcus* sp., *S. aureus*). Los resultados indicaron que los complejos de Co(III) con arabinosa y maltosa presentan actividad antibacteriana frente a las especies ensayadas. En cambio el complejo Co(III) con galactosa no presenta actividad sobre ninguna de las cepas empleadas. Por otra parte, se determinó la concentración mínima inhibitoria de los complejos de Co(III) con arabinosa y maltosa, y se evalúo su efecto sobre la cepa reportera *E. coli* HB101 empleando un método colorimétrico en placa. El resultado de este ensayo indicó que ambos complejos actúan mediante un efecto bacteriostático sobre la cepa reportera.

**Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1020125**

BMC-1

**Efecto gen ICY1 en el consumo de nitrógeno durante la fermentación y en el crecimiento en condiciones no fermentativas.**

**Effect of gene ICY1 in the nitrogen consumption under fermentative and non-fermentative growth conditions.**

**Aguilera, O**[1].,García, V[1].,Ganga, M.A.[1].,Martínez, C[1,2].

[1]Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad Tecnológica, Universidad de Santiago de Chile.

[2]Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de Alimentos Universidad De Santiago De Chile. (Sponsored by Claudio Martinez)

La fermentación alcohólica es un proceso complejo llevado a cabo por *Saccharomyces cerevisiae,* en cual el consumo de nitrógeno juega un importante papel, pues se encuentra en cantidades limitantes. El gen *ICY1* fue relacionado con el metabolismo del nitrógeno mediante la comparación de los perfiles transcripcionales de cepas genéticamente relacionadas, pero que difieren en el consumo de este compuesto. Posteriormente se evaluó la expresión de este gen en fermentaciones llevadas a cabo por cepas vínicas en mosto con cantidades normales (300mg/L) y carencia de nitrógeno (60mg/L) observando que la expresión de este gen disminuye en esta última condición y que la cepa EC1118 mutante nulo en este gen consume mayor cantidad de amonio durante la fermentación. En este trabajo se evaluó el efecto de este gen en el crecimiento de la cepa EC1118 que sobreexpresa este gen o el mutante nulo en presencia de fuentes de carbono no fermentables. Los resultados sugieren que este gen afecta el crecimiento normal en esta condición, pues las cinéticas de crecimiento de las cepas evaluadas se ven alteradas aumentando la fase lag de crecimiento o cambiando la velocidad específica de crecimiento. Por otro lado, en mostos sintéticos con 300 o 60 mg/L de nitrógeno, todas las cepas analizadas presentan una cinética de crecimiento similar, al igual que en medios de cultivos con glucosa como fuente de carbono. Estos resultados sugieren que el gen *ICY1* no solo está involucrado en el consumo de nitrógeno durante la fermentación alcohólica, sino que participa en el crecimiento de la levadura en medios de cultivos no fermentables.

**Financiado por Fondecyt 3120107 y 1100509.**

BMC-2

**Contribución del gen pmt4 en la morfogenesis y virulencia del hongo fitopatógeno *botrytis cinerea*.**

**Contribution of *pmt4* gene in the morphogenesis and virulence in the ubiquitous plant pathogen *botrytis cinerea.***

Plaza, Verónica[1].,Lagües, Yanssuy[1].,Carvajal, Mauro[1].,**Castillo, Luis**[1].

[1]Laboratorio de Bioquímica y Biología Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad De La Serena.

*Botrytis cinerea* es un hongo fitopatógeno que afecta a más de 200 especies diferentes de plantas. La pared celular de los hongos patógenos, además de proporcionar protección, es unas de las primeras estructuras que entran en contacto con el hospedador y se encuentra directamente asociada con la capacidad de infección de los hongos. Esta pared celular, está compuesta principalmente por β-glucanos, quitina y glicoproteínas. Las glicoproteínas de la pared celular se encuentran N y O-glicosiladas, proceso en que participan múltiples familias de genes. En *Candida albicans* y *Saccharomyces cerevisiae* se han descrito las familias de genes *MNN*, *MNT1* y *PMT* que participan en N y/o O glicosilación, que son similares a las encontradas en *B. cinerea.* El objetivo de este trabajo fue determinar el rol que cumple el gen *BcPMT4* de *B. cinerea* en la morfogénesis y su contribución en la virulencia. Para ello, el gen *BcPMT4* fue delecionado por recombinación homóloga en la cepa parental B05.10, utilizando el casete de resistencia a higromicina. Los fenotipos analizados en el mutante *Bcpmt4* han demostrado un incremento en la sensibilidad a diferentes drogas que interfieren con la estructura de la pared celular. Los análisis de virulencia muestran que el mutante *Bcpmt4* reduce su capacidad de infección en frutos y en hojas de tomates. Estos datos respaldan la hipótesis de que el gen *BcPMT4* está involucrado en la morfogénesis y virulencia de *B. cinerea*.

BMC-3

**Synthesis of silver nanoparticles mediated by *Botrytis cinerea.***

Gangas Peña, María Victoria.,Castillo Nara , Antonio[1].,Reinoso Guzmán, Claudia Andrea[1].,**Castro Retamal, Miguel Enrique[2]**.

[1]Laboratorio de Virología de Hongos, Facultad de Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

[2]Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad Santo Tomas. (Sponsored by Antonio Castillo Nara)

Las nanopartículas de plata poseen características que les confieren un gran potencial para el desarrollo de diversas tecnologías como agentes antimicrobianos, sensores, catálisis y desarrollo de filtros ópticos entre otros. Actualmente, se postula el uso de sistemas biológicos como alternativa para la obtención de estas estructuras. La síntesis de nanopartículas metálicas por sistemas biológicos es considerada ecológicamente amigable, dado que en general ocurre a temperatura y presión ambientales, sin requerimiento de energía ni producción de contaminantes. *B. cinerea* es un hongo fitopatógeno ampliamente distribuido a nivel mundial que afecta frutales, hortalizas y plantas ornamentales generando la denominada pudrición gris. Tradicionalmente, este organismo ha sido estudiado con la finalidad de generar estrategias que permitan su control y con ello disminuir las pérdidas económicas asociadas a las infecciones generadas por este hongo. Nuestros resultados muestran que *B. cinerea* presenta un potencial uso para la biosíntesis de nanopartículas metálicas. El sobrenadante obtenido de cultivos del hongo es capaz de catalizar la formación de nanopartículas de plata a partir de soluciones $AgNO_3$. La caracterización parcial del sistema reveló que la reacción de síntesis requiere la participación 3 polipéptidos extracelulares de 90, 77 y 70 (kDa), las nanopartículas generadas mostraron un máximo de absorbancia a 440 nm. El uso de microscopía electrónica de transmisión permitió determinar que las nanopartículas de plata son monodispersas con un rango de tamaño de 5 a 25 nm, (8,5 nm en promedio). Finalmente el análisis de dispersión de energía indicó al elemento plata como constituyente de las estructuras obtenidas.

BMC-4

**Efecto del gen pmr*1* en la virulencia y esporulación del hongo fitopatogeno *botrytis cinerea.***

**Effect of *pmr1* gene on virulence and sporulation in the plant pathogen *botrytis cinerea.***

**Lagues, Yanssuy**[1].,Plaza , Veronica[1].,Carvajal, Mauro[1].,Castillo, Luis[1].

[1]Laboratorio de Bioquimica y Biologia Molecular, Departamento de Biologia, Facultad de Ciencias, Universidad De La Serena.

*Botrytis cinerea* es un hongo fitopatógeno que afecta a una amplia gama de plantas en Chile, principalmente uvas, tomates y fresas. La pared celular de *B. cinerea* cumple un papel importante durante la infección, facilitando la adhesión, penetración e infección. Estructuralmente la pared celular de los hongos está constituida principalmente de β-glucano, α-glucano, N-acetil-glucosamina, y glicoproteínas. Las glicoproteínas están glicosiladas en el aminoácido asparaguina (N-glicosilación) y en los aminoácidos serina o treonina (O-glicosilación). En otras especies como *Aspergillus fumigatus*, *Saccharomyces cerevisiae* y *Candida albicans* el gen *PMR1* codifica para una ATPasa localizada en el Aparato de Golgi y proporciona iones $Ca^{2+}$ y $Mn^{2+}$, esenciales para la actividad de las manosiltransferasas que catalizan la N y O glicosilación de las proteínas de la pared celular. En *B. cinerea* se ha descrito un posible gen de la familia *PMR1* que podría estar involucrado en el proceso de glicosilación. El objetivo de esta investigación fue identificar y caracterizar el gen *BcPMR1* de *B. cinerea,* para cual el gen *BcPMR1* fue interrumpido mediante recombinación homóloga. El mutante *Bcpmr1* mostró una reducción en esporulación e infección cuando fue inoculado en hojas y frutos de tomate, en comparación con la cepa control *B0.510*. Además, la pared celular del mutante se encuentra comprometida, presentando un menor crecimiento, en relación a la cepa control, en presencia de distintos medios que contenían Cafeína, Calcofluor White y Rojo Congo. En resumen, el gen *BcPMR1* es esencial para la virulencia, esporulación y estabilidad de la pared celular de *B. cinerea.*

***Financiado por Fondecyt 1110493.***

BMC-5

**Discriminación de híbridos de *Saccharomyces cerevisiae* para la implementación de programas de mejoramiento genético.**

**Discrimination of *Saccharomyces cerevisiae* hybrids for the implementation of breeding programs.**

**Molinet, J**[1].,López, M[3].,García, V[1,2].,Araneda, C[3].,Ganga, M.A[1].,Martínez, C[1,2].

[1]Depto. de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad Tecnológica, Universidad De Santiago De Chile.

[2]Centro de Estudio en Ciencia y Tecnología de los Alimentos Universidad De Santiago De Chile.

[3]Depto. de Producción Animal, Facultad Ciencias Agronómicas, Universidad De Chile. Una estrategia para la obtención de levaduras vínicas de interés comercial son los programas de mejoramiento genético utilizando como metodología la hibridación intraespecífica. El principal problema generado al implementar este tipo de programas es la confirmación de híbridos generados, para lo cual existen diferentes métodos basados en marcadores moleculares, siendo uno de éstos los microsatélites. Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue implementar la técnica molecular basada en análisis de microsatélites para la diferenciación de híbridos de *Saccharomyces cerevisiae* en el contexto de un programa de mejoramiento genético. Para ello se seleccionaron 5 loci microsatélites y se estandarizaron las reacciones de PCR respectivas, para luego evaluarlos en una población de 79 cepas de un programa de mejoramiento genético. Utilizando ésta técnica fue posible identificar y diferenciar híbridos, cultivos monospóricos y clones de forma más eficiente que métodos alternativos, siendo el porcentaje de detección de híbridos de un 31,25%. En conclusión, los microsatélites utilizados resultaron ser marcadores moleculares altamente polimórficos e informativos, por lo que son una buena herramienta en la diferenciación y confirmación de híbridos intraespecíficos.

Sponsored by Fondecyt, 1100509.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1100509.**

BMC-6

**Clonamiento, expresión heteróloga y medición de actividad prenil transferasa de las proteínas codificadas por los genes *FPS* y *crtE* de *Xanthophyllomyces dendrorhous.***

**Cloning, heterologous expression and measurement of prenyl transferase activity encoded by the *Xanthophyllomyces dendrorhous FPS* and *crtE* genes.**

**Romero, I**[1].,Alcaino, J[1].,Rojas, M C[2].,Baeza, M[1].,Cifuentes, V[1].

[1]Depto. de Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad De Chile.[2]Depto. de Quimica, Ciencias, Universidad De Chile.

*Xanthophyllomyces dendrorhous* es una levadura carotenogénica cuyo pigmento principal es astaxantina, que confiere el color característico a la carne de salmónidos. En este trabajo se determinó la actividad prenil transferasa de las enzimas farnesil pirofosfato sintasa y geranilgeranil pirofosfato sintasa, codificadas por los respectivos genes *FPS* y *crtE* de esta levadura. Estas enzimas catalizan la condensación sucesiva de moléculas de isopentenil pirofosfato (IPP, 5C) para formar farnesil pirofosfato (FPP, 15C) y geranilgeranil pirofosfato (GGPP, 20C), las cuales son precursoras de esteroles y carotenoides, respectivamente. Ambos genes, *FPS* y *crtE*, se expresaron independientemente en *E. coli*, midiéndose la actividad prenil transferasa en los extractos proteicos obtenidos. En los ensayos enzimáticos se utilizó el precursor IPP (frío y marcado con carbono 14) y los sustratos: dimetilalil pirofosfato (DMAPP, 5C), geranil pirofosfato (GPP, 10C) o farnesil pirofosfato. Los productos marcados fueron recuperados y analizados en contador de centelleo. Su separación e identificación se realizó mediante cromatografía en capa fina de fase reversa, comparando con estándares. Se pudo observar que la enzima farnesil pirofosfato sintasa es capaz de utilizar los sustratos IPP, DMAPP y GPP, generando principalmente FPP como producto. Mientras que la enzima geranilgeranil pirofosfato sintasa, solo presentó actividad al realizarse el ensayo con los sustratos IPP y FPP, generando únicamente GGPP. Los resultados sugieren que la síntesis de GGPP sería producto de la acción secuencial de las enzimas farnesil pirofosfato sintasa y geranilgeranil pirofosfato sintasa en *X.dendrorhous*.

**Financiamiento: FONDECYT 1100324.**

BTC-1

**Purificación de galacto-oligosacáridos (GOS) mediante fermentación selectiva con levaduras inmovilizadas en una matriz de polivinil-alcohol (PVA).**

**Purification of galacto-oligosaccharides (GOS) by selective fermentation with immobilized yeasts in polyvinyl alcohol (PVA) matrix.**

**Aburto, Carla**[1].,Guerrero, Cecilia[1].,Wilson, Lorena[1].,Illanes, Andrés[1].

[1]Escuela de Ingeniería Bioquímica, Facultad de Ingeniería, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso. (Sponsored by Andrés Illanes)

Los galacto-oligosacáridos (GOS) son reconocidos prebióticos y su producción comprende dos etapas fundamentales: síntesis enzimática y purificación. El producto obtenido de la síntesis enzimática (GOS crudo) es una compleja mezcla de oligosacáridos (distinto grado de polimerización), además de galactosa, glucosa y lactosa residual. La remoción de estas azúcares digeribles incrementa la eficacia prebiótica por unidad de masa. Por lo tanto, obtener un producto purificado mediante estrategias de fácil implementación y bajo costo es de gran relevancia. La purificación del GOS crudo fue evaluada utilizando levaduras inmovilizadas, de modo de realizar una fermentación selectiva con la potencial reutilización de las levaduras. Para ello, la síntesis de GOS fue realizada con β-galactosidasa de *Aspergillus oryzae* a 50 % p/p lactosa, 55°C y pH 4,5. Luego el GOS crudo fue fermentado durante 24 h a 30°C y 200 rpm con células de *Saccharomyces cerevisiae* y de *Kluyveromyces marxianus* inmovilizadas en una matriz de PVA, siendo la cinética de remoción de azúcares monitoreada. Los resultados obtenidos con *S. cerevisiae* demuestran el consumo de glucosa y galactosa, mientras que con *K. marxianus* se observó además el consumo de lactosa, debido a un sistema lactosa inducible presente en esta levadura. El consumo de GOS fue en ambos casos poco significativo. Las levaduras fueron utilizadas por tres lotes sucesivos sin cambios en los niveles de purificación obtenidos.

**Agradecimiento: Trabajo realizado en el marco del proyecto Fondecyt 1130059.**

BTC-2

**Modelación dinámica a escala genómica de cinética de crecimiento celular limitado por oxígeno para optimización de la producción de bioetanol de segunda generación.**

**Genome-scale dynamic modeling of oxygen-limited cellular growth kinetics for second generation bioethanol production.**

**Acevedo, A**[1].,Aroca, Germán[2].,Conejeros, Raúl[3,4].

[1]Laboratorio de Modelación y Simulación, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

[2]Escuela de Ingeniería Bioquímica, Facultad de Ingeniería, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

[3]Laboratorio de Modelación y Simulación, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

[4]Laboratorio de Simulación y modelación, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

Microorganismos capaces de fermentar pentosas a etanol son de gran importancia para la producción de biocombustibles a partir de material lignocelulósico, *Scheffersomyces stipitis* es una levadura conocida por poseer esta capacidad. *S. stipitis* requiere de condiciones de crecimiento limitado por disponibilidad de oxígeno para inducir su metabolismo fermentativo, operacionalmente esto constituye un gran desafío ya que se necesitan condiciones de microaireación finamente reguladas. Para optimizar este proceso es necesario un conocimiento detallado de los fenotipos metabólicos que se presentan bajo crecimiento limitado por oxígeno. Este trabajo presenta un modelo matemático validado experimentalmente para *Scheffersomyces stipitis* bajo condiciones de crecimiento limitado por oxígeno. El modelo incluye ecuaciones diferenciales para los fenómenos macroscópicos de: (i) consumo de fuente de carbono, (ii) consumo de oxígeno, (iii) producción de etanol y (iv) cinética de crecimiento celular. Por otro lado contempla flujos metabólicos representados en un modelo lineal a escala genómica de *S. stipitis.* Para la simulación se utilizó una aproximación de optimización estática, donde por análisis de balance de flujos (FBA) se calcularon sucesivos estados estacionarios imponiendo las restricciones dadas por el sistema de ecuaciones diferenciales. Utilizando datos experimentales se ajustaron parámetros macroscópicos y metabólicos resultando un modelo fiable. Basándose en el modelo se caracterizaron los fenotipos metabólicos involucrados, determinándose un importante compromiso entre flujos de consumo (carbono y oxígeno) y productividad específica, también se formularon mejoras operacionales basadas en las condiciones iniciales de cultivo y en control de la tasa de transferencia de oxígeno para optimizar la producción.

BTC-3

**Crecimiento de hongos tolerantes a cobre y cromo sobre cubos de madera preservados con CCA-C.**

**Fungi tolerant to copper and chromium growing on CCA-C preserved wood blocks.**

**Aguayo, Elizabeth**[1].,Del Canto, Gustavo[2].,Chávez, Daniel[2].,Machuca , Ángela[2].

[1]Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, Campus Los Ángeles, Universidad De Concepción.

[2]Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, Campus Los Ángeles, Universidad De Concepción.

Maderas preservadas con sales CCA (arseniato de cobre cromatado) representan un serio riesgo ambiental cuando han cumplido su vida útil y se acumulan como desecho. Para biorremediar estos desechos se ha propuesto el uso de hongos de pudrición de la madera tolerantes a cobre (Cu). En este trabajo se evaluó la tolerancia a iones cromo ($Cr^{6+}$) y la capacidad de colonización y desarrollo sobre maderas impregnadas con CCA de los hongos tolerantes a iones $Cu^{2+}$ *Ganoderma australe* y *Antrodia xantha*. La tolerancia a Cr fue evaluada en placas Petri conteniendo extracto de malta agar (EMA) y diferentes concentraciones de Cr (0-1 mM). En el ensayo con maderas preservadas, los hongos fueron inoculados en frascos conteniendo medio EMA y luego de 10 días fueron adicionados los cubos de madera de *Pinus radiata* (19 $mm^3$) impregnados con CCA-C (4 $kg/m^3$). Los frascos fueron incubados durante 8 semanas a 24 ºC. *A. xantha* presentó la mayor tolerancia a Cr, consiguiendo crecer hasta 0,5 mM (38% de inhibición), en tanto *G. australe* fue fuertemente inhibido a 0,3 mM. Ambos hongos colonizaron y provocaron pérdida de peso en las maderas preservadas, movilizando Cu desde los bloques hacia los micelios, posiblemente a través de mecanismos de adsorción a la pared celular y/o formación de complejos de Cu con ácido oxálico, principalmente en el caso de *A. xantha*. La tolerancia a Cu y Cr y los resultados con los bloques de madera demuestran el potencial de las especies fúngicas para la biorremediación de maderas preservadas de desecho.

**Financiamiento: Proyecto DIUC 211.418.002-1.0.**

BTC-4

**Bioestimulación y bioaumentación con *Trichoderma harzianum* y *Rizophagus irregularis* como estrategia para la promoción del crecimiento de *Solanum lycopersicum*.**

**Biostimulation and bioaugmentation with *Trichoderma harzianum* and *Rhizophagus irregularis* as a growth strategy of *Solanum lycopersicum* plants.**

**Almonacid, L**[1,2].,Ortiz, Javier[1].,Fuentes, Alejandra[1].,Lagos, Claudio[1].,Cornejo, Pablo[1].,Arriagada, Cesar[1].

[1]Laboratorio Biorremediación, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad De La Frontera.

[2]Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales, Facultad de Ingeniería, Ciencias y Administración, Universidad de la Frontera.

El desarrollo de cultivos exige la generación de nuevas alternativas para sostener la productividad, donde la generación y optimización de procesos, como la bioestimulación y la bioaumentación, pueden ser una alternativa para los métodos de fertilización actual, más amigable con el medioambiente y de menor costo. El objetivo de este trabajo fue evaluar los efectos de la bioestimulación y bioaumentación con *Trichoderma harzianum* y *Rizophagus irregularis* sobre plantas de *Solanum lycopersicum* y los microorganismos nativos del suelo. Para ello, se utilizó una mezcla de residuos orgánicos (Paja de trigo y lodo residual) como enmienda, la cual fue incubada con *T. harzianum* y posteriormente incorporada sobre plantas de *S. lycopersicum.* Se determinó el peso seco, actividad fosfatasa alcalina (ALP) y micorrización en plantas de *S. lycopersicum*. De la misma manera se realizó una electroforesis en gel con gradiente desnaturalizante (DGGE) y un análisis de microorganismos cultivables del suelo rizosférico. La aplicación de la enmienda favoreció el crecimiento de las plantas de *S. lycopersicum* especialmente de las plantas inoculadas con *T. harzianum*, de la misma manera la aplicación de enmienda bioaumentada con *T.harzianum* favoreció la micorrización y actividad ALP, comparado con la enmienda sin hongo. Se observó un efecto positivo sobre los microorganismos rizosféricos especialmente sobre las bacterias presentando una mayor cantidad de UFC en los tratamientos con enmienda. Concluimos que la aplicación de enmienda incubada con *T. harzianum* tiene un efecto benéfico sobre el desarrollo de *S. lycopersicum* y los microorganismos nativos del suelo. **Palabras claves:** Hongos saprobios, micorrizas arbusculares, DGGE, microorganismos cultivables.

**Agradecimientos: Beca apoyo de tesis CONICYT 24121357, Beca CONICYT 21100281.**

BTC-5

**Producción de *Piscirickettsia salmonis* en cultivo por lote bajo condiciones controladas**

**Altamirano, C**[1].,Barrera, Sebastian[2].,Aros, Camila.,Martinez, Irene[2].

[1]Escuela de ingenieria Bioquimica, ingenieria, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

[2]Escuela de ingeniería bioquimica, ingenieria, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

La septicemia rickettsial salmonídea (SRS) es producida por el patógeno *Piscirickettsia salmonis* y ha causado altas mortalidades en los cultivos salmoideos. Uno de los tratamientos para el control de la SRS son las vacunas. El método de cultivo para la generación de vacunas limita la concentración biomasa que se puede alcanzar y encarece los costos de producción. Este trabajo busca nuevas metodologías de cultivo más económicas que las empleadas actualmente. Reportes de experiencias con microorganismos filogenéticamente relacionados con *P. salmonis* evidencian una mejora en la oxidación de sustratos bajo condiciones microaeróbicas (Omsland y cols. 2009), lo cual hace pensar que los requerimientos de oxígeno de *P. salmonis* podrían ser bajos. Se evaluó el crecimiento de la bacteria bajo condiciones controladas de oxígeno disuelto (OD) y pH, fijando los niveles alto y bajo en OD 21 % y 5 % y pH 6,5 y 5,5, respectivamente, en cultivo por lote en bioreactor. Los resultados muestran que las condiciones (pH 5,5; OD 21%), (pH 6,5;OD 21%) y (pH 6,5;OD 5%) obtuvieron una baja concentración de biomasa, lentitud en el comienzo de la fase exponencial y una abrupta fase de muerte, por el contrario, el mejor resultado se obtuvo en el punto central a condiciones de pH 6 y OD 13%, donde la concentración de biomasa fue de 0,5 [g/L] a las 70 horas de cultivo y se mantuvo estable durante la fase estacionaria, lo cual hace de esta condición de cultivo la más indicada para la para la generación de vacunas.

**Agradecimientos: proyecto Fondef D10I1185**

BTC-6

**Principales sustratos en medio de cultivo líquido definido (MD) de *Piscirickettsia salmonis*.**

**Key substrates in defined liquid medium (MD) of *Piscirickettsia salmonis.***

**Altamirano, C**[1].,Latorre, Yesenia[1].,Martínez, Irene[1].

[1]Escuela de ingenieria Bioquimica, facultad de ingenieria, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

*Piscirickettsia salmonis* es responsable de la enfermedad septicemia rickettsialsalmonidea (SRS), que es la principal enfermedad que afecta el cultivo de salmones. Actualmente la producción de la bacteria, para sintetizar vacunas atenuadas, se realiza por infección de líneas de células eucariotas. Esto conlleva elevados costos y los resultados no han sido los esperados en el control de la enfermedad. Este trabajo se basó en la optimización del cultivo del microorganismo en MD para incrementar la concentración celular y disminuir costo de producción. El MD consta de 19 componentes. Se decidió estudiar 12 de ellos atreves del diseño experimental Plackett-Burman. La variable objetivo fue la máxima concentración celular. Siendo el nivel máximo la concentración de los componentes en MD y nivel mínimo el 25% de éste. Se determinó que esta concentración no afecta la velocidad específica de crecimiento, pero si la concentración celular alcanzada. Los resultados, a las 96h de cultivo, muestran que 3 de los 12 factores evaluados fueron los más demandados para el crecimiento celular. Esto permitió diseñar una nueva formulación que consistió en mantener la concentración máxima de estos 3 componentes y disminuir a un 25% la de los 9 restantes. Se testeo dicha formulación y se logró incrementar la máxima concentración de biomasa en un 18% respecto de la lograda en MD. Actualmente se busca aumentar la concentración de estos 3 componentes, mediante un diseño factorial 3X3. Con esto se obtendrá una tercera formulación que se estima incrementará la concentración de biomasa entre 20%-50% con respecto al MD.

**Agradecientos: proyecto Fondef D10I1185.**

BTC-7

**Biocontrol de Sclerotinia sp y Botrytis sp mediado por rhizobacterias aisladas desde suelos agricolas de la region de Coquimbo, Chile.**

**Biocontrol of Sclerotinia sp and Botrytis sp by rhizobacterial strains isolated from agriculture soils in the Coquimbo region, Chile.**

**Arancibia, Williams**[1,2].,Maldonado, Stefanie[2].,Castillo, Luis[3].,Stoll, Alexandra[2].,Bravo, Jaime[4,2].

[1]AGRONOMIA, CIENCIAS, UNIVERSIDAD DE LA SERENA.

[2]Microbiología Centro de Estudios Avanzados en Zonas Aridas.

[3]Biología Universidad de La Serena.

[4]Microbiología Universidad Politécnica de Pénjano, Mexico.

En Chile el sector hortícola ofrece una gran gama de productos altamente cotizados por sus características organolépticas. Sin embargo, las normas fitosanitarias internacionales exigen mejores productos desde un punto de vista nutricional y ecológico. En este contexto, es la disminución del uso de agroquímicos una temática importante para generar productos de mayor calidad. Por ello, éste trabajo se concentró en caracterizar cepas bacterianas nativas antagónicas sobre hongos *Sclerotinia sp y Botrytis sp* que causan enfermedades en el cultivo de la lechuga (*Lactuca sativa*) que se sustenta en las zonas áridas de nuestro país. Desde escrutinios de suelos agrícolas se aislaron aproximadamente 1200 bacterias tipo *Bacillus* sp, identificando en ensayos de confrontación 110 cepas con un grado de control sobre el hongo. De ellos, 5 cepas con efectos sobre *Sclertotinia sp* y *Botrytis sp* fueron seleccionados para cuantificar su poder antagónico. Se observó una reducción del área de crecimiento del hongo entre un 25-50% y una disminución de hasta un 80% en la formación de esclerocios. Además se examinó su capacidad de producir sideróforos y ácido indolacetico, así como la solubilización de fosfato y fijación de nitrógeno, como otras características de PGPR. Finalmente se comprobó su capacidad antagonista en el organismo vegetal vivo, usando lechugas infectadas. Los resultados confirman parcialmente las observaciones anteriores. En conclusión, existen en nuestra colección al menos 5 cepas controladoras del desarrollo de los fitopatógenos *Sclerotinia sp* y *Botrytis sp*. El próximo paso es el establecimiento de ensayos de biocontrol bajo condiciones normales de cultivo.

**El trabajo se enmarca en el proyecto FIC 2012 BIP 30127532-0 - financiado por GORE Coquimbo.**

BTC-8

**Búsqueda y caracterización de flavoproteínas de *Escherichia coli* con actividad telurito reductasa: análisis *in vitro* e *in silico.***

**Search and characterization of flavoprotein in *Escherichia coli* with tellurite reductase activity*: in vitro* and *in silico* analyses.**

Morales, W[1].,Arenas, M[1].,Pinto, C[2].,Vargas, J[2].,Cornejo, F[2].,Garcia, J[2].,Diaz, W[2].,Vásquez, C[2].,**Arenas, F[2]**.

[1]Centro de Bioinformática y Simulación Molecular, Ingeniería, Universidad De Talca.

[2]Biología, Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

El telurito ($TeO_3^{-2}$) es tóxico para la mayoría de los microorganismos. Un mecanismo de resistencia a este compuesto es la reducción enzimática de telurito a su forma elemental, acoplado a la oxidación de NAD(P)H (actividad Telurito Reductasa, TR). Sin embargo y dado que a la fecha se desconoce el mecanismo, se evaluó *in silico* diferentes proteínas TR conocidas a la fecha usando diversas bases de datos de clasificación de proteínas, donde la mayoría pertenece al fold "FAD/NAD(P) binding domain". En particular, se estudió la familia de las flavoproteínas, que presentan los mayores niveles de reducción. Todas ellas estarían relacionadas por los dominios estructurales comunes PF00070, PF02852 y PF07992 en la base de datos PFAM, y su sitios activos fueron identificados en la base de datos PROSITE por los dominios: PF00076: "G-G-x-C-[LIVA]-x(2)-G-C-[LIVM]-P", PS51379: "C-x-{P}-C-x(2)-C-{CP}-x(2)-C-[PEG]", PS00573: "C-x(2)-C-D-[GAS]-x(2,4)-[FYA]-x(4)-[LIVMAT]-x(0,1)-[LIVM](2)-[GI]-[GDS]-[GRD]-[DN]", en los que todas ellas poseen cisteínas en su sitio activo. Estos análisis *in silico* permitieron identificar potenciales flavoproteínas de *E. coli* con actividad TR, las que fueron clonadas, sobreexpresadas, purificadas y caracterizadas. Se logró identificar ocho nuevas enzimas con actividad TR: tiorredoxina reductasa (TrxB), alquil hidroperóxido reductasa (AhpF), glutamato sintetasa (GltD), putativa oxidoreductasa (YkgC*)*, glutatión reductasa (GorA), nitrito reductasa (NirB), flavorubredoxina reductasa (NorW) y piridina nucleótido transhidrogenasa (SthA). Se caracterizó los niveles de actividad TR y la preferencia por el cofactor (NAD(P)H). Entre ellas se seleccionó las que exhiben un mayor nivel de reducción y se analizó la importancia de las cisteínas y el FAD en la actividad TR.

Sponsored by FONDECYT Postdoctorado 3120049 Y FONDECYT Regular 1130362.

**Financiamiento: FONDECYT Postdoctorado 3120049 Y FONDECYT Regular 1130362.**

BTC-9

**Participación de los residuos C45A, H322Y y E354K en la actividad telurito reductasa del componente E3 del complejo PDH de *Aeromonas caviae* ST.**

**Participation of residues C45A, H322Y and E354K in tellurite reductase activity of E3 component in PDH complex of *Aeromonas caviae* ST.**

Pinto, C[2].,Leal, C[2].,Arenas, M[1].,Pozo, F[2].,Diaz, W[2].,Vásquez, C[2].,**Arenas, F[2]**.

[1]Centro de Bioinformática y Simulación Molecular, Ingeniería, Universidad De Talca.

[2]Biología, Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

La cepa ambiental de *Aeromonas caviae* ST es resistente a elevadas concentraciones de $TeO_3^{-2}$ (~300 µg/ml) y reduce telurito a teluro elemental acoplado a la oxidación de NADH (actividad telurito reductasa, TR), actividad que recae en el componente E3 del complejo piruvato deshidrogenasa. Sin embargo, a la fecha se desconoce el(los) aminoácido(s) involucrado(s) en la reducción de $TeO_3^{-2}$. Se analizó la importancia de las cisteínas en la actividad TR de E3 mediante la utilización de inhibidores específicos que interactuarían con cisteínas catalíticas y/o puentes disúlfuro. Se observó que la actividad TR es inhibida por aurothiomalate, auronofin, zinc, cadmio y níquel. Además, la mutación sitio dirigida C45A en el sitio activo afectada drásticamente la actividad TR y los niveles de resistencia. Por otra parte, proteínas con actividad TR descritas a la fecha están relacionadas por el dominio de unión a FAD/NAD(P)$^+$. La eliminación del FAD en E3 purificado genera pérdida de actividad. Por el contrario, la incubación de esta enzima con FAD reestablece la actividad TR. La mutación puntual E354K en el dominio de dimerización y unión a FAD genera una baja en la actividad TR debido a la pérdida de esta molécula. Por último, se construyó el mutante H322Y, dado que este aminoácido está directamente involucrado en la unión de NADH en E3. Esta mutación genera una alteración en la actividad TR, debido a un aumento en la Km para NADH. Estos resultados permiten inferir la importancia de los aminoácidos C45, H322 y E354 en la actividad TR.

Sponsored by FONDECYT Postdoctorado 3120049 Y FONDECYT Regular 1130362.

**Financiamiento: FONDECYT Postdoctorado 3120049 Y FONDECYT Regular 1130362.**

BTC-10

**Selección de hongos As-tolerantes nativos como alternativa de tolerancia a la Fitotoxicidad del arsénico.**

**Selection of Arsenic-tolerant native fungi for enhance the plant tolerance to arsenic.**

**Arriagada, C**[1].,Meza, Camila[1].,Lagos, Claudio[1].,Fuentes, Alejandra[1].,Ortiz, Javier[1].,Almonacid, Leonardo[1].

[1]Laboratorio de Biorremediación, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera.

El arsénico es un metaloide tóxico ampliamente distribuido en diversos ecosistemas. Un método de alto interés para reducir sus efectos negativos es el uso de microorganismos como técnica de biorremediación. El objetivo de este trabajo fue seleccionar hongos saprobios tolerantes a elevadas concentraciones de arsénico y determinar la fitotoxicidad de en nivel de daño en la germinación de determinadas semillas. Para ello, se aislaron hongos saprobios desde un suelo contaminado de la localidad de Ventanas (V Región). Se identificaron morfológicamente y se establecieron los bioensayos junto a hongos de colección (ligninoliticos y de vida libre), los cuales fueron cultivados en un medio Asparragina adicionado con Arseniato de Sodio en concentraciones de 0, 20 y 40 mg $L^{-1}$, evaluando su desarrollo después de 27 días de incubación. Paralelamente se evaluó el efecto fitotoxico de estas concentraciones en *Triticum aestivum*, *Solanum lycopersicum*, *Medicago sativa* y *Eucalyptus globulus* durante 7 días. Los resultados demuestran que *Mortierella sp*, *Penicilium onobence*, las cepas V2 y V5 son altamente tolerantes a 40 mg $L^{-1}$ de Arsenico superando en un 60% su desarrollo respecto al control no contaminado. Por otro lado se confirmó la fitotixicidad del Arsenico en las especies ensayadas, ya que tanto el RSG (semillas germinadas) y RRG (longitud media de la raíz) se ven reducidas al aumentar la concentración de As. De acuerdo a estos resultados es posible hipotetizar que la inoculación con estos hongos tolerantes a Arsenico otorgarán un avanzado nivel de tolerancia a las plantas, aspectos que se encuentran en bioensayos actuales. **Palabras claves:** Arsénico, hongos saprobios, indices de fitotoxicidad.

**Agradecimientos: Proyecto FONDECYT Nº1130662.**

BTC-11

**Efecto del mucilago de chía y la temperatura de secado en la sobrevivencia de *Lactobacillus acidophilus* La-05 microencapsulado por secado *spray***

**Effect of Chia seed mucilage and the drying temperature on survival of *Lactobacillus acidophilus* La-05 microencapsulated by spray-dried**

**Bustamante, M**[1,2].,Shene, C[1,2].

[1]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Ciencias y Administración, Universidad de La Frontera.

[2]Center of Food Biotechnology and Bioseparations, Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN-UFRO) Universidad de La Frontera.

El interés por los probióticos se debe a que su consumo regular brinda beneficios a la salud del hombre. Para que estos microorganismos tengan el efecto terapéutico deseado, se debe consumir una concentración mínima de 6 o 7 log UFC $g^{-1}$ de bacterias. Diversos factores afectan la viabilidad de los probióticos, tales como acidez, pH y concentración de oxigeno, entre otros. En este contexto, surge la microencapsulación por secado *spray* como el proceso que mejora la estabilidad, sobrevivencia y viabilidad de estos microorganismos. Sin embargo, el punto crítico de este proceso son las elevadas temperaturas utilizadas. Se ha establecido que la adición de sustancias termoprotectoras, como polisacáridos o proteínas, mejorarían la estabilidad, sobrevivencia y viabilidad de los prebióticos. En este contexto, fue evaluado el efecto de la adición de mucilago de chía y la temperatura de entrada del aire de secado sobre el rendimiento de encapsulación y la viabilidad de *Lactobacillus acidophilus* La-05 microencapsulado por secado *spray*. Los resultados muestran que el rendimiento de encapsulación y la viabilidad de *L. acidophilus* La-05 son afectados negativamente cuando aumenta la temperatura de secado, con 0,2% p/v de mucilago de chía y 110 ºC se obtiene un 61,2% de rendimiento de encapsulación, 26,5% mayor respecto a una temperatura de secado de 140 ºC. Además, en ausencia de mucilago y con 125 y 140 ºC el rendimiento de encapsulación disminuye a 56,6 y 54,3%, respectivamente. Luego de 70 días de almacenamiento a 4 ºC la viabilidad disminuye en todos los ensayos.

**Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el proyecto FONDECYT 3130561.**

BTC-12

**Efecto de nuevos flavonoides generados por modificación enzimática sobre el estrés oxidativo en *Burkholderia xenovorans* LB400.**

**Effect of novel flavonoids generated by enzymatic modification on oxidative stress in *Burkholderia xenovorans* LB400.**

**Cárdenas, F**[1].,González, Myriam[1].,Hofer, Bernd[2].,Seeger, Michael[1].

[1]Química, Química, Universidad Técnica Federico Santa María.

[2]Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung .

*Burkholderia xenovorans* LB400 es una bacteria aerobia que posee la capacidad de degradar un amplio rango de compuestos aromáticos, incluyendo PCBs. El proceso de degradación está limitado, entre otros factores, por la generación de estrés oxidativo que daña diversas macromoléculas, disminuyendo la viabilidad celular. Con el objetivo de contrarrestar estas consecuencias, se estudió el efecto de flavonoides sobre la degradación de bifenilo en la cepa LB400. Los flavonoides son antioxidantes naturales sintetizados por plantas. Para obtener nuevos flavonoides con una mayor actividad antioxidante, se modificaron por hidroxilación, diferentes familias de estos compuestos con una enzima bifenilo-2,3-dioxigenasa híbrida (BphA*) y bifenilo-2,3-dihidrodiol-2,3-deshidrogenasa (BphB) de *Burkholderia xenovorans* LB400 mediante células en reposo. Ambas enzimas fueron expresadas en cepas recombinantes de *E. coli* BL21 (DE3)/pLysS. Se han purificado por HPLC preparativa al menos 6 nuevos compuestos que han sido caracterizados por GC-MS, LC-MS y NMR. Los flavonoides 5,7-dihidroxiflavona y su derivado 2',3',5,7-tetrahidroxiflavona mejoran la viabilidad celular de la cepa LB400 expuesta a bifenilo y disminuyen las actividades enzimáticas de catalasa y superóxido dismutasa. Mediante el ensayo DPPH, la $EC_{50}$ de 2',3',5,7-tetrahidroxiflavona es 50% menor que la de su precursor 5,7-dihidroxiflavona y tiene un efecto positivo mayor sobre la viabilidad celular. Además se está evaluando el efecto sobre la expresión de genes en respuesta a estrés oxidativo mediante RT-qPCR. Todo lo anterior indica que la estrategia de modificación enzimática efectivamente mejora las capacidades antioxidantes de flavonoides y que éstos protegen a la cepa LB400 expuesta a bifenilo, haciéndola más tolerante al estrés oxidativo.

**Sponsored by Proyectos Fondecyt 1110992, Conicyt-BMBF (2009-174, 2011-642), Fondecyt De Cooperación Internacional 7100027, USM 131109 Y 13142, PIIC Y CN&SB. Becas Mecesup FSM0710, FSM1204 Y AT-24121602 (FC).**

BTC-13

**Uso de cáscaras de plátano hidrolizadas para producción de bioetanol por *Zymomonas mobilis* y *Pichia stipitis.***

**Use of banana peels hydrolyzed for bioethanol production by Zymomonas mobilis and Pichia stipitis.**

**Cardoso Coimbra, M**[1].,Garcia-Cruz, Crispin Humberto[1].

[1]Departamento de Engenharia e Tecnologia de Alimentos Universidade Estadual Paulista.

El cultivo del plátano en Brasil es uno de los más grandes del mundo y genera grandes cantidades de residuos que pueden ser utilizados como biomasa, liberando pentosas y hexosas cuando hidrolizada. Buscando mayor rendimiento de etanol, el uso de co-cultivos para metabolizar pentosas y hexosas se vuelve muy interesante. Por lo tanto, el objetivo del estudio fue evaluar la viabilidad de la producción de etanol por *Zymomonas mobilis* y *Pichia stipitis* utilizando como sustrato la biomasa obtenida de las cáscaras de plátano. La hidrólisis ácida de las cáscaras se realizó con $H_2SO_4$ 5%, 15 minutos, 121°C. Después, el mismo hidrolizado fue sometido a hidrólisis enzimática durante 24 horas, 50°C, pH 5 con el "Novozymes' Cellulosic Ethanol Enzyme Kit". Este hidrolizado se concentró en baño María 80°C hasta alcanzar concentración total de azúcares de 150 g/L. La fermentación tuvo lugar durante 72 horas, 30°C con agitación constante de 150 rpm en las primeras 18 horas, seguido por un período estático el tiempo restante. La bacteria *Z.mobilis* se inoculó al principio del proceso y la levadura *P.stipitis* 24 horas más tarde. Las muestras se recogieron cada 24 horas, el crecimiento celular se determinó a 570 nm, y la producción de etanol por espectrofotometría. El mayor crecimiento de las células se logró en 72 horas de fermentación (4,82 g/L). El co-cultivo de *Z.mobilis* y *P.stipits* fue capaz de producir etanol por medio de cáscaras de plátano, la biosíntesis de etanol aumentó en 48 horas de fermentación, con un valor de 75,18 g/L.

BTC-14

**Estudio comparativo de los transcriptomas de células adheridas y planctónicas de *Acidithiobacillus ferrooxidans* inducidas por análogos sintéticos de homoserina lactona aciladas.**

**Transcriptomic analysis of planktonic and attached cells of *Acidithiobacillus ferrooxidans* induced by synthetic analogues of acyl-homoserine lactones.**

**Castro, Matias**[1].,Alviz, Pablo[1].,Sabbah, Mohamad [2].,Soulère, Laurent [2].,Queneau, Yves [2].,Guiliani, Nicolas[1].

[1]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile.

[2]ICBMS, Chimie Organique et Bioorganique, INSA Lyon, UMR 5246 CNRS, Université Lyon I.

*Acidithiobacillus ferrooxidans* es una bacteria Gram-negativa, acidófila, quimiolitiautotrófica que obtiene energía mediante la oxidación de compuestos reducidos de azufre y ión ferroso. Este microorganismo juega un importante rol en procesos biotecnológicos como la biooxidación de minerales, así como también en fenómenos ambientales como la producción de drenaje ácido de minas. Estos procesos se favorecen directa o indirectamente por la adherencia celular a superficie de los minerales y la posterior formación de biopelículas. El desarrollo de biopelículas implica una serie de cambios en la expresión génica, muchos de los cuales están coordinados por el sistema de comunicación célula-célula llamado Quorum Sensing (QS), el cual involucra la síntesis y detección de moléculas autoinductoras (AIs). Luego de haber caracterizado un sistema QS mediado por AI del tipo acilo homoserine lactone (AHL), nuestro laboratorio demostró al nivel fenotípico que es posible inducir la formación de biopelículas en *At. ferrooxidans* mediante el uso de analogos sintéticos de AHL (asAHL). En este trabajo, mediante la secuenciación masiva de transcritos (RNA-Seq), se analizó la expresión génica de las poblaciones celulares planctónica y adherida a sustrato sólido de *At. ferrooxidans* ATCC 23270 inducidas o no con asAHL. Dentro de los genes identificados, destaca un conjunto involucrado en el transporte y el metabolismo del nitrógeno, los que se sobre-expresan en células adheridas, indicando que este proceso es relevante para el estado sésil de biopelícula.

**Agradecimientos: Fondecyt 1120295 y CNRS-CONICYT.**

BTC-15

**Selección de cepas desde matrices ovinas en base a su potencial tecnológico para la elaboración de fermentados ovinos, tipo salame.**

**Contreras, Alejandra**[1].,López, Gabriela[1].,Moreno, Luis[2].,Gianelli, María-Pía[2].,Tabilo-Munizaga, Gipsy[3].,Cerda-Leal, Fabiola[3].

[1]Departamento de Ingeniería en Alimentos, Facultad de Ciencias de la Salud y los Alimentos, Universidad Del Bío-Bío.

[2]Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío.

[3]Departamento de Ingeniería en Alimentos, Facultas de Ciencias de la Salud y los Alimentos, Universidad del Bío-Bío.

No existen en el mercado nacional productos fermentados ovinos, por ejemplo del tipo salame. La elaboración de estos productos requiere del uso de cultivos iniciadores, entre cuyos componentes se encuentran cepas de *Sthapylococcus* coagulasa negativo (SNC) que contribuyen a las características sensoriales de color y aroma. A partir de la carne, leche y heces de ovinos, se aisló cepas de SNC en agar M 17. Se caracterizaron por tinción de Gram y evaluación de las actividades catalasa y coagulasa. Además, se identificaron a través del sistema APISTAPH. La resistencia a antibióticos se ensayó en agar Müller Hinton, y se probó la viabilidad a pH 4,9 y 5,5. Se determinaron las capacidades proteolítica, lipolítica y de reducción de nitratos. Como cepa control se utilizó una cepa de SNC aislada de un estarter comercial bovino. De 29 cepas aisladas, se identificó 11 como *Sthapylococcus xylosus,* 5 *Micrococcus* spp., 4 *Sthapylococcus auricularis,* 4 cepas de *Sthapylococcus sciuri*, 5 cepas no fueron identificadas. El 62% presentó resistencia a la vancomicina y a la eritromicina. Un 6,9% a la gentamicina y ampicilina. Siete cepas fueron susceptibles a todos los antibióticos. Dos cepas de *Micrococcus* spp. y una de *S. auricularis* resisten a pH 5,5 y 4,9. Dos cepas de *S. xylosus* mostraron un mayor potencial lipolítico y proteolítico con respecto al control y una actividad nitrato reductasa homóloga al control. Las cepas aisladas desde la matriz ovina mostraron mayor potencial tecnológico sobre esta matriz, por la cual podrían continuar siendo evaluadas como potenciales componentes de cultivos iniciadores ovinos.

BTC-16

**Biosíntesis extracelular de nanopartículas cobre/óxidos de cobre por el hongo de pudrición blanca *Stereum hirsutum.***

**Extracellular biosynthesis of copper/copper oxide nanoparticles by white-rot fungus Stereum hirsutum.**

**Cuevas, Raphael**[1].,Beltrán, Claudia[1].,Diaz, Marcela[1].,Tortella, Gonzalo[1].,Rubilar, Olga[1].,[1]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Ciencias y Administración, Universidad De La Frontera.

El estudio de nanopartículas de cobre ha captado una gran atención en los últimos años debido a sus propiedades antimicrobianas, principalmente contra hongos patógenos. La síntesis de nanopartículas metálicas se ha realizado mediante procesos físicos, químicos y biológicos. Sin embargo, los procesos biológicos han demostrado ser procesos más simples, de bajo costo y amigables con el medio ambiente. En este contexto, la biosíntesis de nanopartículas ha sido realizada por microorganismos que secretan proteínas y/u otros compuestos orgánicos capaces de reducir iones metálicos presentes en solución para la formación de la nanopartículas metálicas. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar la biosíntesis de nanoparticulas cobre por el hongo de pudrición blanca *Stereum hirsutum* utilizando cloruro de cobre. La formación de las nanopartículas fue evaluada por espectrofotometría UV-visible (200-800 nm) y la caracterización de las nanopartículas fue realizada por microscopía electrónica y por espectroscopia de infrarroja con transformadas de Fourier. Los resultados demostraron que *S. hirsutum* fue capaz de biosintetizar nanopartículas de cobre/óxidos de cobre en una condición alcalina. El espectro UV-visible mostró una absorbancia máxima alrededor de los 600 a 630 nm atribuible a la formación de nano partíclas de cobre/óxidos de cobre.La presencia de grupos amino unidos a la plata se confirmó mediante FTIR, lo que sugiere que la liberación de proteína extracelulares por hongos de pudrición blanca, posiblemente, llevan a cabo la formación y estabilización de las nanopartículas en medio acuoso. La síntesis de nano partículas de cobre mediada por hongos de pudrición blanca es una tecnología eco-amigable, por la no generación de compuestos tóxicos en su síntesis.

**Agradecimientos: Proyecto FONDECYT 1130854 y Beca CONICYT 21110491.**

BTC-17

**Dinámica y filogenia de dos cepas dominantes de *Acidithiobacillus* spp. oxidantes de Fe en el proceso industrial de biolixiviación de Cu de Minera Escondida, Chile.**

**Dynamics and phylogenetic analysis of two predominant *Acidithioballus ferrooxidans* strains in the industrial copper bioleaching process at Escondida mine, Chile.**

**Demergasso, Cecilia**[1].,Acosta, Mauricio[1].,Holmes, David[2].,Quatrini, Raquel[2].,Bonnefoy, Violaine[3].,Galleguillos, Pedro[4].

[1]Centro de Biotecnología Universidad Católica Del Norte.[2]Fundación Ciencia y Vida Fundación Ciencia y Vida.

[3]Laboratoire de Chimie Bactérienne French National Centre for Scientific Research.

[4]Biominería Centro Científico Tecnológico para la Minería.

Heap bioleaching of low grade copper sulfide ore is an important process at the Escondida mine, accounting for the production of 180,000 tons of metallic copper per year. The microbial assemblage inhabiting this system has been characterized and monitored since the process was initiated.

Phylogenetic analyses of the microbial population revealed the presence in the system of two strains affiliated to the species *Acidithiobacillus ferrooxidans* and *Acidithiobacillus ferridurans*, the latter recently described. Both strains were shown to be dominant members of the community during earlier stages of the process, however detailed analysis performed by real time qPCR showed different temporal dominance profiles. In order to understand the dynamics and temporal changes of these two strains within the system, they were isolated and characterized to determine phenotypic and genetic traits. Both strains showed similar optimum growth values for pH, however, they showed different levels of tolerance to temperature, chloride, sulfate and copper. In addition, both strains showed different growth rates in anaerobic conditions and when sulfur was used as the energy source. These results give new insights into the heterogeneity of *Acidithiobacilli* and how the conditions in the industrial bioleaching process can influence the structure of the microbial community including closely related strains. The changes occurring in the heap could potentially also determine different oxidation mechanisms at different stages of the industrial process.

BTC-18

**Purificación del medio reaccionado de la síntesis enzimática de galacto-oligosacáridos mediante fermentación selectiva con *Kluyveromyces marxianus.***

**Purification of reacted medium of galacto-oligosaccharides synthesis by selective fermentation with *Kluyveromyces marxianus*.**

**Guerrero, Cecilia**[1].,Vera, Carlos[1].,Novoa, Catalina[1].,Illanes, Andrés[1].

[1]Escuela de Ingeniería Bioquímica, Facultad de ingeniería, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

Los galacto-oligosacáridos (GOS) son substancias prebióticas producidas mediante síntesis enzimática a partir de lactosa, empleando β-galactosidasa como catalizador. Dado que durante la síntesis enzimática de GOS se generan como subproducto monosacáridos (glucosa y galactosa) y al cabo de ella persiste una proporción significativa de lactosa no reaccionada, es deseable retirar la mayor parte de estos azúcares, ya que no presentan propiedades compatibles con el producto final y permitiendo su remoción un espectro de aplicación más amplio. Es por este motivo, que se evaluó la fermentación selectiva del medio reaccionada de la síntesis enzimática de GOS por *Kluyveromyces marxianus*, demostrándose la remoción selectiva de mono y disacáridos desde el medio de reacción sin diluir (50 % p/p de azúcares totales) y sin la necesidad de incorporar aditivos para el crecimiento de la levadura, lo que facilita las operaciones de post-reacción (*dowsntream*) del proceso. Se obtuvo un producto de GOS con 95 % de pureza, y un rendimiento de recuperación del 100 %. Adicionalmente, se evaluó el efecto de la concentración de biomasa y de azúcares iniciales sobre la pureza y la productividad obtenidas en las fermentación selectiva con *K. marxianus*, obteniéndose un producto prebiótico de alta pureza y como subproductos etanol y biomasa de levadura.

**Trabajo realizado en el marco del Proyecto Fondecyt 1130059.**

BTC-19

**Aproximaciones moleculares para el estudio de comunidades naturales de Bacterias Oxidantes de Nitrito en Salar de Huasco, Altiplano Chileno.**

**Microbial approaches for the study of natural nitrite oxidizing bacterium communities in Salar de Huasco, Chilean Altiplano.**

**Marchant, Francisca**[1].,Dorador, Cristina[1].,Hengst, Martha[1].,Molina, Verónica[2,3].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funciona, Centro de Bioinnovación, Instituto Antofagasta , Facultad de Recursos del Mar, Universidad De Antofagasta.

[2]Laboratorio de Biología Marina, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

[3]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de la Educación.

La nitrificación es crucial en el ciclo del nitrógeno ya que regenera nitrato, un macronutriente principal utilizado por el fitoplancton. Este proceso ocurre en dos etapas: la oxidación aeróbica del amonio a nitrito, realizada por Bacterias y Arqueas Amonio Oxidantes y de nitrito a nitrato por Bacterias Nitrito Oxidantes (NOB). En humedales Altiplánicos como Salar de Huasco, un ambiente extremo ubicado a 3.800 msnm, la nitrificación alcanza una alta actividad potencial (6 μM $d^{-1}$) en ambientes de agua dulce del salar. El objetivo de este estudio fue identificar y cuantificar, por primera vez, las comunidades NOB presentes y activas, en tapetes microbianos y agua asociada a gradientes de salinidad presentes en el Salar, a través de la caracterización del gen ARNr 16S desde ADN y ADNc con técnicas de secuenciación masiva y qPCR. Los resultados de este trabajo indican la presencia de una unidad taxonómica operativa (OTU) filogenéticamente diferenciado y asociada al género *Nitrospira* recuperados únicamente desde tapetes microbianos de agua dulce del Salar con valores máximos en abundancia de $2{,}21\times10^{3}$ copias gen ARNr 16S $ng^{-1}$ de ADN total y actividad transcripcional de 72 copias gen ARNr 16S $ng^{-1}$ de ARN total. Estos valores fueron determinados en el agua sobrenadante al tapete y en la capa verde-gris asociadas a una alta actividad fotosintética registrada en base a microperfiles de oxígeno. Este estudio sugiere que el género *Nitrospira* cumple un rol fundamental en el proceso de nitrificación en tapetes microbianos de agua dulce en el Salar de Huasco. **Palabras claves:** Nitrificación, NOB, Salar de Huasco, tapete, *Nitrospira*.

**Financiamiento: Fondecyt Regular 1110824 y 1110953.**

BTC-20

**Producción de Coenzima Q (Ubiquinona) en cepas de *Escherichia coli* modificadas por Ingeniería Metabólica.**

**Coenzyme Q (Ubiquinone) production by metabolic engineered *Escherichia coli* strains.**

Estay, Francisco [1].,Novoa, Catalina[1].,Guevara, Felipe[1].,**Martínez, Irene[1]**.

[1]Escuela de Ingeniería Bioquímica Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

La Coenzima Q (CoQ) juega un importante rol como transportador de electrones en la cadena respiratoria y es un eficiente antioxidante. Se forma por la condensación de un anillo de benzoquinona y una cadena de isoprenoides de un largo específico dependiendo del organismo. En particular la CoQ10, la CoQ de tipo humana, ha sido utilizada en forma creciente para el tratamiento de enfermedades, entre ellas Parkinsons, Alzheimer y enfermedades cardiacas. Además, ha sido utilizada en suplementos alimenticios y productos cosméticos por sus propiedades antioxidantes. *Escherichia coli* produce naturalmente la CoQ8 pero es capaz de producir CoQ10 si se expresa heterologamente el gen de la decaprenilsintasa. *E. coli* tiene la ventaja de ser modificable genéticamente con relativa facilidad y ser de fácil cultivo, lo que la hace muy interesante desde el punto de vista del desarrollo de un proceso a nivel industrial. En el presente trabajo se estudia el efecto de la eliminación de rutas metabólicas que compiten por los mismos precursores que la CoQ. Específicamente, se construyeron cepas mutadas de *E. coli* incapaces de producir dimetilmenaquinona y menaquinona, las cuales compiten con la CoQ tanto por el corismato, precursor del anillo de benzoquinona, como por la cadena de isoprenoides. Adicionalmente, cepas mutadas incapaces de producir enterobactina, sideroforo de alta afinidad sintetizado a partir de corismato, fueron también construidas. Las cepas de *E. coli* modificadas por ingeniería metabólica mostraron un aumento en la producción de CoQ de entre un 15 y un 30% aproximadamente respecto a la cepa control.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 11110411.**

BTC-21

**Expresión heteróloga de péptidos inmunoestimulantes de *Salmo salar* en una bacteria ácido láctica.**

**Heterologous expression of immunostimulating peptides from *Salmo salar* in *a* lactic acid bacteria.**

**Muñoz, C**[1].,Arriaza, F[2].,Espinoza , C[2].,Sandino, AM[2].,Tello, M[2].

[1]Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

[2]Biología, Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

**Introducción**: Las proteínas inmunoestimlantes ejercen un potente efecto modulando sobre la respuesta inmune. La administración de éstas en forma recombinante ha permitido su uso terapéutico para combatir infecciones virales o incrementar la respuesta inmune contra bacterias patógenas. En acuicultura no se dispone de sistemas de producción heteróloga de proteínas inmunoestimulantes funcionales que permitan su uso terapéutico. Las bacterias ácido lácticas, son organismos GRAS ("Generally Regarded as Safe"), que en virtud de esta clasificación han sido utilizadas como sistemas de vacunación y liberación de moléculas terapéuticas. **Hipótesis**: Una bacteria ácido láctica puede ser usada para expresar y secretar proteínas inmunoestimulantes funcionales en *Salmo salar*. **Metodología**: Mediante biología sintética se diseñó y sintetizó un gen codificante para una proteína inmunoestimulante de *Salmo salar* optimizada codogénicamente, con un péptido de secreción y una cola de 6xHis. El gen fue clonado en un vector de expresión. La producción de la proteína heteróloga se determinó a través de Western blot y su funcionalidad fue determinada mediante bioensayos.**Resultados**: La bacteria ácido láctica logró producir y secretar la proteína heteróloga. La proteína se ubicó principalmente en la fracción citoplasmática. Los bioensayos mostraron que esta proteína es funcional al estimular la expresión de genes inmunológicos. **Conclusión**: La bacteria ácido láctica es un eficiente sistema de producción heteróloga de proteínas inmunoestimulantes funcionales de *S. salar*.

**Financiado por Proyecto FIA PYT 2012-0056.**

BTC-22

**Bacterias solubilizadoras de fosfato promotoras del crecimiento vegetal nativas de la zona de La Serena, IV Región de Coquimbo.**

**Phosphate solubilizing bacteria promoter of vegetal growing, native in the area of la Serena, IV Región of Coquimbo, Chile.**

**Rodriguez, A**[1].,Maldonado, Stefanie[2].,Stoll, Alexandra[2].,Bravo, Jaime[3].

[1]Ciencias Agrarias, Ciencias Agrarias, Universidad de Talca.

[2]Microbiología Centro de estudios avanzados en zonas aridas.

[3]Microbiología Universidad Politécnica de Penjamo, Mexico.

La productividad de los ecosistemas se basa en finos equilibrios que actúan a distintos niveles asociativos. En este contexto, las interacciones planta-microorganismos constituyen un pilar importante para mantener la riqueza de nuestros recursos bióticos. Parte de dichas interacciones ocurre en una zona conocida como rizósfera, la cual se define como un ambiente dinámico donde las raíces de las plantas generan exudados que determinan la identidad y la estructura de una comunidad microbiana particular. El presente trabajo se concentró en caracterizar bacterias nativas solubilizadoras de fosfatos aisladas desde la rizósfera de suelos agrícolas de la cuarta región de Chile. Los resultados sugieren que estos aislados bacterianos son capaces de solubilizar eficientemente al fósforo inorgánico, generando compuestos que apoyan el desarrollo vegetal tales como fitohormonas, sideróforos, y además utilizan ACC como única fuente de nitrógeno, interviniendo así en la síntesis del etileno, que influye fuertemente en las respuestas de estrés de las plantas. Con esto, se fortalece la germinación de las plantas y se mejora el crecimiento de las mismas en ausencia de fertilizantes químicos. Adicionalmente, las bacterias identificadas fueron capaces de inducir cambios en el patrón radicular y alteración de biomasa en variedades de lechuga que son comúnmente utilizadas para fines productivos de las zonas agrícolas del norte de Chile. Finalmente, proponemos utilizar nuestros resultados para diseñar bioformulaciones adaptadas a tan astringentes condiciones y que signifiquen un aporte real para satisfacer las demandas de sustentabilidad en pro de la calidad de vida de nuestros habitantes.

**Financiado por proyecto GORE Coquimbo FIC 2012 BIP 30127532-0.**

BTC-23

**Estudio funcional y taxonómico de biopelículas de procariontes hipertermófilos oxidadores de azufre provenientes de ambientes termales.**

**Taxonomic and functional study of hyperthermophile sulfur oxidizing prokaryotes biofilms from thermal environments.**

**Valdebenito-Rolack, Emky**[1].,Ruiz-Tagle, Nathaly[1].,Abarzúa, Leslie[1].,Aroca, Germán[2].,Urrutia, Homero[1].

[1]Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.

[2]Escuela de Ingeniería Bioquímica, Facultad de Ingeniería, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. (Sponsored by Homero Enrique Urrutia Briones).

Algunas industrias emanan gases de azufre totalmente reducido (TRSs), que son de mal olor y neurotóxicos. La remoción tradicional no es eficiente para las bajas concentraciones de TRSs industriales. La biofiltración es una alternativa económica y eficiente, donde una biopelícula de bacterias oxidadoras de azufre (BOA) degrada los TRSs. Pero, las BOA son mesófilas y hay procesos industriales cuyas emisiones son de alta temperatura. Por ello, es importante estudiar la oxidación de TRSs en procariontes hipertermófilos. Hasta hoy, el más estudiado es *Sulfolobus metallicus*. No se han realizado comparaciones de eficiencia en la remoción de TRSs entre biopelículas obtenidas desde cultivos de muestras ambientales y *S. metallicus*. El objetivo de este estudio fue caracterizar una biopelícula de procariontes hipertermófilos, de zonas volcánicas de Chile, comparando su eficiencia en la oxidación de azufre elemental ($S^0$) con la de *S. metallicus*. Se midió concentración de $SO_4^{-2}$ (producto final), pH y curva de crecimiento de los cultivos. Se caracterizó ADNr 16S por electroforesis en gel con gradiente de denaturación y secuenciación. Se hizo microscopía electrónica de barrido, investigando morfología celular y estructura de biopelículas. Se obtuvo biopelículas de un cultivo oxidador de azufre hipertermófilo (70 ºC) al que se llamó M1, formado por arqueas del género *Sulfolobus*, que fue más eficiente en la oxidación de $S^0$ (95,15 ± 15,39 mg $L^{-1}.d^{-1}$) que *S. metallicus* (56,8 ± 10,91 mg $L^{-1}.d^{-1}$).

BTC-24

**Predicción de genes involucrados en el metabolismo de ácidos grasos de la microalga *Botryococcus braunii.***

**Genes prediction involved in the fatty acids metabolism in microalgae *Botryococcus braunii.***

**Vera, H**[1].,Zapata, Manuel[2].,Holmes, David S.[3].,Riquelme, Carlos[4].,Rivas, Mariella[5].

[1]Laboratorio Ecología Microbiana, Facultad de Recursos del Mar, Universidad De Antofagasta.

[2]Centro de Bioinnovación Desert Bioenergy S. A., Centro de Investigación Científico Tecnológico para la Minería CICITEM, Universidad de Antofagasta.

[3]Bioinformatics and Genome Biology Fundación Ciencia para la Vida.

[4]Laboratorio Ecologia Microbiana Universidad De Antofagasta, Desert Bioenergy S.A.

[5]Laboratorio Ecologia Microbiana Centro de Investigación Científico Tecnológico para la Minería (CICITEM), Desert Bioenergy S. A., Universidad de Antofagasta, . (Sponsored by).

El biodiesel es un biocombustible que se obtiene a través de un proceso de transesterificación o pirolisis. *Botryococcus braunii* (microalga Chlorophyta) sintetiza grandes cantidades de ácidos grasos, siendo de gran interés para la biotecnología. Esta investigación presenta la predicción de genes y rutas metabólicas involucradas en la síntesis de ácidos grasos a través de herramientas bioinformáticas y moleculares. Se analizaron librerías genéticas correspondientes al transcriptoma de *B. braunii* raza A, (Bazaes et al., 2012), *B. braunii raza* A de la colección UTEX572 (disponible en GenBank) y el genoma de la microalga *B. braunii* raza A. Los resultados permitieron la predicción de secuencias genómicas asignadas a rutas metabólicas variadas, involucradas en el metabolismo de ácidos grasos en la célula. A través del ensamblaje, asignación y comparación con diferentes bases de datos se obtuvo un número considerable de secuencias relacionadas a enzimas del complejo sintasa de ácidos grasos, síntesis de triacilglicéridos y síntesis de ácidos grasos insaturados. Los fragmentos asociados fueron comprobados a través de comparación contra el genoma de la microalga y posterior predicción de fragmentos de mayor tamaño. Se obtuvo 23 secuencias asignadas a las diferentes rutas de síntesis de ácidos grasos, los resultados se presentan con un grado de identidad, valor de e-value y score considerables para afirmar que la predicción de genes es correcta, tanto a través Blast, asignación por KAAS y el software de anotación Blast2GO, actualmente el análisis a través de qPCR ha validado 15 secuencias predichas mientras que las secuencias restantes están en estudio. Desert Bioenergy S.A., Centro de Investigación Científico Tecnológico para la Minería CICITEM.

BTC-25

**Biomoléculas desde la cepa halotolerante *Exiguobacterium* sp. aislada desde el Salar de Huasco: posibles aplicaciones biotecnológicas.**

**Biomolecules in the halotolerant strain Exiguobacterium sp. isolated from Salar de Huasco: potential biotechnological applications.**

**Aguilar, Pablo**[1].,Areche, Carlos[2].,Severino, Esteban[3].,Remonsellez, Francisco[1].

[1]Laboratorio de Bioprocesos y Medio Ambiente, Facultad de Ingeniería y Ciencias Geológicas, Universidad Católica Del Norte.

[2]Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile.

[3]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta.

Las bacterias del género *Exiguobacterium* se ha detectado en diversos ambientes extremos, incluyendo hielos en glaciares de Groenlandia, Siberia (Rusia), fuentes hidrotermales en Parque Yellowstone, y lagos salinos en el Altiplano de los Andes. Interesantemente, varias cepas del género *Exiguobacterium* poseen propiedades únicas de interés para aplicaciones en biotecnología, biorremediación, e industrias como la agricultura.

El objetivo de este trabajo fue caracterizar algunas biomoléculas como pigmentos y metabolitos secundarios en la cepa *Exiguobacterium* sp. Aislada desde el Salar de Huasco, la cual ha sido identificada y caracterizada previamente. La cepa presenta una pigmentación de color naranjo, y mediante un barrido espectrofotométrico (190-1100 nm) se observó un alto valor de absorbancia cercano a los 465 nm lo que sugiere que el pigmento es del tipo carotenoide. Por otro lado, sobrenadantes de cultivos líquidos del microorganismo crecido hasta la fase exponencial tardía se sometieron a análisis cromatográficos en TLC ($SiO_2$) para luego ser sometidos a un fraccionamiento en una columna Sephadex LH-20. Las dos fracciones obtenidas se sometieron a una columna cromatográfica (SiO2, 63-200 µm) con distintas fases móviles. Mediante análisis espectroscópicos RMN se elucidó a nivel estructural la presencia de los compuestos “xantona” y “ácido trimésico”. Por un lado, las “xantonas” se conocen por presentar una amplia variedad de actividades biológicas (antimicrobiana, antitumoral, antiviral, entre otras), y por otro lado, el “ácido trimésico” es utilizado para sintetizar polímeros (metal-orgánico) porosos con propiedades biodegradables y que tienen aplicaciones catalíticas, en magnetismo, y en la síntesis de nanopartículas.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 11100414.**

BTC-26

**Isolation of Nitrogen-fixing bacteria from *lupines luteus* and their Microencapsulation by Spray Drying technique**

**Campos, Daniela**[1].,Acevedo, Francisca[2].,Morales, Eduardo[2].,Amiard, Véronique[3].,Jorquera, Milko[4].,Inostroza, Nitza[5].

[1]facultad de ciencias agropecuarias y forestales, facultad de ciencias agropecuarias y forestales, Universidad De La Frontera.

[2]Centro de Genomica Nutricional Agroacuicola, Centro de Genomica Nutricional Agroacuicola, Centro de Genomica Nutricional Agroacuicola.

[3]Centro de Genómica Nutricional Agro Acuícola, Centro de Genómica Nutricional Agro Acuícola, Centro de genomica nutricional agroacuicola.

[4]Núcleo de Desarrollo Científico Tecnológico (BIOREN), Núcleo de Desarrollo Científico Tecnológico (BIOREN), Universidad De La Frontera.

[5]Núcleo de Desarrollo Científico Tecnológico , Núcleo de Desarrollo Científico Tecnológico , Núcleo de Desarrollo Científico Tecnológico .

El *Lupinus luteus* representa una especie atractiva para la agricultura sostenible del sur de Chile por su alto contenido proteico en las semillas. La inoculación de bacterias fijadoras de Nitrogeno (NFB) es una estrategia potencial de fertilización nitrogenada sostenible. Sin embargo, la baja supervivencia de la NFB en campo es la principal limitación para utilizar esta tecnología en la agricultura. Por ello, formulaciones de BFN utilizando como encapsulantes diversos polímeros mediante técnicas de microencapsulación están siendo estudiadas. Se aislaron 10 cepas NFB de la rizósfera de plantas de altramuz del sur de Chile. Se identificaron mediante la secuenciación del 16S rDNA y se seleccionó la cepa bacteriana con mayor velocidad de crecimiento para evaluar su viabilidad luego de la microencapsulación mediante la técnica de secado spray, Se estudiaron seis combinaciones de los polímeros alginato de sodio - maltodextrina (01:14), (02:13), (2:28), (4:26), (0:30), y (0:15) como material encapsulante. Los resultados mostraron que las cepas bacterianas pertenecieron a los géneros *Enterobacter, Stenotrophomonas, Ochrobactrum, Klebsiella, Pseudomonas y Achromobacter*. *Klebsiella sp*. presentó una mayor tasa de crecimiento. Alginato de sodio - maltodextrina (1:14) fueron seleccionados como material de pared para la microencapsulación, ($10^8$ UFC/$g^{-1}$). Este estudio revela que la microencapsulación NFB por la técnica de secado spray usando una mezcla de alginato de sodio - maltodextrina representa una alternativa económica, eficaz y escalable para la aplicación de la NFB como fertilización nitrogenada en cultivos de lupino en el sur de Chile.

**Agradecimientos: FIA PYT - 2012-088 y Fondecyt no. 1120505**

BTC-27

**Caracterización inicial de un sistema de producción de exopolisaccáridos de tipo Pel en la bacteria acidófila *Acidithiobacillusthiooxidans*.**

**Initial characterization of a Pel-like exopolysacharrides production system in the acidophile bacterium *Acidithiobacillusthiooxidans.***

**Diaz, M**[1].

[1]Biología, Ciencias, Universidad De Chile.

Las bacterias del género *Acidithiobacillus*, como *At. ferrooxidans*, *At. thiooxidans* y *At. caldus*, participan en el proceso de solubilización de sulfuros minerales conocido como biolixiviación. La formación de biopelículas es considerado como un paso clave para este proceso industrial. Si bien se ha descrito que la composición en exopolisaccáridos (EPS) de la biopelícula formada por *At. ferrooxidans* es dependiente del sustrato sólido al cual la bacteria se adhiere, muy poco se conoce sobre los componentes que formarían parte de la biopelícula de *At. thiooxidans*. En este trabajo nos hemos propuesto estudiar los mecanismos moleculares de producción de EPS en *At. thiooooxidans*. El análisis bioinformático del genoma de esta bacteria identificó un putativo operón *pel*, similar a lo descrito en *Pseudomonasaeruginosa.* Este operon *pel* codificaría un complejo proteico involucrado en la síntesis de EPS tipo Pel, el cual incluye una proteína regulatoria de unión a c-di-GMP del tipo PelD. Mediante experimentos de PCR se demostró que este sistema *pel* se encuentra presente en diferentes cepas de *At. thiooxidans*. Por otro lado, un análisis transcriptómico mediante qPCR ha revelado que los niveles de expresión del sistema *pel* de la cepa DSM 504 de *At. thiooxidans* crecida en azufre elemental, son ocho veces mayores en células adheridas con respecto a planctónicas. Estos primeros resultados sugieren que el EPS de tipo Pel estaría utilizado por *At. thiooxidans* para conformar biopelículas y colonizar sustratos minerales.

**Financiamientos: FONDECYT 1120295. Beca CONICYT 21120064.**

BTC-28

***Amplificación y clonación de fragmentos que codifican para DNA polimerasa I desde muestras ambientales extraídas desde el campo geotermal El Tatio, Chile.***

**Amplification and cloning of DNA fragments encoding for DNA polymerase I from environmental samples extracted from the geothermal field Tatio, Chile.**

**Gahona, G**[1].,Zamorano, P[2].,Garcia, J[3].,Valenzuela, B[3].

[1]Biotecnologia, Facultad de Ciencias del Mar y de Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta.

[2] Biomédico, Instituto Antofagasta, Universidad De Antofagasta.

[3]Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta, Universidad De Antofagasta.

El Tatio es un campo geotermal ubicado en el altiplano del norte de Chile, con una altura de 4200 m.s.n.m. Corresponde al campo de géiseres más grande del hemisferio sur y el tercero más grande del mundo, este lugar se destaca por las diferentes condiciones ambientales extremas para la vida, destacándose 10 km$^2$ con diversas manifestaciones geotermales con temperaturas entre los 50 °C a 82°C. La termoenzima que se analizará en este estudio será la DNA polimerasa I, importante en técnicas de biología molecular, esta es utilizada para la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) principalmente y en otras metodologías de modificacion del DNA. Este estudio presenta la amplificación y clonación de fragmentos de 500pb con regiones conservadas que codifican para DNA polimerasa I (DNApol I) de bacterias, provenientes de muestras de ambientes termales. A partir del DNA aislado y amplificado desde estos ambientes se ha obtenido el desarrollo de una genoteca que posee una gran diversidad de fragmentos de secuencias DNApol I. De los análisis moleculares de tan sólo diez clones se han obtenido seis secuencias únicas, cuya secuención y analisis bioinformáticos arrojan una identidad menor al 70% a las secuencias registradas en el NCBI. En casi 30 años se han aislados distintas DNA polimerasas de microorganismos termófilos, pero no existen reportes sobre el aislamiento y diversidad de estas enzimas en nuestro país. Esto abre la posibilidad de encontrar nuevas DNA polimerasas, de microorganismos termofilos no cultivables, que presenten características innovativas, contribuyendo al desarrollo biotecnológico regional y nacional.

BTC-29

**Reducción de *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis en carnes de salmón fresco congelado y ahumado mediante la aplicación de una mezcla de bacteriófagos virulentos**

***Salmonella enterica*serotype Enteritidis reduction in fresh salmon and smoked salmon by a phage cocktail application.**

**Galarce, N**[1].,Bravo, J[1].,Escobar, B[1].,Turra, G[2].,Robeson, J[2].,Borie, C[3].

[1]Medicina Preventiva Animal, Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad De Chile.

[2]Laboratorio de Bacteriología, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

[3]Medicina Preventiva Aninal, Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

En Chile, *Salmonella*Enteritidis es la principal causa de enfermedades transmitidas por los alimentos (ETAs), asociada a alimentos de origen animal, como huevos, carnes y pescados. La nueva tendencia gastronómica de consumir preparaciones en base a pescado crudo ha aumentado el riesgo, registrándose brotes en Chile y el mundo. Recientemente, el uso de bacteriófagos ha surgido como una herramienta de biocontrol de patógenos en diversos tipos de alimentos. El objetivo fue determinar la efectividad de una mezcla de bacteriófagos en pescado contaminado con *S*. Enteritidis. Así, 25 muestras de salmón fresco congelado y de ahumado fueron contaminadas con *S*. Enteritidis $nal^R$ $rif^R$. Luego de dos horas, se les aplicó la mezcla de fagos líticos (MOI $10^4$). Las muestras se mantuvieron a 4º C y, al día 3, 6 y 10 se realizaron recuentos en placa. Para cada matriz se contó con un grupo control de 25 muestras contaminadas sin recibir fagos. Los resultados del recuento fueron analizados mediante Análisis de Varianza. En salmón fresco congelado los fagos redujeron ($p$<0,0001) los recuentos promedios de *S*. Enteritidis, en relación a su grupo control, al día 3, 6 y 10, con disminuciones de 3,13, 2,83 y 2,82 unidades logarítmicas, respectivamente. Por otra parte, en salmón ahumado sólo se determinaron diferencias ($p$<0,0001) a los días 6 y 10, con valores de 1,02 y 1,96 unidades logarítmicas, respectivamente. Este trabajo provee evidencia de la efectividad del uso de estos fagos como biocontroladores de *S*. Enteritidis en las presentaciones de salmón analizadas.

**FONDECYT Nº 1110038**

BTC-30

**Mejoras Moleculares para Aumentar la Expresión de Termoenzimas en Sistemas de Expresión Procariontes Mesófilos.**

**Molecular Improvements to Increase the Expression of Thermoenzymes in Mesophiles Prokariotic Expression Systems.**

**García, J**[1].,Valenzuela, B[1].,Zamorano, P[1].

[1]Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta, Universidad De Antofagasta.

Termoenzimas aisladas de microorganismos termófilos son de gran utilidad en diferentes procesos industriales y/o biotecnológicos, sin embargo la expresión de estas proteínas en sistemas de expresión mesófilos, adolece de problemas los cuales no son del todo entendidos. En el presente trabajo, informamos de modificaciones moleculares de una α-amilasa clonada desde un microorganismo termófilo (*Anoxybacillus sp.*), proteína que presenta en su dominio N-terminal un péptido señal y en su dominio C-terminal un domino transmembrana. Con el objeto de determinar si estos dominios hidrofóbicos afectan la expresión de esta proteína se procedió a deleccionar, en primera instancia cada uno de estos dominios individualmente y luego conjuntamente, para examinar como afectan la determinar su expresión en *Escherichia coli* BL21, utilizando diferentes vectores de expresión procariontes. La expresión y actividad enzimática, se ven dramáticamente disminuidas en los constructos que presentan los dominios hidrofóbicos N y/o C-terminal, lo que sugiere que la presencia de estos dominios termófilos, inhiben la expresión o inducen la degradación de estas proteínas. La delección de ambos dominios hidrofóbicos resulta en un aumento de la expresión, visualizada en geles SDS-PAGE y un incremento de la actividad enzimática. Estos resultados sugieren que los dominios hidrofóbicos de proteínas de microorganismos termófilos, deben ser cuidadosamente considerados cuando se desea expresar estas proteínas en sistemas de expresión en microorganismos mesófilos.

**Sponsored by Proyecto CONICYT VIU 110045**

BTC-31

**Cinética de producción de dsRNA en modalidad de cultivo por lote en *E. coli* recombinante.**

**dsRNA production kinetics in *E. coli* recombinant using fed-batch culture.**

**García, K[1]**.,Diaz, A[1].,Guiñez, E[1].,Navarrete, A[1].,Higuera , G[1].,Romero, J[1].

[1]Laboratorio de Biotecnología, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad De Chile.

Los RNA de doble cadena (dsRNA) están involucrados en diferentes procesos biológicos. Uno de ellos es la vía del RNA interferente, en la cual son capaces de inducir degradación secuencia específica de RNAs mensajeros. Una de las estrategias empleadas para producir dsRNA, es la utilización de bacterias modificadas que transcriben las cadenas dobles de RNA. *Escherichia coli* ha sido utilizada ampliamente con este fin, sin embargo, a la fecha no se conoce la cinética de producción de dsRNA, ni los parámetros operacionales que permiten aumentar la producción de este ácido nucleico. Por ello, el objetivo de este trabajo es fijar los parámetros que permitan producir la mayor cantidad de dsRNA en una biomasa bacteriana determinada. Se realizaron curvas que permitieron conocer los parámetros cinéticos de crecimiento bacteriano y determinar la producción de dsRNA. Los resultados mostraron que modificando la composición del medio de cultivo y la agitación, es posible incrementar la productividad de biomasa final, aumentar la velocidad específica y disminuir el tiempo de duplicación de la bacteria. En cuanto a la producción de dsRNA, ésta se comporta acorde a la cinética de crecimiento bacteriano: es mayor durante el crecimiento exponencial, disminuye cuando el crecimiento se vuelve lineal y se mantiene constante durante la fase estacionaria. El aumento en el número de copias de dsRNA ocurre cada 2 horas, acorde al tiempo de duplicación de esta cepa. Estos estudios permitieron proponer un modelo que sirve como base para fijar los parámetros óptimos requeridos para escalar a una producción industrial.

**Proyecto Fondecyt 3120081; Fondef D10I1056, Programa De Doctorado En Acuicultura, Universidad De Chile.**

BTC-32

**Efecto del factor de dilución y pH en la producción de exopolisacáridos por la cepa probiótica *Lactobacillus salivarius* 979C.**

**Effect of pH and dilution factor in the production of Exopolysaccharides by the probiotic strain *Lactobacillus salivarius* 979C.**

**Pinuer, Luis**[1].,Hebel, Sonja[3].,Ferrer, Javier[2].,Sanhueza, Enrique[2].,García, Apolinaria[3].

[1]microbiología, Ciencias biológicas, Universidad De Concepción.

[2]Departamento de Recursos Hídricos, Ingeniería Agrícola, Universidad De Concepción.

[3]Departamento de Microbiología, Ciencias Biológicas, Universidad De Concepción.

Los exopolisacáridos (EPS) son actualmente utilizados como aditivos alimenticios y cada día se realizan más estudios para sus aplicaciones debido a los beneficios que se han reportado para la salud tales como moduladores inmunológicos, prebióticos, antioxidantes, entre muchas otras funciones. El objetivo de este estudio fue analizar la producción de EPS por la cepa de origen gástrico *Lactobacillus salivarius* 979C, en cultivos continuos a diferentes factores de dilución y pH. La cepa fue aislada y caracterizada por el grupo de patogenicidad bacteriana de la Universidad de Concepción mostrando una fuerte actividad anti-*Helicobacter pylori*, patógeno asociado a múltiples enfermedades gástricas incluyendo cáncer gástrico. Los cultivos continuos fueron realizados en un fermentador Applikon (con un volumen útil de 1 litro) al que se le adaptaron elementos para el control de pH, temperatura y flujo de aire sintético. El medio de cultivo utilizado fue químicamente definido. El factor de dilución fue controlado eentre $0,1h^{-1}$ y $0,7h^{-1}$ mediante una bomba de impulsión de doble cabezal (Ismatec), la temperatura en 37°C, el flujo de aire fue de 100 ml/min y el pH fue regulado entre 5 y 7. Luego de 6 tiempos de residencia fue tomada una muestra a la que se le cuantificó la concentración de EPS en el sobrenadante (como azúcares totales), peso seco y unidades formadoras de colonias Los resultados mostraron que efectivamente ambas variables afectan la producción de EPS y que es posible obtener altas productividades volumétricas regulando las condiciones operacionales del proceso. Debido al origen de la cepa, se cree que el EPS producido puede poseer interesantes propiedades funcionales, por lo cual futuros estudios permitirán evaluar la eficacia del EPS in Vitro y en modelos animales como antioxidante y como aditivo en formulaciones probióticas.

**Innova Bio-Bio proyecto 13.197**

BTC-33

**Actividad probiótica anti-*Helicobacter pylori* de *Lactobacillus* bioacumuladores de selenio**

**Probiotic activity anti-*Helicobacter pylori* of *Lactobacillus* selenium bioaccumulators**

**Herrera, Carolina**[1].,García, Apolinaria[1].,Pinuer, Luis[1].

[1]Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Ciencias Biológicas, Universidad De Concepción.

Introducción: La infección por *Helicobacter pylori* se encuentra ampliamente extendida afectando a más del 50% de la población mundial. Debido a los problemas que presenta el tratamiento actual *Lactobacillus* probióticos han surgido como una alternativa para la erradicación del patógeno. Además de poseer actividad probiótica algunos *Lactobacillus* pueden bioacumular selenio, metal con actividad antioxidante. Considerando el posible beneficio adicional del selenio, el objetivo de este estudio fue verificar si el cultivo de las cepas UCO_25A, UCO_979C y *L. casei* Shirota con 1 y 10 mg/L de Se (IV) mantiene su actividad probiótica anti-*H. pylori* en células de adenocarcinoma gástrico (AGS).

Materiales y métodos: Cepas de *Lactobacillus* UCO_25A y UCO_979C aisladas en el Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Universidad de Concepción, *L. casei* cepa Shirota como control y *Helicobacter pylori* 43504. La capacidad de bioacumular selenio se determinó mediante espectrometría de absorción atómica. La adhesión de las cepas en selenio sobre células AGS se determinó mediante tripsinización y cuantificación por microgota. Mediante un ensayo de producción de ureasa se determinó la inhibición sobre la adhesión de *H. pylori.*

Resultados: La cepa que presenta mayor capacidad para bioacumular selenio, tanto en 1 mg/L y 10 mg/L, corresponde a UCO_25A. La adhesión de las cepas a células AGS no presentó un cambio significativo al ser cultivadas en selenio 1 mg/L ($P>0,05$), mientras que el cultivo en Se 10 mg/L disminuyó la adhesión de las tres cepas ($P<0,05$). Se produjo una significativa disminución de la adhesión de *H. pylori* a células AGS inducida por las cepas UCO_25A y Shirota en presencia o ausencia de selenio y en la cepa UCO_979C en la ausencia de selenio.

Conclusión: Se concluye que en presencia de 1 mg/L de selenio, la adhesión y actividad probiótica anti-*H. pylori* de las cepas UCO_25A y Shirota se mantiene. La cepa UCO_25A podría ser utilizado como probiótico bioacumulador de selenio.

BTC-34

**Identificación de proteínas candidatas para el desarrollo de una vacuna contra el patógeno de salmónidos de *Flavobacterium psychrophilum***

Evrard, Oscar[3].,Teichmann , Aline [1].,Ferreira, Henrique B.[1]., **Hidalgo, Christian[2]**.,Paredes, Rodolfo[2].,Retamales, Julio [3].,Avendaño-Herrera, Ruben[3,4].

[1]Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional Centro de Biotecnologia, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

[2]Escuela de Medicina Veterinaria Universidad Andrés Bello, Chile.

[3]Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Patología de Organismos Acuáticos y Biotecnología Acuícola, Universidad Andres Bello, Chile.

[4]Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR) Universidad Andres Bello, Chile.

*Flavobacterium psychrophilum* es una bacteria filamentosa Gram-negativa que en peces de agua dulce causa la enfermedad bacteriana de agua fría (BCWD, sigla en inglés). En Chile, BCWD provoca importantes pérdidas económicas a los productores de salmón del Atlántico (*Salmo salar*) y trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*). Para prevenir la aparición de esta enfermedad se requiere desarrollar vacunas con un sólido conocimiento de los componentes proteicos de los aislados y que estos sean propios del país en que se aplicará. Hasta ahora, los mecanismos patogénicos de este importante patógeno de peces no se entienden completamente, aunque la capacidad para obtener hierro *in vivo* se considera un factor importante en la patogenicidad bacteriana y la virulencia. En este nuestro estudio, aislados de*F. psychrophilum* fueron crecidos en condiciones limitantes de hierro, es decir, imitando la circunstancia que el patógeno enfrenta al interior del hospedero, siendo analizados los perfiles proteicos en geles SDS-PAGE y 2D-PAGE. Luego, con el fin de reconocer las proteínas antigénicamente reactivas en *F. psychrophilum,* se realizaron ensayos de Western-blot empleando la célula completa del patógeno y antisueros obtenidos a partir de ejemplares de trucha arcoíris inmunizados previamente con la bacteria inactivada. Un total de 15 proteína fueron identificadas mediante LC-ESI-Q-TOF MS/MS, de las cuales seis de ellas fueron proteínas inmunoreactivas.En nuestro estudio se identifica componentes proteicos de aislados chilenos de *F. psychrophilum* capaces de producir una respuesta inmune humoral en ejemplares de trucha arcoíris, los cualespodrían ser candidatos para el desarrollo de una futura vacuna recombinante.

**Sponsored by FONDECYT Nº 1110219 Y CONICYT/FONDAP/15110027.**

BTC-35

**Identificación de compuestos con posible actividad fotoprotectora obtenidos a partir de microorganismos fotosintéticos del Salar de Huasco.**

**Detecction of photoprotective compounds isolated from oxygenic phototroph microorganisms from Salar de Huasco.**

**Huanca, P**[1].,Dorador, C.[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta.

La radiación ultravioleta (UV-R) es dañina para los sistemas biológicos debido a que sus diferentes longitudes de onda generan daño en estructuras como membranas, proteínas y ADN produciendo mutaciones que pueden ocasionar la muerte celular, afectando procesos biogeoquímicos. El Salar de Huasco es un humedal salino ubicado en el Altiplano Chileno a una altura de 3800 msnm. Este ambiente presenta una alta radiación ultravioleta (<1100$Wm^{-2}$), balance hídrico negativo, concentración variable de sales y además posee una alta diversidad microbiana, estas características lo convierten en un ambiente ideal para la búsqueda de microorganismos fotosintéticos con potencial de producir pigmentos con actividad fotoprotectora. La obtención de microorganismos fotosintenticos se realizó utilizando como inóculo muestras de tapete microbiano del Salar de Huasco en medio de cultivo líquido BG-11. Está metodología permitió la obtención de un cultivo axénico de *Chlorella vulgaris* y de 11 cultivos de enriquecimiento de cianobacterias filamentosas, de los cuales 3 de ellos mostraron la presencia de *nif*H. La obtención de estos cultivos permitirá el análisis de pigmentos que tengan el potencial de poseer actividad fotoprotectora, además de analizar la presencia de genes marcadores de las rutas de producción de pigmentos fotoprotectores en cianobacterias.

**Financiamiento: Fondecyt N°1110953; CODEI 5380, FDI 3027. Universidad de Antofagasta.**

BTC-36

**Estudio de la actividad antimicrobiana de superficies de cobre sobre la microbiota patógena y no patógena presente en carnes de ave.**

**Study of the antimicrobial activity of copper surfaces on pathogenic and non-patogenic microorganisms present in meat poultry.**

**Reyes-Jara, Angélica**[1].,Troncoso, Miriam[1].,Figueroa, Guillermo[1].

[1]Laboratorio de Microbiología y Probióticos, INTA, Universidad de Chile.

**Introducción:** La contaminación cruzada y formación de *biofilms* en la industria avícola, aumentan la incidencia de patógenos alimentarios en el producto final. Según esto, es necesario innovar en medidas de control de peligros biológicos. La potencial actividad antimicrobiana del cobre, podría constituir una eficaz alternativa de control de patógenos en superficies de contacto con alimentos. **Objetivo:** Evaluar in vitro la actividad antibacteriana de superficies de cobre bajo condiciones similares a las presentes en la industria procesadora de carne de ave. **Método:** Se evaluó el efecto bactericida de superficies de cobre sobre mezclas de microorganismos patógenos (*S. enteritidis* o *L. monocytogenes*) con un no patógeno (*E. cloacae*) aislados desde carne de ave y la influencia de la composición del medio sobre la actividad bactericida de la superficie de cobre. Las superficies se expusieron a una concentración bacteriana de $1x10^9$ UFC/mL y se evaluó la sobrevida en diversos tiempos post exposición. **Resultados:** Se observó que las superficies de cobre provocan rápida y alta mortalidad (menor a 10 min en matriz inorgánica) y se detectó diferencias significativas en el tiempo de muerte según la matriz utilizada. En condiciones de coexistencia, no se observaron cambios significativos en el tiempo de sobrevida respecto cuando se expuso cada bacteria por sí sola, sin embargo, las curvas de cinéticas de muerte presentaron diferencias. En **Conclusión**, el cobre es una herramienta eficiente para controlar peligros microbiológicos en la industria avícola.

**Financiamiento Parcial: CONICYT N°791100002**

BTC-37

**Aislamiento, selección y obtención de cepas fúngicas para el biocontrol de *Botrytis cinerea,* en condiciones de baja temperatura.**

**Isolation, selection and obtainment of fungal strains for biocontrol of*Botrytis cinerea*, on low temperature conditions.**

**Jer, Gamal**[1].,Polanco, Rubén[1].

[1]Laboratorio de Bioquímica., Facultad de Ciencias Biológicas , Universidad Andrés Bello. (Sponsored by Claudia Saavedra)

*Botrytis cinerea* es un hongo patógeno que afecta a muchas especies vegetales. En uva de mesa produce la pudrición gris, implicada en pérdidas económicas importantes en la industria frutícola nacional. *Trichoderma spp.* está descrito como una alternativa biológica para el control de *Botrytis*, sin embargo, la principal limitante para su uso como 'producto biotecnológico' es que carece de efectividad a baja temperatura, condición en la cual *Botrytis* crece sin problemas. Los largos periodos de transporte de la fruta refrigerada hasta los mercados de destino y las normativas internacionales que apuntan a una drástica reducción de los Botryticidas químicos, constituyen un gran desafío para el desarrollo de nuevas alternativas para el control de este fitopatógeno. Para abordar esta problemática, establecimos un protocolo de aislamiento y selección de hongos a partir de muestras de suelos provenientes de ambientes fríos. Los microorganismos se seleccionaron por su capacidad para controlar el crecimiento de *Botrytis* a baja temperatura (10°C), obteniéndose 4 aislados. Mediante secuenciación de sus ITS, los microorganismos se identificaron como miembros de los géneros *Clonostachys*, *Mortierella* y *Trichoderma*. Cada aislado fue sometido a mutagénesis química para obtener variantes con propiedades biocontroladoras mejoradas. Una de estas mutantes disminuyó el crecimiento de *Botrytis,in vitro* y a 10°C,en un 40% más, respecto al parental. Al analizar posibles mecanismos que expliquen este incremento del control, detectamos que la mutante secreta un mayor nivel de quitinasas y que éstas, a diferencia del parental, aumentan en respuesta a *Botrytis cinerea*.

**FINANCIAMIENTO: PROYECTO DI-130-12/R (UNAB).**

BTC-38

**Desarrollo de un proceso de Biotransformación de esteroles de madera para la producción de los intermediarios farmacéuticos 4-Androstene-3,17-diona (AD) y 1,4-Androstadiene-3,17-diona (ADD).**

**Development of a wood sterols Biotransformation process for the production of pharmaceutical intermediates 4-Androstene-3,17-dione (AD) and 1,4-Androstadiene-3,17-dione(ADD).**

**Mancilla, R**[1].,Chamy, Rolando[1].

[1]Núcleo de Biotecnologia Curauma - Naturalis S.A, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

La industria farmacéutica de esteroides se centra principalmente, en la producción de dos precursores de dichos compuestos, estos son 4-androstene-3,17-diona (AD) y 1,4-androstadiene-3,17-diona (ADD). Estos precursores, son la base para la producción de importantes hormonas esteroidales. La principal materia prima para la producción de AD(D) son los esteroles vegetales (fitoesteroles). Estrategias competitivas de Biotransformación están siendo utilizadas cada vez más. Estas consisten en la eliminación de la cadena lateral y modificación del núcleo ciclopentanoperhidrofenantreno del esterol por microorganismos. El cuello de botella de estos bioprocesos son las complejas propiedades fisicoquímicas y reológicas del sustrato como la toxicidad de este y productos sobre la fermentación. Esta investigación se centró en la búsqueda y el diseño de medios de cultivo y parámetros operacionales para llevar a cabo la Biotransformación de Fitoesteroles dispersables con cepas *Mycobacterium sp*. Dentro de los resultados más satisfactorios se encuentra la selección de microorganismos productores de AD(D) respectivamente, como de medios y condiciones de Biotransformación a través de diseños de experimentos los cuales permitieron alcanzar niveles de conversión de esteroles en AD(D) sobre el 50% a altas concentraciones de sustrato, logrando así la obtención de mayores concentraciones de esteroles en el medio que lo actualmente reportado, representando así una buena alternativa para su uso en la Biotransformación de esteroles de madera a escala industrial.

BTC-39

**Degradación enzimática de la biopelícula formada por *Aggregatibacter actinomycetemcomitans:* efecto de una hexosaminidasa de *Trichoderma harzianum*.**

**Enzymatic degradation of a biofilm produced by *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*: Effect of a hexosaminidase from *Trichoderma harzianum*.**

**McManus, Marcela**[1].,Sánchez, Manuel[1].,Bittner, Mauricio[2].,Polanco, Rubén[1].

[1]Departamento de Ciencias Biologicas. Laboratorio de Bioquímica., Facultad de Ciencias Biologicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Laboratorio de Microbiología y Biotecnología Oral., Facultad de Odontología y Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

La enfermedad periodontal corresponde a una inflamación del periodonto, asociada a bacterias capaces de colonizar estos tejidos formando una biopelícula. La forma agresiva de esta enfermedad puede provocar la pérdida de todas las piezas dentales en sólo 2 años. El agente etiológico de esta patología es *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* (Aa), una bacteria Gram negativo, que produce un matriz de polisacáridos donde el principal constituyente es un polímero de N-acetilglucosamina (PGA). La remoción enzimática de esta biopelícula podría permitir el desarrollo de nuevas terapias, más efectivas que las usadas actualmente. El gen *dsp*B de Aa codifica para una N-acetilglucosaminidasa que hidroliza los enlaces β-1,6 de la N-acetilglucosamina, permitiendo la liberación de las bacterias embebidas en la biopelícula. Esta enzima pertenece a la familia GH20 al igual que algunas hexosaminidasas de *Trichoderma harzianum.* Para estudiar el efecto de estas enzimas sobre biopelículas formadas por Aa, se realizaron cultivos en medio líquido de *T. harzianum* usando como única fuente de carbono la biopelícula generada por esta bacteria. *T. harzianum* creció en esta condición y el sobrenadante obtenido fue capaz de degradar un 40% de la biopelícula producida por Aa. En experimentos de RT-PCR, usando RNA de micelio crecido en presencia de la biopelícula, se detectó la expresión de sólo una de las cuatro hexosaminidasas descritas para *T. harzianum*, lo cual sugiere que el gen ortólogo al ID76397 de *T. harzianum* participaría en la degradación de la biopelícula formada por *Aggregatibacter* y representa un interesante blanco biotecnológico dada su similitud con el gen *dsp*B.

**FINANCIAMIENTO: PROYECTO DI-130-12/R (UNAB).**

BTC-40

**Búsqueda de genes *pks* y *nrps* en bacterias aisladas desde el Salar de Llamará, Desierto de Atacama, norte de Chile.**

**Searching of *pks* and *nrps* genes from isolated bacterias of Salar de Llamará, Atacama Desert, northern Chile.**

**Ossandón, Bárbara**[1].,Arán, Pablo[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Centro de Bioinnovación, Instituto Antofagasta. Universidad de Antofagasta. (Sponsored by Cristina Dorador)

Los genes PKS y NRPS poseen múltiples dominios relacionados a la biosíntesis de poliquétidos y péptidos no ribosomales. Estos compuestos son de gran interés biotecnológico, ya que pueden presentar actividad anti-microbiana, anti-fúngica, anti-parasitaria, entre otras actividades biológicas. Estos compuestos presentan una gran gama de aplicaciones siendo utilizados en áreas como la farmacéutica, clínica, alimenticia, entre otras. Esta investigación se realizó en el Salar de Llamará, ubicado en el Desierto de Atacama, Norte de Chile, el cual se encuentra a 800 msnm y se caracteriza por una alta salinidad de sus aguas (hasta 33,4%) y por tener un pH entre 7,0 y 8,5. Nuestro objetivo fue buscar la presencia de los genes funcionales PKS y NRPS en bacterias aisladas y analizar su potencial biotecnológico. Para ello se obtuvieron muestras desde agua y sedimento de distintos sitios del salar de Llamará, se cultivaron en agar marino (salinidad 1,9%) a temperatura ambiente por aproximadamente 4 días para el aislamiento posterior de colonias únicas. Hasta la fecha se han obtenido 53 aislados bacterianos, los cuales 20 han sido caracterizados de acuerdo a su secuencia del gen ribosomal 16S, identificando los géneros *Bacillus* sp.*, Roseovarius sp., Salinivibrio* sp.*, Vibrio,* sp.*, Halomonas* sp.*, Pseudoalteromonas* sp.*, Marinomonas* sp.*, Pseudovibrio* sp.*, Alteromonas* sp.*, Marivirga* sp.*, Marinobacter* sp. Posiblemente 3 de las cepas identificadas correspondan a nuevas especies. Los resultados observados indican la presencia de los genes funcionales PKS-I y NRPS en algunas cepas, abriendo nuevas posibilidades en la búsqueda de compuestos bioactivos desde ambientes extremos.

**Financiamiento: Fondecyt N°1110953; CODEI 5380, Universidad de Antofagasta.**

BTC-41

**Biosíntesis de nanopartículas de plata mediada por proteínas del hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor***

**Biosynthesis of silver nanoparticles mediated by protein white-rot fungus *Anthracophyllum discolor.***

**Romero, Karina**[1].,Díaz, Marcela[1].,Diez, Maria Cristina[2].,Tortella, Gonzalo[2].,Rubilar, Olga[2].

[1]Centro de Biotecnología Ambiental, BIOREN , Ingeniería Ciencias y Administración, Universidad De La Frontera.

[2]Ingeniería Química, Ingeniería Ciencias y Administración, Universidad De La Frontera.

Diversas investigaciones han estudiado la producción de nanopartículas metálicas con actividad antimicrobiana contra microorganismos patógenos resistentes a múltiples bactericidas. Si bien, la producción de estas nanopartículas se ha desarrollado mediante procesos físicos y químicos, estos son costosos, ineficientes y generan residuos peligrosos para el medio ambiente. En este contexto, existe la necesidad por desarrollar procesos biológicos simples y eco-amigables. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar la biosíntesis de nanopartículas de plata por el hongo *Anthacophyllum discolor* y el efecto del pH sobre su formación.

El extracto libre de micelio se incubó en un agitador orbital a 100 rpm y 25 ºC durante 72 h adicionando una solución de $AgNO_3$ a 1 mM. Durante el tiempo de reacción (0-72h) se retiraron periódicamente alícuotas para evaluar la reducción de los iones de plata mediante la medición en espectro UV-Visible. El tiempo de reacción con un área de pico más alto fue seleccionado para la posterior evaluación del pH (5.0-9.0).

Los resultados mostraron cambios en la coloración del extracto (amarillo claro a marrón oscuro) después de la adición de $AgNO_3$. La medición espectrofotométrica mostró un pico alrededor de 410 a 420 nm a las 48 h de incubación, correspondiente a la formación de nanopartículas de plata. En relación con el efecto del pH, se observó un aumento en los espectros registrados entre pH 7 y 8. Por lo tanto, es posible deducir una relación directa entre el pH y la formación de nanopartículas.

**Acknowledgements: FONDECYT Project 1130854**

BTC-42

**Biosíntesis extracelular de nanopartículas de plata por el hongo de pudrición blanca *Anthracophyllum discolor***

**Extracellular biosynthesis of silver nanoparticles by the white-rot fungus *Anthracophyllum discolor.***

**Cuevas, Raphael**[1].,Diaz, Marcela[1].,Beltrán, Claudia[1].,Diez, María Cristina[1].,Rubilar, Olga[1].

[1]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Ciencias y Administración, Universidad De La Frontera.

La biosíntesis de nanopartículas por microorganismos no genera productos tóxicos, las cuales pueden ser preparadas de una manera sencilla y económica. Un aspecto clave en esta área es el desarrollo de protocolos experimentales rápidos y confiables. La biosíntesis extracelular de nanopartículas es realizada utilizando microorganismos que secretan proteínas y/u otros compuestos orgánicos capaces de reducir iones metálicos presentes en solución para la formación de la nanopartículas metálicas. En la actualidad, existe un número limitado de estudios reportados utilizando hongos de pudrición blanca para la biosíntesis de nanopartículas. Además, los hongos de pudrición blanca podrían tener el potencial para la biosíntesis de nanopartículas metálicas debido a la elevada producción de enzimas extracelulares. En este contexto, el objetivo de este estudio fue evaluar la biosíntesis de nanoparticulas plata en un extracto libre de micelio del hongo de pudrición blanca *A. discolor*. La formación de las nanopartículas fue evaluada por espectrofotometría UV-visible (200-800 nm). Posteriormente, las nanopartículas fueron caracterizadas por microscopía electrónica y por espectroscopia de infrarroja con transformadas de Fourier. Los resultados demostraron que los extractos libre de micelio de *A. discolor* fueron eficaces para la biosíntesis de nanopartículas de plata en condición alcalina. El espectro UV-visible mostró una absorbancia máxima entre 410-420 nm atribuible a la formación de nanopartículas de plata. La presencia de grupos amino unidos a la plata se confirmó mediante FTIR, lo que sugiere que la liberación de proteína extracelulares por hongos de pudrición blanca, posiblemente, llevan a cabo la formación y estabilización de las nanopartículas en medio acuoso.

**Agradecimientos: Proyecto FONDECYT 1130854 y Beca CONICYT 21110491.**

BTC-43

**Diferencias en la composición de la microbiota en lenguado de cultivo versus silvestre**

**Differences in the microbiota composition between wild and reared fine flounder (*Paralichthys adspersus*).**

Salas, Joan[3].,Opazo, Rafel[3].,Velez, Antonio[1].,Uribe, Eduardo[2].,**Romero, Jaime[3]**.

[1]Cultivos Tongoy Fundación Chile.

[2]Acuicultura Universidad Católica Del Norte.

[3]Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad De Chile.

El lenguado fino (*Paralichthys adspersus*) es un pez plano presente en las costas de Chile, cuyo cultivo en acuicultura tiene interés comercial. La microbiota intestinal de los peces cumple un rol en los procesos nutricionales y de protección frente a patógenos, su modulación ha permitido aumentar el crecimiento y disminuir la mortalidad en diferentes especies de peces de acuicultura. Este trabajo fue enfocado en la comparación de la microbiota cultivable entre lenguados de acuicultura (LC) y lenguados silvestres (LS), incluyendo el aislamiento de bacterias lácticas por su posible rol como probióticos. Los recuentos obtenidos de bacterias totales por gramo fueron de $3x10^7$ para los LC y de $5x10^7$ LS, mientras las UFC por gramo en medio TSA fueron de $3x10^5$ para los LC y $7x10^5$ para los LS. Dentro de las UFC aisladas los principales géneros identificados en los LC fueron: *Bacilli* (30%), *Carnobacterium* (20%), *Vibrio* (30%), con un total de 5 géneros identificados. En contraste, los LS presentaron mayores niveles de diversidad con 11 géneros bacterianos, siendo los principales *Psychrobacter* (31%) y *Acinetobacter* (26%). Al analizar las poblaciones obtenidas en un medio específico para bacterias lácticas (MRS), se obtuvieron aislados solo en las muestras provenientes de lenguados silvestres. Los resultados sugieren que la diversidad de la microbiota en los lenguados de cultivo, es menor, incluyendo bacterias lácticas, lo que respalda la búsqueda de nuevos probióticos para el cultivo de peces marinos.

BTC-44

**Efecto de una α-1,3-glucanasa de *Trichoderma harzianum* sobre biopelículas mixtas formadas por el periodonto patógeno *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* y especies del género *Streptococcus.***

**Effect of an α-1,3-glucanase from *Trichoderma harzianum* on mixed biofilms formed by the periodontal pathogen *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* and species of the genus *Streptococcus*.**

**Sánchez, Manuel**[1].,McManus, Marcela[1].,Fuentevilla, Ignacio[2].,Bittner, Mauricio[2,1].,Huerta, Jaime[1].,Salazar, Javier[3].,Aguayo, Daniel[3].,Polanco, Rubén[1].

[1]Laboratorio de Bioquímica., Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Laboratorio de Microbiología y Biotecnología Oral., Facultad de Odontología y Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[3]Centro de Bioinformática y Biología Integrativa., Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

La enfermedad periodontal es una patología que afecta a los tejidos de soporte del diente y cuya prevalencia supera el 95%. Es causada por la acumulación de un tipo de biopelícula en la que participan colonizadores primarios del género *Streptococcus*. Por otro lado, *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* es un comensal de la cavidad oral y está relacionado con la manifestación agresiva de esta patología. Un componente mayoritario de la biopelícula son exopolisacáridos, los cuales cumplen funciones tanto estructurales como de adhesión. Algunos hongos son capaces de secretar un gran número de glicosilhidrolasas. Entre éstas se encuentran las de la familia 71 (α-1,3-glucanasas), que degradan mutano, un glucano formado por enlaces α-1,3 y ramificaciones α-1,6 que constituye cerca del 50% de los exopolisacáridos presentes en una biopelícula formada por *Streptococcus* orales. En este trabajo se diseñaron medios de cultivos, basados en componentes de biopelículas simples y mixtas, para inducir la expresión de mutanasas de *T. harzianum*. Mediante RT-PCR se detectó la expresión de un gen que codifica para esta enzima, el cual presentó un 98 % de identidad con la mutanasa 525334 de *T. harzianum* CBS226.95. Adicionalmente, se logró establecer una relación entre la expresión de este gen con la capacidad de sobrenadantes para degradar significativamente biopelículas simples y mixtas. Análisis macroscópicos y de ultraestructura de las biopelículas tratadas con los extractos fúngicos sugieren un efecto diferencial asociado a 'degradación', en el caso de cultivos suplementados con mutano y de 'pérdida de adhesión', en el caso de los suplementados con biopelículas simples o mixtas.

**Financiamiento: PROYECTO DI 130-12/R**

BTC-45

**Efecto del pH sobre la producción de exopolisacáridos (EPS) de la cepa nativa y aclimatada de *Lactobacillus salivarius* 979C de origen gástrico.**

**Effect of the pH over the production of exopolysaccharides of the native and acclimatized strain of Lactobacillus salivarius 979C from gastric origen.**

**Sanhueza, Enrique**.,Ferrer, Javier[1].,Bórquez , Rodrigo[1].,Garcia, Apolinaria[2].

[1]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería , Universidad De Concepción.

[2]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad De Concepción.

La tolerancia a pH ácidos constituye una opción para mejorar la utilidad de nuevos productos probióticos aplicables a nivel gastrointestinal. En este estudio se evaluó la producción de exopolisacáridos (EPS) en un medio de cultivo químicamente definido a diferentes pH, tanto en cultivo en batch como en cultivos continuos de la cepa 979C *Lactobacillus salivarius* proveniente de un aislamiento gástrico humano, seleccionada por sus propiedades probióticas evaluadas *in vitro* y en modelo animal y por su potente actividad anti-*Helicobacter pylori*. Se utilizó además la cepa aclimatada 979C-A para comparar su producción de EPS respecto a la cepa nativa. La máxima producción de EPS se encontró en la cepa aclimatada a pH 2.6 con 0.76 g/L, mientras que en la cepa nativa la producción máxima fue de 0.576 g/L a pH 4.0. Sin embago, la adherencia del microorganimo se ve desfavorecida a bajos valores de pH, probablemente debido al daño a proteínas de adherencia producto del estrés por el ácido. Una mayor producción de EPS en condiciones ácidas y que permite una mayor sobrevivencia de las células de *Lactobacillus salivarius* 979C-A a bajos valores de pH generará nuevas estrategias para la creación de alimentos probióticos multifuncionales anti-*Helicobacter pylori* y contribuirá al desarrollo de moléculas beneficiosas para la salud humana por las múltiples propiedades encontradas en los EPS.

BTC-46

**Desarrollo de probióticos recombinantes como tratamiento profiláctico contra *Vibrio parahaemolyticus***

**Development of recombinant probiotics as prophylactic treatment against *Vibrio parahaemolyticus.***

**Segovia, C**[1].,Bergman, Cristian[2].,Beltrán, Sebastián[2].,Annette , Trombert [3].

[1]Biotecnología, Instituto de Biotecnología, Universidad Mayor.

[2]Escuela de Tecnología Médica, Medicina, Universidad Mayor.

[3]Centro de Genómica y Bioinformática , Instituto de Biotecnología, Universidad Mayor.

**Introducción:** Las infecciones gastrointestinales son un importante problema de salud pública a nivel mundial. Uno de los agentes causales más importantes es *Vibrio parahaemolyticus* (Vp), bacteria Gram (-), que produce un cuadro diarreico por consumo de alimento de origen marinos crudos. Uno de los principales factores de patogenicidad de Vp es la adhesina MAM-7. Por otra parte, las Bacterias Ácido Lácticas (LAB) son bacterias probióticas, reconocidas por su papel en prevención y tratamiento de enfermedades infecciosas como los cuadros diarreicos. Mediante el uso de técnicas de biología molecular estas bacterias han sido manipuladas genéticamente para expresar antígenos heterólogos que permiten una respuesta inmunitaria contra patógenos específicos sirviendo como estrategia profiláctica. **Objetivo:** Desarrollar probióticos recombinantes que expresen MAM-7 como potencial tratamiento profiláctico contra Vp. **Metodología:** El gen MAM-7 de Vp RIMD2210633 (pandémica) y Vp ATCC17802 (no-pandémica) se clonó en los vectores pSEC y pCWA, para destinar la proteína a secreción o anclaje, respectivamente. El clonamiento se verificó por PCR y secuenciación. Las construcciones se utilizaron, para transformar *L. rhamnosus* y *L. casei,* cepas que fueron aisladas y caracterizadas a partir de alimentos lácteos de consumo humano. La expresión de MAM-7 se verificó por RT-PCR y Western blot. **Resultados:** Se obtuvieron bacterias probióticas recombinantes, donde se verificó la presencia y la expresión del gen heterólogo en ambas especies de *Lactobacillus.* **Conclusiones:** En este estudio se ha expresado por primera vez MAM-7 en bacterias probióticas *L. rhamnosus* y *L. casei,* lo que da pie para generar un potencial tratamiento profiláctico contra *V. parahaemolyticus.*

BTC-47

**Caracterización del pigmento violaceína de *Chromobacterium violaceum* mediante un Sistema hiperespectral de imágenes**

**Characterization of *Chromobacterium violaceum* pigment through a Hyperspectral Imaging System**

**Staforelli, Juan Pablo**[1].,Gallardo Nelson, María Jose[1].,Meza, Pablo[2].,Bourdeu, Ignacio[1].,

[1]Centro de Óptica y Fotónica Universidad De Concepción.

[2]Departamento de energía eléctrica Universidad De La Frontera.

La detección de algunos componentes producidos por bacterias tales como antibióticos, enzimas y metabolitos secundarios como por ejemplo algunos pigmentos, son de gran importancia en la industria biotecnológica. Los métodos tradicionales de detección de estos metabolitos son efectivos pero tienen la desventaja que tardan demasiado tiempo debido a que deben ser extraidos del sistema biológico para ser analizados. Existen otras técnicas que permiten estudiar la composición química de los sistemas biológicos de manera no destructiva y en tiempo real. La formación de imágenes hiperespectrales (HSI) es una técnica emergente que proporciona información espectral (longitud de onda) y espacial de una muestra biológica. En este trabajo se utilizó el sistema HSI para recuperar las firmas espectrales de producción de violaceína en la bacteria *C. violaceum*. El experimento se realizó en un medio no homogéneo (colonia bacteriana) de una cepa silvestre de *C. violaceum* y una mutante *C. violaceum* CV026, que no produce este pigmento. Las medidas fueron realizadas *in vivo* con una alta resolución espectral y alta sensibilidad, sin destruir la muestra. Se utilizó la información de la banda de 580 nm que corresponde al máximo de absorción del pigmento y la información a 764 nm que corresponde al crecimiento bacteriano. Como resultado se obtuvo información cuantitativa del proceso, obteniendo los parámetros cinéticos tanto del crecimiento bacteriano como de la producción de violaceína.

**Agradecimientos. Proyectos PIA-CONICYT PFB0824, FONDECYT 11110145.**

BTC-48

**Growth in different carbon sources for the biosynthesis of polyhydroxyalkanoates in *burkholderia xenovorans* lb400.**

**Growth in different carbon sources for the biosynthesis of polyhydroxyalkanoates in *burkholderia xenovorans* lb400.**

**Urtuvia, V**[1].,Villegas , Pamela[1].,González, Myriam[1].,Seeger, Michael[1].

[1]Química Universidad Técnica Federico Santa María.

*Burkholderia xenovorans* LB400 is a model Gram-negative bacterium for the degradation of polychlorinated biphenyls (PCBs) and aromatic compounds. The metabolic reconstruction of its genome indicates the presence of genes from the anabolic pathway of polyhydroxyalkanoates (PHA). PHA are biodegradable biopolymers, which could be used as substitutes for petroleum-based plastics, exhibiting similar physicochemical properties. PHA is stored in form of granules in the cytoplasm. Previous studies indicate a high productivity of the biopolymer could be obtained, optimizing the fermentation with sugars or organic acid as carbon sources. Different conditions were evaluated by culturing the strain *Burkholderia xenovorans* LB400 using different carbon sources (glucose, fructose, lactose, sacharose, gluconate) under nitrogen-limiting condition. The strain LB400 was cultivated on M9 and M9 mineral medium modified ($NH_4Cl$ 10% w/v) with trace solutions and various carbon sources at 30ºC. The growth was analysed by measuring turbidity at 600 nm and counting colony forming units (CFUs $mL^{-1}$). The maximum specific growth rate (μ) and doubling time ($t_D$) for the strain LB400 in different carbon sources (10 mM) was determined. A concentration of 10 g $L^{-1}$ was used for the accumulation of the polymer. Samples of freeze-dried cells were subjected to propanolysis for quantitative PHA determination. The propyl esters were detected by gas chromatography and mass spectrometry (GC-MS). This study indicates that *Burkholderia xenovorans* LB400 is able produce PHA during growth on different carbon sources.

**Acknowledgment: PhD Fellowship CONICYT (VU), FONDECYT (1110992), USM (131109, 131342), Pie>A (PV, VU), CNBS and CYTED-PRIBOP (MS, MG, VU).**

BTC-49

**Potencial de cepas de *Penicillium* aislados desde las costas de Chile, para la producción de compuestos bioactivos con actividad citotóxica contra líneas celulares de cáncer.**

**Potential of *Penicillium* strains isolated from the coast of Chile, for the production of bioactive compounds with cytotoxic activity against cancer cell lines.**

**Villalobos, A**[1].,Garin, A[1].,Dorador, C[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Centro de Bioinnovación, Instituto Antofagasta & Facultad de Recursos del Mar Universidad de Antofagasta. (Sponsored by Cristina Dorador)

La urgente necesidad de nuevos fármacos para el tratamiento de enfermedades humanas graves como el cáncer ha traído consigo un gran esfuerzo en la búsqueda de hongos que produzcan compuestos con actividad anti-cáncer. Desde ambientes marinos se han descrito recientemente una gran diversidad de hongos marinos, los cuales producen compuestos químicamente diferentes a los ya reportados. El género *Penicillium* es uno de los géneros reportados que posee un alto potencial para producir compuestos bioactivos. En este trabajo se realizó el aislamiento de hongos marinos pertenecientes al género *Penicillium*, desde las costas de Antofagasta y Concepción, los cuales fueron identificados y cultivados a escala de laboratorio para la producción de compuestos bioactivos. Los extractos realizados de los cultivos, usando acetato de etilo, fueron utilizados para realizar un screening inicial con 2 líneas celulares cancerígenas: melanoma (M14) y cáncer de mamas (MCF-7). De un total de 63 aislados analizados, 45 poseían actividad citotóxica contra las líneas celulares mencionadas. Un 69,8% de las cepas de *Penicillium* poseen actividad citotóxica contra la línea celular de melanoma (M14) y un 66,6% contra la línea celular de cáncer de mamas (MCF-7). Estos resultados muestran el alto potencial de las cepas del genero *Penicillium* aisladas desde ambientes marinos, para la producción de compuestos que podrían ser utilizados como nuevos fármacos contra el cáncer.

**Financiamiento: Proyecto Marco Unión Europea FP7 MARINE FUNGI**

BTC-50

**Producción de poli(3-hidroxibutirato) por *Burkholderia xenovorans* LB400 cultivada en diferentes azúcares.**

**Production of poly(3-hydroxybUtyrate) by *Burkholderia xenovorans* LB400 grown on different sugars.**

**Villegas, P**[1].,Urtuvia, Viviana[1].,González , Myriam[1].,Seeger, Michael[1].

[1]Departamento Química Universidad Técnica Federico Santa María.

Los polihidroxialcanoatos (PHA) son polímeros biodegradables que pueden reemplazar a los plásticos convencionales. Según el sustrato administrado y la cepa bacteriana utilizada 150 diferentes monómeros pueden ser producidos. *Burkholderia xenovorans* LB400 es un eficaz degradador de policlorobifenilos y su genoma está secuenciado. *B. xenovorans* LB400 posee los genes para dos rutas catabólicas involucradas en la síntesis de PHAs. El objetivo de este trabajo es caracterizar la producción de poli(3-hidroxibutirato), P(3HB), por *B. xenovorans* LB400 cultivada en glucosa y xilosa bajo condiciones limitantes de nitrógeno. Mediante tinción con Sudan Black B se confirma la producción de PHAs por la cepa LB400. Se realizó microscopia electrónica de células de *B. xenovorans* LB400 cultivadas en xilosa como fuente de carbono. Se observaron gránulos de PHAs en las células y otros cambios morfológicos de la célula. Células de la cepa LB400 crecidas en medio M9 con glucosa o xilosa fueron cosechadas, liofilizadas, sometidas a propanólisis y a una extracción orgánica. Los metabolitos esterificados se analizaron por cromatografía gaseosa acoplado a un espectrómetro de masa (GC-MS). Se determinó la producción de P(3HB) por la cepa LB400 cultivada en glucosa o xilosa en condiciones limitantes de nitrógeno. Se determinaron los parámetros cinéticos, rendimientos, cuantificación del polímero y la biomasa seca. Este estudio demostró que la cepa *B. xenovorans* LB400 podría ser una bacteria alternativa para la producción de P(3HB).

**Agradecimientos: FONDECYT (1110992), USM (131109, 131342), Pie>A (PV, VU), CNBS, CYTED-PRIBOP (MS, MG, VU) y beca Conicyt (VU).**

BTC-51

**Determinación de la capacidad de formación de biopelículas de bacterias aisladas desde sector costero contaminado con hidrocarburos en Antofagasta** .

**Determination of biofilm formation capability of bacteria isolated from hydrocarbon-contaminated shoreline in Antofagasta.**

**Zadjelovic, Vinko**[1].,Dorador, Cristina[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Centro de Bioinnovación, Instituto Antofagasta, Facultad de Recursos del Mar, Universidad De Antofagasta. (Sponsored by Cristina Dorador Ortiz)

Los efectos ambientales de los derrames de hidrocarburos son un problema frecuente que ha llevado al desarrollo de nuevas estrategias para prevenir y mitigar eventos de contaminación. En este estudio se trabajó con 17 aislados bacterianos obtenidos desde la playa “Las Petroleras”, Antofagasta, la cual ha sufrido derrames y filtraciones de hidrocarburos debido a que es un lugar de descarga de combustible. Estas bacterias se aislaron a partir de muestras de agua de mar y sedimento contaminadas con petróleo crudo, las cuales fueron identificadas por secuenciación del gen ribosomal 16S. Algunos de los microorganismos identificados correspondieron a *Microbacterium oxydans, Shewanella algae, Halomonas shengliensis y Microbulbifer hydrolyticus*

La biorremediación mediada por biopelículas se presenta como una alternativa efectiva y segura en comparación al uso de organismos planctónicos, debido a que las células en la biopelícula tienen mejor oportunidad de adaptación y supervivencia a causa de que están protegidos en una matriz. Con el objetivo de desarrollar una estrategia de biorremediación microbiana, se determinó la capacidad de formación de biopelículas y la viabilidad celular frente a fenantreno y naftaleno (Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos) con el fin de que se pueda generar un consorcio degradador de hidrocarburos establecidos como biopelícula. Los resultados indican que *S. algae*es capaz de establecerse como una biopelícula y *M.oxydans* ha mostrado la más alta tolerancia a HAPs de las cepas probadas en este estudio. Se espera poder desarrollar un consorcio microbiano capaz de degradar hidrocarburos basado en la formación de biopelículas.

**Financiamiento: CODEI 5380, Universidad de Antofagasta**

BTC-52

**Producción de etanol por la levadura *Pachysolen tannophilus* CCT1891 bajo la influencia de la concentración de xilosa, tiempo, temperatura y agitación.**

**Dos Santos Rodrigues Da Silva, Crislen Daniele**[1].,Garcia-Cruz, Crispin Humberto[2].

[1]Departamento de Engenharia e Tecnologia de Alimentos, Instituto de Biociências,Letras e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.

[2]Departamento de Engenharia e Tecnologia de Alimentos, Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.

La levadura *Pachysolen tannophilus* produce etanol en algunas mezclas de pentosas y hexosas. El objetivo de este estudio fue evaluar la producción de etanol por Pachysolen tannophilus CCT1891 en un medio sintético a un pH de 5,5, para establecer la correlación entre la concentración de sustrato, tiempo, temperatura y agitación. La levadura se mantuvo en refrigerador a 4°C después de crecer en una estufa a 28°C durante 48 horas en un medio compuesto por 3 g/L de malta, 10 g/L de dextrosa, 3 g/L de extracto de levadura y 5 g/L de peptona, 20 g/L de agar a pH 5,0. El medio sintético para la fermentación (g/L) fue: 50, 100 y 150 g/L de D-xilosa, 5,0 extracto de levadura, 1,0 $KH_2PO_4$, 1,0 $(NH_4)_2SO_4$ y 1,0 $MgSO_4.7H_2O$, con un pH inicial de 5,5. El inóculo se estandarizó y fermentaciones discontinuas se llevaron a cabo en un agitador mantenido a temperaturas de 25, 30 y 35°C durante 24, 48 y 72 horas, con tres tipos de agitación, estática, agitación de 150 rpm después de las primeras 24 horas de fermentación y estática hasta 48 horas y agitación constante de 150 rpm. La concentración de etanol se determinó por el método del dicromato de potasio como descrito por Kaye y Haag (1954). El mejor resultado de etanol en este experimento fue de 92,79 g/ml y se obtuvo con las variables independientes: concentración de 150 g/L de D-xilosa; tiempo de 72 h y temperatura 25ºC sin agitación.

**Sponsored by Cnpq.**

BTC-53

**Expresión de genes antioxidantes en *Botryococcus braunii* en respuesta a la exposición de cobre.**

**Antioxidant gene expression in *Botryococcus braunii* in response to copper exposure.**

**Campusano, Alexis**[1,2].,Miranda, Carol[1,2].,Zapata, Manuel[3].,Gonzalez, Leonel [3].,Riquelme, Carlos [3].,Rivas, Mariella[3].

[1]Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Recursos del Mar, Universidad De Antofagasta.

[2]Laboratorio de Ecologia Microbiana, Facultad de Recursos de Mar, Universidad De Antofagasta.

[3]Laboratorio de Ecología Microbiana Universidad De Antofagasta.

Los elementos traza y metales pesados en alta concentración afectan gran variedad de procesos en plantas y otros vegetales. Una de las principales consecuencias es el aumento en la producción de especies reactivas del oxígeno (ROS), que dañan las membranas celulares, ácidos nucleicos y cloroplastos. La acumulación de ROS puede ser consecuencia del desequilibrio entre su producción y el sistema de actividad antioxidante, compuesto por enzimas antioxidantes. Las microalgas poseen diferente sensibilidad a cobre dependiendo de la especie en estudio, no obstante, la gran mayoría de los estudios sobre estrés oxidativo evalúan solo actividad enzimática, y solo algunos en *Chlamydomonas reinhardtii* evalúan la expresión génica en microalgas en respuesta a cobre. En este estudio se evaluó el crecimiento de *Botryococcus braunii* en presencia de cobre, en fase exponencial, durante 96 horas, determinando la LC50. Se determinaron dos concentraciones a 150ppm y 250 ppm, que inhiben el 50% del crecimiento de la microalga. Otro indicador del estado fisiológico en condiciones de stress para células vegetales se determinó calculando la eficiencia fotosintética (Fv/Fm). Los resultados indican que el estrés oxidativo inducido por cobre aumenta la expresión del gen de la catalasa, mientras que otros se mantienen constantes o inhiben su expresión. Esta expresión diferencial se produce a las 48 horas de exposición y solo en presencia de cobre. La inducción de la expresión es mayor en presencia de 250 ppm.La expresión del gen de la b-tubulina, usado como control endógeno (HKG, housekeeping gen) se mantuvo constante en todas las condiciones analizadas.

Sponsored by CICITEM, LEM, Universidad De Antofagasta, Centro De Bioinnovacion

**Financiamiento: Proyecto Programa Regional de Continiuidad CICITEM**

EMI-1

**Microbiología de la oxidación del azufre en el Salar de Huasco: estudios iniciales**

**Microbiology of sulfur oxidation in Salar de Huasco: initial studies**

**Acosta, E**[1].,Dorador, Cristina [1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional , Facultad de Recursos del Mar , Universidad de Antofagasta.

La diversidad y filogenia de los genes de oxidación de azufre en procariontes ha sido estudiada extensivamente. Se ha reportado que los genes *soxB* y *aprA*, codifican para enzimas que catalizan procesos de oxidación de compuestos azufrados, además de estar ampliamente distribuidos en diversas ramas filogenéticas de *Bacteria* y *Archaea*. Estos genes han sido utilizados como marcadores funcionales de procesos claves del ciclo biogeoquímico del azufre. En este trabajo se realizaron cultivos de enriquecimiento utilizando un medio de cultivo selectivo para bacterias oxidantes de azufre heterótrofas inoculado con muestras de tapetes microbianos provenientes del Salar de Huasco, Altiplano Chileno. Los aislados bacterianos obtenidos fueron posteriormente identificados mediante ensayos de PCR del gen ribosomal 16S, secuenciación y análisis de secuencias. Se realizaron análisis de PCR para verificar la presencia de los genes funcionales (*soxB*/*aprA*) en los aislados obtenidos. De un total de 21 aislados identificados, 1 aislado correspondió a *Firmicutes* y 20 correspondieron a diferentes géneros de *Gammaproteobacteria*. Los aislados obtenidos en este estudio se distribuyen en 7 géneros. El gen *soxB* fue amplificado en 5 aislados, mientras que el gen *aprA* fue amplificado en 1 aislado. Además, se detectaron 9 secuencias relacionadas con el gen *soxB* en el metagenoma de un tapete microbiano del Salar de Huasco. Estudios posteriores determinarán la especificidad de la amplificación de genes funcionales mediante clonamiento. Los resultados de esta investigación sugieren la presencia de procesos microbianos mediando la transformación de compuestos azufrados en éste humedal del altiplano chileno.

**Fondecyt N°1110953; CODEI 5380, Universidad de Antofagasta**

EMI-2

**Localización y acumulación de aluminio en plantas de *Triticum aestivum* L. asociadas a hongos micorrícicos arbusculares.**

**Localization and accumulation of aluminum in *Triticum aestivum* L. plants associated with arbuscular mycorrhizal fungi.**

**Aguilera, P**[1].,Borie, F[1].,Tapia, Constanza[1].,Berríos, D[1].,Cornejo, P[1].

[1]Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Ingeniería, Ciencias y Administración, Universidad De La Frontera.

Los hongos micorícicos arbusculares (MA) poseen un rol importante en la atenuación de la fitotoxicidad por aluminio (Al) mediante la producción de glomalina y la acumulación en los propágulos fúngicos. El objetivo de este trabajo fue determinar la acumulación y localización de Al en raíces y vástagos de plantas de trigo Al-tolerantes en un sistema de dos compartimentos: planta con inóculo (PM) y planta sin inóculo (P). El sustrato inerte fue inoculado con esporas provenientes de dos suelos y sembrado con dos variedades de trigo Al-tolerante una sensible a Al, sobre las que se aplicaron dos dosis de una solución de $AlCl_3$. Este ensayo se mantuvo en cámara de crecimiento con condiciones controladas. La acumulación de Al fue determinada mediante espectrometría de absorción atómica y la localización a través de microscopía confocal. La determinación de Al indicó que existen diferencias significativas asociadas a las variedades de trigo, a la presencia de micorrizas y a las dosis de Al, no así al tipo de inóculo utilizado. Adicionalmente, los contenidos de Al estuvieron mayoritariamente presentes en las raíces, no así en los vástagos. Estos resultados indicarían que la presencia de micorrizas disminuye la traslocación de Al hacia los vástagos de las plantas. La localización mostró que las variedades Al-tolerantes acumulan menos Al en sus raíces respecto de la variedad sensible. Los resultados aquí encontrados nos entregan información básica respecto de la contribución de los hongos MA a las plantas de trigo que crecen en condiciones de fitotoxicidad por Al.

Sponsored by Proyecto FONDECYT 1100642 (F. Borie), Beca CONICYT (21100535

**Financiamiento De Tesis En La Industria (7812110002), Beca De Gastos Operacionales Y Campex Semillas Baer.)**

EMI-3

**Contribución de los hongos micorrícicos arbusculares a las plantas de *Triticum aestivum* L. que crecen en condiciones de fitotoxicidad por aluminio.**

**Arbuscular mycorrhizal fungi contribution to *Triticum aestivum* L. plants growing in aluminum phytotoxicity conditions.**

**Aguilera, P**[1].,Borie, F[1].,Tapia, C[1].,Berríos, D[1].,Cornejo, P[1].

[1]Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Ingeniería, Ciencias y Administración, Universidad De La Frontera.

Los hongos micorícicos arbusculares (MA) modifican las características fisiológicas de las plantas en condiciones de stress ambiental. Este estudio se basó en la evaluación del rol de estos hongos sobre la fitotoxicidad por aluminio (Al) en plantas de trigo, en un sistema de tres compartimentos: planta con inóculo (PM), planta sin inóculo (P) y la hifósfera (H). PM está separado de P por una celda cerrada, mientras que PM está separado de H por una malla de 45 µm que permite el paso de las hifas, no así de las raíces. El sustrato inerte fue inoculado con esporas provenientes de dos suelos y sembrado con tres variedades de trigo, sobre las que se aplicaron dos dosis de una solución de $AlCl_3$. Este ensayo se mantuvo en cámara de crecimiento con condiciones controladas. La determinación de glomalina, una glicoproteína producida por los hongos MA mostró diferencias significativas asociadas a la variedad de trigo, no así entre PM y P o PM y H. Adicionalmente, la densidad de micelio y colonización mostraron diferencias significativas asociadas a los inóculos y, entre las variedades de trigo y los tres compartimentos. La actividad fosfatasa en las raíces mostró diferencia significativa asociada a las variedades de trigo. La biomasa radical y aérea de las plantas mostró diferencias significativas entre las diferentes variables incluidas. Los resultados aquí encontrados nos entregan información básica respecto de la contribución de los hongos MA a las plantas de trigo que crecen en condiciones de fitotoxicidad por Al.

**Financiamiento de Tesis en la Industria (7812110002), Beca de gastos operacionales y Campex Semillas Baer.**

EMI-4

**Caracterización de las actividades enzimáticas y antimicrobianas de los microorganismos aislados de los distintos estadios del desarrollo de *Octopus Mimus*.**

**Characterization of enzymatic and antimicrobial activities of microorganisms isolated from different developmental stages of *Octopús Mimus.***

**Alcayaga, Valezka**[1].,Sepulveda, Cristian[2].,Perez, Jhonattan[2]., Trench, Stephanie [2].,Riquelme, Carlos[3].,Hengst, Martha[3].,Infante, Claudia[3].

[1]Laboratorio de Ecologia Microbiana, Ciencias del mar y recursos biológicos, Universidad De Antofagasta.

[2]Laboratorio Ecologia Microbiana, Ciencias del mar y recursos biológicos, Universidad De Antofagasta.

[3]Centro de bioinnovación, Ciencias del mar y recursos biológicos, Universidad De Antofagasta. (Sponsored by Martha Hengst Lopez)

*Octopus mimus* es, después del gasterópodo *Muricidae Concholepas concholepas*,el recurso bentonico más importante en la pesquería artesanal del norte de Chile. Su explotación se desarrolló a partir de la década de los 80, pasando a ser en la actualidad de relevancia económica y social. *O. mimus* es una especia de reproducción semelpara de ciclo vital corto, cuyas hembras mueren después del periodo reproductivo, aparentemente por causas intrínsecas a la madurez sexual. El desarrollo de esta especie ha sido estudiado previamente y se encontró que existe una alta mortalidad durante el período larval (> 90 %). La diversidad de microorganismos asociados a *O. mimus* ha sido poco estudiada y se desconoce si la alta mortalidad larval se debe a la ocurrencia de patógenos. Resultados previos señalan que la comunidad bacteriana está dominada por los géneros *Vibrio* y *Shewanella* mientras que el análisis por HPLC-MS demuestra que otras bacterias de la comunidad producen compuestos antioxidantes del grupo de los carotenoides. Estos antecedentes indican que la comunidad epibionte de *O. mimus* está compuesta tanto por microorganismos patógenos como por otros que pueden contribuir a su sobrevivencia en estadíos críticos del desarrollo. Hasta ahora no está claro el rol de las bacterias en la mortalidad de las larvas. Para definirlo, se asilaron cepas bacterianas desde diferentes estadíos de crecimiento de *O. mimus* y se determinó la actividad enzimática de la comunidad epibionte, evaluando la actividad agarolítica, celulasa, proteolítica, lipolítica, hemolítica, y DNAsa y la capacidad antimicrobiana de las cepas aisladas contra patógenos marinos.

EMI-5

**Vías metabólicas involucradas en la formación de biopelículas en la bacteria *Cupriavidus metallidurans* MSR33 y su potencial efecto en la biorremediación de Mercurio.**

***Metabolic pathways involved in biofilm formation by Cupriavidus metallidurans MSR33 and their potential effect in mercury bioremediation.***

**Alviz, Pablo**[1].,Rojas, Luis[2].,Nicolas, Guliani[3].,Michael, Seeger[2].

[1]Laboratorio de Comunicación Bacteriana, Departamento de Biología.Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química & Center for Nanotechnology and Systems Biology, Ciencias, Universidad de Chile, Universidad Técnica Federico Santa Maria.

[2]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química & Center for Nanotechnology and Systems Biology Universidad Técnica Federico Santa Maria.

[3]Laboratorio de Comunicación Bacteriana, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Los procesos de biorremediación bacteriana que se han estudiado a escala industrial utilizan diversos modelos de biorreactores que promueven la formación de biopelículas, las cuales son fundamentales para estos procesos. La cepa bacteriana, *Cupriavidus metallidurans* MSR33 ha demostrado ser altamente eficiente en la remoción de especies químicas de Hg(II) en ensayos de laboratorio. Hasta la fecha, no han sido caracterizados los mecanismos moleculares que gobiernan la formación de biopelículas en *C. metallidurans*. El segundo mensajero diguanilato monofosfato cíclico (c-di-GMP) es considerado como un modulador central en este proceso mediando la transición desde un estilo de vida mótil a uno de biopelículas. El análisis bioinformático del genoma de *C. metallidurans* ha permitido identificar 47 marcos de lectura abiertos (ORF) involucrados en el metabolismo de este segundo mensajero, ubicados en el cromosoma (14), en el megaplasmidio (22), en el plasmidio pMOL30 (2) y en el plasmidio pMOL28 (1). El análisis de los contextos genómicos de estos ORFs sugiere que algunos podrían estar involucrados en la formación de biopelículas, como Rmet_2245,Rmet_2247 y Rmet_2262, ubicados en las proximidades de un operón responsable de la síntesis de celulosa. Este análisis ha permitido proponer también la participación de algunos ORFs en funciones de quimiotaxis y de resistencia a mercurio. Actualmente se está realizando un estudio transcriptómico mediante RT-qPCR para determinar los genes de mayor relevancia en la formación de biopelículas en presencia de mercurio y comprender su expresión para poder mejorar este proceso de biorremediación.

**Financiamiento: Beca MECESUP UCH 1107, Proyectos FONDECYT (1120295, 110992) y USM 131342.**

EMI-6

**Isolation and characterization of endophytic and rhizospheric bacteria derived from avocado trees**

**Isolation and characterization of indole acetic acid and 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid deaminase producing endophytic and rhizospheric bacteria derived from avocado trees.**

**Barra, Patricio**[2,1].,Inostroza, Nitza[2].,Jorquera , Milko[2].

[1]Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales Universidad De La Frontera.

[2]Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN) Universidad De La Frontera.

El cultivo de paltas es de gran importancia para la economía nacional, siendo Chile el segundo mayor productor y exportador mundial de paltas, superando las 91.000 toneladas exportadas el año 2012 (ventas sobre USD 140 millones). La superficie plantada con paltos ha aumentado considerablemente desde poco más de 23.000 hectáreas el año 2002 sobre las 35.000 hectáreas el año 2012. Los huerto se ubican principalmente en la región de Valparaíso, afectada tradicionalmente por periodos de sequía (que seguirá aumentando según las estimaciones), conllevando a que sea necesario irrigar vastas áreas, derivando en salinización de suelos. De los cultivos nacionales, el palto (*Persea americana*) es el más sensible a la salinidad, siendo además muy sensible a la sequía. Por esta razón es muy importante encontrar una forma sustentable de aumentar la tolerancia al estrés de paltos, para poder mantener rentable su producción. Inoculación de plantas con bacterias promotoras del crecimiento vegetal, particularmente productoras de la enzima 1-aminocilopropano 1-carboxilato (ACC) deaminasa ha estado siendo investigadas como una alternativa para mitigar el efecto del estrés sobre algunos cultivos. Por tanto, el objetivo de este estudio fue aislar y caracterizar bacterias productoras de ACC-deaminasa desde la rizósfera y endosfera de paltos. Un total de 309 cepas tanto rizosféricas como endófitas fueron aisladas y cultivas en medio DF suplementado con ACC 3mM como única fuente de nitrógeno, bacterias que crecieron en este medio fueron consideradas positivas para la producción de ACC-deaminasa. Un total de 95 cepas producían ACC-deamiansa (20 aisladas desde raíces, 5 desde hojas y 70 desde la rizósfera). El 100% de las rizobacterias y el 93% de las bacterias endófitas productoras de ACC-deaminasa también producían la fitohormona ácido indol acetico en un rango de 1,7-63,2 µg $ml^{-1}$. El gen *acd*S (codificante para la ACC-deaminasa) fue también determinado en las cepas por PCR. Aislar este amplio grupo de bacterias con mecanismos fitoestimuladores, permitirá evaluarlas como inoculantes de paltos para determinar su efecto en la tolerancia del estrés por sequía y salinidad en este frutal.

**Sponsored by Beca Para Gastos Operacionales CONICYT**

EMI-7

**Biomasa microbiana (C y N) en suelo de un bosque templado con intervención antrópica, Centro-Sur de Chile**

**Belezaca, Carlos**[1].,Valenzuela, Eduardo[2].,Godoy, Roberto[3].,Barrientos, Monica[3].,Vidal, Bianca[3].

[1]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Universidad Austral De Chile / Universidad Técnica Estatal de Quevedo.

[2]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Universidad Austral De Chile.

[3]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral De Chile.

Como producto de la deforestación se puede afectar la biomasa microbiana del suelo. Postulamos que intervenciones antrópicas en bosques prístinos del Centro-Sur de Chile (Parque Nacional Puyehue – Osorno), conducen a pérdidas de C y N biomásico (C y N – BM), alterando los ciclos biogeoquímicos del suelo. Se delimitaron tres parcelas de 0,5 $ha^{-1}$: P1 = suelo sin cobertura vegetal, P2 = bosque nativo sometido a manejo (eliminación del sotobosque), y P3 = bosque prístino. Mensualmente desde marzo 2012 a mayo 2013, se colectaron muestras de suelo (0 – 10 cm de profundidad) e irradiaron con microondas (media potencia) durante 30 segundos. El C y N-BM se extrajo con $K_2SO_4$ 0,5 M, y medidos empleando el método de oxidación del $K_2Cr_2O_6$ (600 nm), y reactivo Ninhydrina (570 nm), respectivamente. En el suelo de P1 se determinó los más bajos contenidos mensuales de C y N-BM (1,03 – 6,68 mg C $gss^{-1}$, y 0,003 – 0,014 mg N $gss^{-1}$, respectivamente), revelando pérdidas de hasta 83% de C y 85% de N, frente a P2 y P3, debido probablemente a la eliminación de la cobertura vegetal y consecuente incapacidad de recibir sustratos orgánicos desde el bosque para el desarrollo microbiano. Actividades antrópicas mínimas en el bosque nativo (eliminación del sotobosque) no implicaron cambios en la dinámica del C y N-BM, a diferencia de intervenciones severas que conducen a alteraciones en los ciclos biogeoquímicos, reflejados en pérdidas significativa de C y N-BM edáfica.

**Palabras clave: bosque prístino, ciclos biogeoquímicos.**

EMI-8

**Conformación y caracterización de un consorcio bacteriano degradador de hidrocarburos con potencial aplicación en procesos de biorremediación de petróleo.**

**Conformation and characterization of a degradater hydrocarbon bacterial consortium with potential applications in oil bioremediation.**

**Cárdenas, F**[1].,Águila, Patricia[1].,Rojas, Luis[2].,Bravo, Claudio[1].,Costa, Marcia[1].,Fuentes, Sebastián[1].,Seeger, Michael[1].

[1]Química, Química, Universidad Técnica Federico Santa María.

[2]Química, Químca, Universidad Técnica Federico Santa María.

La contaminación de suelos con hidrocarburos de petróleo es un problema ambiental a nivel mundial. La región de Valparaíso ha sufrido estos eventos de contaminación. Este tipo de contaminación ocurre por los derrames producidos durante la producción, mantenimiento, transporte, almacenamiento y accidentes, produciendo impactos ambientales negativos y representa un riesgo para la salud. La biorremediación es una tecnología atractiva para descontaminar suelos contaminados. Se caracterizaron bacterias aisladas degradadoras de hidrocarburos desde suelos contaminados con petróleo en la desembocadura del río Aconcagua en la región de Valparaíso, Chile. El objetivo de este trabajo fue caracterizar las cepas con potencial para la conformación de un consorcio biodegradador. Los aislados *Acinetobacter* sp. 53, *Acinetobacter* sp. 64, *Pseudomonas* sp. 34, *Pseudomonas* sp. 36 y *Acinetobacter* sp. 78 fueron seleccionados para conformar un consorcio degradador de hidrocarburos y productor de biosurfactante. Se utilizaron cuatro criterios para la conformación de este consorcio, los cuales fueron tasa de crecimiento, tiempo generacional, degradación de hidrocarburos y producción de biosurfactante. Las cepas fueron capaces de crecer en un medio mínimo BHB suplementado con más de un hidrocarburo. La cepa 53 creció en *n*-hexadecano y ciclohexano. La cepa 64 creció en *n*-hexadecano y antraceno. Las cepas 34 y 36 tienen la capacidad de crecer en hidrocarburos aromáticos como naftaleno, fluoreno y fenantreno. La cepa 78 creció en *n*-hexadecano y produjo un biosurfactante. Las cepas se caracterizaron por secuenciación del gen *rpoB* como *Acinetobacter* y por el gen *rpoD* como *Pseudomonas* y mediante microscopia electrónica de barrido se analizó su morfología. Este consorcio se utilizará para la biorremediación de suelos contaminados con petróleo crudo, cuyos resultados se discutirán

**Sponsored by Beca MECESUP FMS1204 (PA), Beca MECESUP FMS1204 (FC)y De Apoyo De Tesis Doctoral Conicyt AT-24110124 (PA), Proyectos Fondecyt 1110992, USM 131342 Y CN&SB**

EMI-9

**Evaluación del efecto de un compuesto antifouling de origen bacteriano sobre las sustancias poliméricas extracelulares (EPS) secretadas por *Nitzschia* sp.**

**Evaluation of the bacterial antifouling compound effect on the extracellular polymeric substances of *Nitzschia sp.***

**Castillo, F**[1].,Hengst, M[2].,Infante, C[1].,Riquelme, C[1].

[1]Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta.

[2]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta.

En el ecosistema marino existen especies de microalgas que secretan sustancias poliméricas extracelulares (EPS), las cuales juegan un rol fundamental en la formación de biopelículas. Estos compuestos facilitan la adherencia de las microalgas a las superficies, permitiendo la interacción simbionte entre bacterias presentes en el ecosistema marino y las células microalgales. La formación de estas biopelículas forma parte de la primera etapa del fenómeno denominado biofouling. La bacteria *Alteromonas* sp. Ni1-LEM tiene un efecto inhibitorio sobre la adherencia de microalgas en superficies sumergidas, sugiriendo que es un candidato adecuado para el control del biofouling; aunque el mecanismo a través del cual ocurre esta inhibición es desconocido. En este trabajo se evaluó el efecto de las sustancias bioactivas antifouling sobre la secreción de EPS de la diatomea *Nitzschia sp.* durante la formación de la biopelícula microalgal. Para esto, se determinó la concentración de EPS totales secretados por las diatomeas co-cultivadas con el compuesto bacteriano durante un período de 10 días. Las microalgas fueron cultivadas en medio f/2, a 20°C, con intensidad lumínica constante de 100 µmol $m^{-2}s^{-1}$. La concentración de EPS se determinó mediante espectrofotometría utilizando la tinción Alcian Blue. Los resultados indican que las concentraciones de EPS varían durante la curva de crecimiento de la microalga. Establecer el efecto de la sustancia con actividad antifouling de la cepa Ni1-LEM sobre la secreción de EPS de las diatomeas, permitirá proponer posibles mecanismos para el control de la formación de la biopelícula microalgal sobre sustratos sumergidos en ambientes acuáticos.

EMI-10

**_Rhodotorula portillonensis_ sp. nov. y _Leucosporidium escuderoi_ sp. nov., dos nuevas especies de levaduras basidiomicetes aisladas desde ambientes marinos Antárticos.**

**_Rhodotorula portillonensis_ sp. nov. and _Leucosporidium escuderoi_ sp. nov., two new basidiomycetous yeasts isolated from Antarctic marine environments.**

**Chávez, Renato**[1].,Vaca, Inmaculada[2].,Laich, Federico[3].

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

[2]Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

[3]Instituto Canario de Investigaciones Agrarias, Santa Cruz de Tenerife , España.

Durante la caracterización de la diversidad de levaduras asociada a ambientes marinos Antárticos, se aislaron dos nuevas especies de levaduras basidiomicetes pertenecientes a los géneros *Rhodotorula* y *Leucosporidium*. En el caso de la nueva especie de *Rhodotorula*, el análisis de secuencias de las regiones D1/D2 de la subunidad grande del ribosoma y de la región 5.8-ITS reveló que esta levadura está cercanamente emparentada con *Rhodotorula pallida* CBS 320$^T$ y *Rhodotorula benthica* CBS 9124$^T$, pudiendo ser distinguida de estas por su capacidad de asimilar varios tipos de azúcares, su sensibilidad a cicloheximida, y una temperatura máxima de crecimiento de 30 ºC. En el caso de la nueva especie de *Leucosporidium*, esta levadura está filogenéticamente emparentada con *Leucosporidium drummii* CBS 11562$^T$, pero se distingue de ella por su capacidad de asimilar L-sorbosa, L-ramnosa, lactosa y ribitol. En conclusión, y basados en características morfológicas, bioquímicas y fisiológicas, así como en análisis filogenéticos, ambas levaduras representan nuevas especies para las que se proponen los nombres *Rhodotorula portillonensis* sp. nov. (=CBS 12733$^T$ =CECT 13081$^T$ ) y *Leucosporidium escuderoi* sp. nov. (=CBS 12734$^T$ =CECT 13080$^T$). Ambas levaduras fueron depositadas en las colecciones de cultivo como cepas tipo de sus respectivas especies.

**Agradecimientos: Proyecto INACH G_06-10, proyecto FONDECYT 11090192, y DICYT-USACH.**

EMI-11

**Aislamiento y caracterización de *Actinobacterias* marinas de la Región de Valparaíso.**

**Isolation and characterization of marine *Actinobacteria* from Valparaíso.**

**Claverías, Fernanda** [1].,Undabarrena, Agustina[1].,González, Myriam [1].,Seeger, Michael [1].,Cámara, Beatriz [1].

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Center for Nanotechnology and Systems Biology & Centro de Biotecnología D Alakalay L. Universidad Técnica Federico Santa María.

El phylum *Actinobacteria*representa una de las unidades taxonómicas de especies identificadas más grandes dentro del dominio *Bacteria*. Este grupo comprende a las bacterias Gram positivo con un alto contenido de G+C. En términos morfológicos, este phylum exhibe una amplia variedad de formas desde cocoides hasta hifas fragmentados y micelios ramificados. También presentan diversas propiedades fisiológicas y metabólicas, tales como la producción de enzimas y la formación de una amplia variedad de metabolitos secundarios. En particular, muchos de estos metabolitos secundarios son potentes antibióticos de gran importancia médica. La búsqueda de nuevas *Actinobacterias* y sus compuestos bioactivos, se ha orientado a los ecosistemas marinos, debido a su biodiversidad mayormente inexplorada. En este contexto, se propuso la búsqueda de *Actinobacterias* en las costas de la Región de Valparaíso, Chile. Para este trabajo se utilizaron distintos procedimientos de aislamiento selectivo de *Actinobacterias*. Esto permitió aislar una diversidad de cepas bacterianas. Se realizó un análisis filogenético del gen que codifica el RNAr 16S de estos aislados. La secuencia parcial del gen RNAr 16S, indicó que el 80% de las 20 cepas seleccionadas pertenecen al phylum *Actinobacteria*. Estos aislados pertenecen a 8 familias distintas: *Corynebacteriaceae, Dermabacteraceae, Dietziaceae, Gordoniaceae*, *Mycobacteriaceae, Nocardiaceae, Pseudonocadiaceae y Streptomycetaceae,* revelando una gran biodiversidad de *Actinobaterias* marinas cultivables. Un análisis genético de estas cepas demostró la presencia de genes implicados en la biosíntesis de compuestos bioactivos. Este estudio refleja la diversidad de *Actinobacterias* cultivables asociados a la Región de Valparaíso y su potencial de producir compuestos de interés biotecnológico.

**Sponsored by Proyectos Fondecyt (11121571, 1110992), PIE>A UTFSM (FC, AU), Beca Doctoral Conicyt (AU) Y USM 131342.**

EMI-12

***Prototheca spp.*: Patógeno aislado en Mastitis Bovina (MB) en Chile.**

**Prototheca spp.: Pathogen isolate from Bovine Mastitis in Chile.**

**Cordero, Ninoska**[1].,Castillo, Eduardo[1].,Troncoso, Miriam[1].,Figueroa, Guillermo[1].,Reyes-Jara, Angélica[1].

[1]Laboratorio de Microbiología y Probióticos, INTA, Universidad De Chile.

**Introducción:** En Chile, la MB es producida principalmente por *Staphylococcus aureus, Escherichia coli* y *Streptococcus uberis* causando importantes pérdidas económicas para la industria lechera y los controles están dirigidos a la erradicación de estos con el uso de antibióticos. Otros microorganismos podrían estar implicados en la MB, por ejemplo, el género *Prototheca*, microalgas unicelulares ambientales que pueden ser patógenas para animales y el hombre. En nuestro medio existen pocos datos sobre el rol de *Prototheca* en las MB, la literatura muestra un solo reporte del 2008 proveniente de la región de Los Lagos. **Objetivo:** El objetivo de este trabajo fue establecer la prevalencia del género *Prototheca spp.* en leche de vacas con MB de dos regiones de Chile. **Metodología:** Se analizó 442 muestras de leche provenientes de predios en la zona central y sur, las muestras fueron sembradas en placas de Agar Sangre y Sabouraud. La identificación de las cepas se hizo según normas (*NMC 2005)***Resultados:** El examen directo y en frotis con tinción de Azul de Metileno, mostró formas compatibles con *Prototheca sp* que se corroboraron con API20C, pruebas de asimilación de hidratos de carbono y PCR. Se aisló *Prototheca spp.* sólo *en* 32 (15%) muestras de la zona central. **Conclusión:** Este es un importante hallazgo para los programas de control de MB en los predios lecheros ya que el factor climático y el ambiente productivo afectarían en la incidencia de este patógeno, y al ser un microorganismo poco frecuente, no responde a tratamientos con antibióticos convencionales.

**Financiamiento: FIA PYT-2013-0030**

EMI-13

**Composición y estructura de las comunidades fotótrofas anoxigénicas presentes en tapetes microbianos en el Salar de Huasco, Chile.**

**Structure and composition community of anoxygenic phototrophic bacteria from microbial mats in the Salar de Huasco, Chile.**

**Cornejo, D**[1].,Hernández, K[2].,Hengst, M[3].,Molina, V[4].,Dorador, C[4].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Centro de Bioinnovación, Instituto Antofagasta, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos , Universidad De Antofagasta.

[2]CIEN Austral Universidad Austral De Chile.

[3]Laboratorio Ecología Microbiana, Centro de Bioinnovación , Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos , Universidad de Antofagasta .

[4]Laboratorio de Biología Marina Universidad Andrés Bello. (Sponsored by Cristina Inés Dorador Ortiz)

El Salar de Huasco se encuentra a 3800 msnm en la zona altoandina de la región de Tarapacá, es un cuerpo evaporítico-endorreico de alta singularidad ecológica y donde es común encontrar tapetes microbianos. Las bacterias fotótrofas anoxigénicas han sido poco estudiadas en los ecosistemas andinos y poco se conoce sobre su diversidad y composición en los tapetes microbianos. La mayoría de los estudios se han basado en estimaciones sobre el número de bacterias, caracterización de cultivos puros y características bioquímicas. En este trabajo se estudió la composición de comunidades de bacterias fotótrofas mediante pirosecuenciación del gen 16S ARNr y en especial se estudió la estructura de las bacterias fotótrofas anoxigénicas utilizando el gen funcional *bchY*. Estos tapetes están compuestos generalmente por 3 capas pigmentadas, una capa superficial de color rosáceo, seguido por una delgada capa verde, la cual a su vez cubren un sedimento negro reducido. Se analizaron un total de 173.523 secuencias, encontrándose que a pesar de las diferencias al interior de la comunidad fototrófica anoxigénica de cada capa, se observó predominio de OTUs (Operational Taxonomic Units) relacionadas con organismos de la clase Sphingomonodales (α-Proteobacteria), que poseen bacterias fotótrofas anoxigénicas aerobias, como también se detectó predominio de OTUs relacionadas con organismos del filo Chloroflexi. Utilizando análisis de T-RFLP del gen *bchY* como marcador molecular, se encontró variaciones en la diversidad en un gradiente de profundidad y de oxígeno del tapete microbiano, caracterizado por la alta diversidad de bacterias fotótrofas anoxigénicas en capas profundas del tapete.

**Fondecyt N°1110953; CODEI 5380, Universidad de Antofagasta**

EMI-14

**La radiación solar como factor modulador en la dinámica de comunidades fotótrofas anoxigénicas en el Salar de Huasco, Chile.**

**Solar radiation as a modulator factor in the dynamic of anoxygenic phototrophic bacteria communities in Salar de Huasco, Chile.**

**Cornejo, D**[1].,Hernandez, K[2].,Hengst, M[3].,Molina, V[4].,Dorador, C[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos biológicos, Universidad De Antofagasta.

[2]CIEN Austral, Centro de investigación Universidad Austral De Chile.

[3]Laboratorio de Ecología Microbiana, Centro de Bioinnovación, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos biológicos, Universidad De Antofagasta.

[4]Laboratorio de Biología Marina Universidad Andrés Bello. (Sponsored by Cristina Inés Dorador Ortiz)

La radiación solar ultravioleta alcanza valores altos en el Altiplano Chileno, considerando el incremento natural del flujo de la radiación UV con la altura (>1100 W/m2), lo cual tendría como consecuencia un efecto en los ambientes acuáticos debido, además, a la alta transparencia del agua de estos ecosistemas.

Estudios anteriores han evaluado los efectos de la radiación UV en diversos sistemas acuáticos, especialmente sobre eucariontes y ciertos procariontes. Sin embargo, hay poca información acerca del impacto de la radiación UV en la composición de la comunidad en bacterias fotótrofas, y más aún en bacterias fotótrofas anoxigénicas.

El propósito de este estudio es determinar las posibles alteraciones en la composición de la comunidad fototrófica anoxigénica mediada por la radiación solar. Se analizaron 12 muestras bajo diferentes tratamientos de radiación, realizándose experimentos que consideraron el uso de distintos filtros (UV-B; UV-A; PAR) in situ.

Mediante el análisis de datos de la comunidad por medio de NMDS y de análisis de clúster basado en una matriz de disimilitud obtenida de perfiles de T-RFLP del gen funcional *bchY*, se observó 2 factores determinantes de los cambios en la comunidad, donde (1) existen diferencias significativas en las comunidades fotótrofas en un ciclo diario de radiación y en (2) el factor de calidad de luz, donde las comunidades fotótrofas anoxigénicas mostraron una respuesta diferencial a las distintas longitudes de onda que fueron determinadas tanto por la presencia de OTUs exclusivas y otras OTUs dominantes que cambiaban por cada tratamiento.

**Fondecyt N°1110953; CODEI 5380, Universidad de Antofagasta**

EMI-15

**Aislamiento de *Streptomyces* productores de compuestos bioactivos desde el Salar de Huasco.**

**Isolation of *Streptomyces* producers of bioactive compounds from El Salar de Huasco.**

**Cortés, C**[1].,Dorador, C[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Centro de Bioinnovación, Instituto Antofagasta, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta.

El Salar de Huasco, está ubicado en el Altiplano Chileno del Desierto de Atacama, a una altura de 3800 m.s.n.m. Este ecosistema posee condiciones de salinidad que van desde aguas dulces, hasta aguas salinas saturadas, y es además considerado un sistema atalosohalino. Las condiciones predominantes en el Altiplano incluyen las bajas temperaturas, baja presión atmosférica, alta radiación solar, alta variabilidad climática y balance hídrico negativo. Estas condiciones influirían fuertemente en la dinámica y diversidad de las comunidades microbianas existentes en este Salar. Estudios previos han logrado aislar, identificar y caracterizar nuevas cepas de *Streptomyces* desde otros Salares y suelos híper-áridos del Desierto de Atacama, demostrando que estas cepas tienen un gran potencial como productores de nuevos compuestos bioactivos. En este trabajo se analizó la diversidad cultivable de *Streptomyces* en el Salar de Huasco. Hasta la fecha se han aislado e identificado 20 cepas correspondientes a este género (mediante análisis del gen ribosomal 16S), con características fenotípicas diversas, de las cuales 13 de ellas presentaron resultados positivos al evaluar la presencia de Péptido Sintetasas No-ribosomales (NRPS), consideradas claves para la producción de compuestos bioactivos. Además, el extracto celular de una de ellas (cepa H6ST28), fue evaluado para determinar su potencial antiproliferativo frente a células MDCK, mostrando una disminución de la proliferación aproximada de 82,8% en relación al grupo no tratado, a la concentración máxima de 60 µg/ml. Este estudio es uno de los pioneros en determinar la diversidad cultivable de *Streptomyces* en un salar de altura del norte de Chile.

EMI-16

**Aislamiento de bacterias termófilas etanol tolerantes, desde el Campo Geotermal El Tatio: Posibles microorganismos para una nueva estrategia de producción de bioetanol.**

**Isolation of ethanol-tolerant thermophilic bacteria from The Geysers El Tatio Geothermal Field: Possible microorganisms to new strategy for bioethanol production.**

**Cortes, J**[1].,Valenzuela, Bernardita[1].,García, Jonathan[2].,Zamorano, Pedro[2].

[1]Área de la Salud , Ciencia biologicas, Universidad de Antofagasta.

[2]Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta, Universidad De Antofagasta.

La sustentabilidad energética a nivel mundial hoy depende ampliamente de los combustibles fósiles, los cuales tienen el inconveniente de no ser renovables y contribuyendo además al calentamiento global, debido a estos problemas es que en los últimos años se ha masificado la búsqueda hee investigación de nuevas fuentes de combustibles verdes; una de estas estrategias son los biocombustibles. El desarrollo de una nueva estrategia que busca la combinación de los tiempos de fermentación y destilación necesita de microorganismos capaces de proliferar a altas temperaturas y además de fermentar materias primas. Nuestro grupo presenta 2 set de microorganismos termófilos, aislados desde la cuenca geotermal de El Tatio con capacidad de proliferar en presencia de etanol. El primer set, son distintos representantes del grupo Anoxybacillus spp. Con capacidad de proliferar con temperatura óptima de 60°C y una etanol tolerancia máxima entre 3 a 4%v/v. El segundo set corresponde a microorganismos no clasificados, con crecimiento óptimo a 80°C y con etanol tolerancia máxima probada hasta el momento de 3%. Actualmente se trabaja en las curvas de etanol tolerancia y extracción de ADN genómico para análisis filogenéticos de las cepas faltantes. Los resultados sugieren que contamos con bacterias termófilas etanol tolerantes a 3-4%v/v, que podrían ser utilizadas en procesos de producción de bioetanol, en sistemas continuos de bajo gasto energético, incluso en la utilización de biomasa de segunda generación para la obtención del biocombustibles.

EMI-17

**Composición de la comunidad bacteriana en suelos invadidos por *Eschscholzia californica.***

**Composition of the bacterial community in soils invaded by *Eschscholzia californica.***

**De Armas, Merly**[1].,Pizarro, Marjorie[1].,Orlando, Julieta[1].,Carú, Margarita[1].

[1]Ecología, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile.

*Eschscholzia californica* es una planta invasora ampliamente distribuida en Chile, aunque existe poca información del impacto de la misma sobre la microbiota del suelo. Resultados anteriores de nuestro laboratorio indican que la invasión por *E. californica* aumenta el pH y el contenido hídrico del suelo provocando cambios en la diversidad funcional (CLPP) sin alterar la diversidad genética (T-RFLP). Teniendo en cuenta estos resultados se abordó el impacto de la planta en la composición bacteriana del suelo. Para ello, se construyeron genotecas (en triplicado) a partir de muestras de suelos invadidos y no invadidos usando el marcador molecular rDNA 16S. Con el objetivo de secuenciar clones representativos de cada condición, primero se realizó un análisis de RFLP (Polimorfismo en la Longitud de los Fragmentos de Restricción) de cada clon. Se obtuvieron 912 perfiles, agrupados en 450 OTUs (unidades taxonómicas operacionales), de éstas el 30% y 38% se encontraron exclusivamente en suelos invadidos y no invadidos, respectivamente. El 32% restante son OTUs presentes en ambos suelos. El análisis posterior de los clones secuenciados mostró que la planta, a nivel de phylum, no afecta la riqueza de la comunidad bacteriana, aunque se observaron cambios menores en la abundancia de algunos grupos, como las β-Proteobacterias, las cuales son menos abundantes en suelos invadidos.

**Fondecyt 3110140.**

EMI-18

**Análisis metagenómico de microorganismos autótrofos crecidos en presencia de arsénico obtenidos de sedimentos del Salar de Ascotán**

**Metagenomic analysis of autotrophic microorganisms grown in the presence of arsenic obtained from sediments of Salar de Ascotán**

**Echeverría, Alex**[1].,Escudero, Lorena[2].,Bijman, Jonathan[1].,Zenis, Camilo[1].,Demergasso, Cecilia[1].

[1]Centro de Biotecnología Universidad Católica del Norte.

[2]CICITEM Universidad Católica Del Norte.

De manera de describir el ciclo biogeoquímico del As en el Salar de Ascotán, (norte de Chile), se hicieron enriquecimientos microbianos anaeróbicos utilizando $H_2$ como dador de electrones y As V como aceptor. Se extrajo ADN para secuenciar el metagenoma utilizando la tecnología 454-GS Junior de Roche.

La predicción de los genes 16S-rRNA y asignación taxonómica con las bases de datos GreenGenes, RDP y Silva SSU, utilizando un cluster de computadores, reveló la predominancia de los géneros *Nitrincola* (Oceanospirillaceae) y *Marinobacter.*

La comparación de los reads mediante MG-RAST con los genomas de *Marinobacter aquaeolei* VT8 mostró tres contigs que cubren 1220 genes y 53 contigs que cubren 718 para *Neptuniibacter caesariensis* (3584) (Oceanospirillaceae), con e-values promedio de 1e-32 y 1e-26 respectivamente. Se debe tener en cuenta que no existen aún genomas disponibles del género *Nitrincola*.

Estas secuencias se podaron, filtraron y ensamblaron mediante GS DeNovo Assembler un total de 2286 contigs. Por otro lado, se construyó una base de datos local seleccionando sólo genes con confirmación bioquímica, asociados al metabolismo de As. Mediante BLAST-p local contra esta base de datos, se encontraron 7 genes asociados al As, tanto individualmente, como organizados en operones, en 14 contigs.

Se detectaron además dos diferentes ArsC: i) Relacionado con la enzima monodimérica con 3 Cys con mecanismo de reducción acoplado a la ruta de la tioredoxina. ii) relacionada con la enzima monomérica de una Cys acoplada a ruta redox del mycothiol/ mycoredoxin. Se evidencian también genes potencialmente involucrados en respuestas inespecíficas al arsénico.

EMI-19

**Efecto en la estructura comunitaria bacteriana a adiciones artificiales de amonio, en fiordos impactados por Salmonicultura.**

**Effects of artificial ammonium additions upon microbial community composition in Salmon-farms impacted fjords.**

**Elizondo, M**[1].,Olsen, Lasse[2].,Hernández, Klaudia[3].,Molina, Verónica[1,4].

[1]Laboratorio de Biología Marina, Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

[2]Departamento de Biología, Facultad de Biología, Universidad de Noruego de Ciencia y Tecnología.

[3]CIEN Austral, Instituto de Acuicultura, Universidad Austral De Chile.[4]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de la Educación.

Los microorganismos son esenciales para mantener la salud ecosistémica, por lo que alteraciones en la estructura comunitaria microbiana podrían repercutir en la degradación del ecosistema. Actividades antropogénicas como el cultivo de salmónidos generan un impacto en el reciclaje de nutrientes de sistemas acuáticos, debido a la alimentación y excreción que producen un sobre-enriquecimiento alterando la relación N:P (16:1). Este estudio abordó el efecto potencial del amonio sobre la comunidad bacteriana, utilizando el gen 16S ribosomal (secuenciación masiva desde el DNA), experimentalmente sometida a un enriquecimiento con amonio desde los 0,3 a 4,7 $\mu molNH_4^+L^{-1}d^{-1}$ simulando uno de los aportes de la salmonicultura. Las incubaciones se realizaron en 5 mesocosmos con 1000 L de agua salobre del Fiordo de Comau, Chile, durante 22 días, complementándose el análisis genómico con un seguimiento de nutrientes y biomasa fitoplanctónica. Los resultados indican grandes variaciones en la riqueza (84 a 6 unidades operacionales taxonómicas) y diversidad (2,63 a 0,38, H,´ índice de Shannon) hacia el final de la incubación particularmente en los mesocosmos enriquecidos con amonio, donde además aumentó la acumulación de nutrientes y clorofila. La estructura de la comunidad bacteriana fue similar (70%) entre tratamientos con mínima adición y el control predominando cianobacterias, y entre los tratamientos con adiciones > 1,2 $\mu molNH_4^+L^{-1}d^{-1}$, donde contribuyen bacterias sulfitoreductoras. Estos resultados indican que la estructura comunitaria bacteriana del Fiordo de Comau es sensible a cambios en la concentración de amonio, provocando una gran disminución en la riqueza, diversidad y alterando las vías de reciclaje del nitrógeno.

EMI-20

**Aislamiento e identificación de levaduras halotolerantes desde el Salar de Huasco, Altiplano Chileno.**

**Halotolerant yeast isolation and identification from Salar de Huasco, Chilean Altiplano**

**Fuentes, Gonzalo**[1].,Dorador, Cristina[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta. (Sponsored by Cristina Inés Dorador Ortiz)

El Salar de Huasco es un ecosistema atalosohalino, ubicado a 3850 msnm, en la Región de Tarapacá, Chile. La zona altiplánica presenta alta radiación solar y temperaturas con amplia fluctuación, las cuales determinan las comunidades biológicas asociadas a los ecosistemas acuáticos. Este salar presenta concentraciones salinas variables, desde agua dulce hasta saturación. Se ha reportado frecuentemente la presencia de levaduras halotolerantes desde salinas marinas (dominadas por NaCl), sin embargo, existen escasos estudios sobre levaduras que habitan ambientes acuáticos continentales como los salares. Debido a las características particulares de este ambiente, es de esperar que los hongos obtenidos puedan ser utilizados para aplicaciones tanto industriales como médicas (compuestos bioactivos). El objetivo de este trabajo fue analizar la diversidad cultivable de levaduras y estudiar su tolerancia a la salinidad. Para ello se obtuvieron muestras de tapetes microbianos del Salar de Huasco y se enriquecieron en medio de cultivo WSP a 0 y 1% de NaCl. Se han aislado hasta la fecha tres cepas de levaduras, correspondiente a los géneros *Rhodotorula*, *Dioszegia* y *Cryptococcus*, presentando pigmentación de color rosado, naranja y blanco, respectivamente. Ensayos de tolerancia a la salinidad con diferentes concentraciones de NaCl, han mostrado que *Rhodotorula*, es capaz de tolerar desde 0% hasta 10% de NaCl. Estas diferentes concentraciones podrían inducir la producción de metabolitos secundarios que podrán ser usados como compuestos bioactivos. Estos resultados, permiten ampliar el análisis de levaduras en sistemas acuáticos continentales, permitiendo la búsqueda, aislamiento y descripción de nuevos hongos en ambientes poco explorados.

**Financiamiento: Fondecyt Nº1110953**

EMI-21

**Efecto de *Escherichia coli* sobre la diversidad metabólica y genética de comunidades bacterianas de lago oligotrófico frío.**

**Effect of *Escherichia coli* on metabolic and genetic diversity of bacterial communities of cold oligotrophic lake.**

Aguayo, Paulina[1,3].,Hernandez, Evelyn[2].,Gonzalez, Carlos.,Barra, Ricardo[3].,Becerra, Jose[4].,Martinez, Miguel.,**Gonzalez, Paulina**.,

[1]microbiologia, Cs. Biologicas, universidad de concepcion.

[2]Microbiologia, Cs. Bilogicas, Universidad de Concepcion.

[3]Centro EULA-Chile Universidad de Concepcion.

[4]Fitoquimica, Cs. Naturales y oceanograficas, Universidad de Concepcion.

Lagos oligotróficos fríos con temperaturas inferiores a 10°C y frecuentes oscilaciones de sus parámetros físico químicos, poseen una diversidad bacteriana con una flexibilidad metabólica que permite tolerar estas variaciones, incluyendo la entrada de nutrientes o compuestos tóxicos. Por otra parte, la sobrevivencia de bacterias alóctonas en sistemas acuáticos prístinos, está influenciada por factores bióticos y abióticos pero su incorporación puede aportar nuevas propiedades fisiológicas y modificar las propiedades de las comunidades bacterianas. Se estudió en microcosmos de agua y sedimento del lago Las Torres, ubicado en la Patagonia chilena, el efecto de la incorporación de *Escherichia coli* FT-17, nitrógeno (30µgL$^{-1}$) y fósforo (30µgL$^{-1}$). Se evaluó su influencia sobre la diversidad metabólica mediante el sistema BiologEcoplate™, su diversidad genética por DGGE y se estimó el recuento de células viables en agar R2A y de *E.coli* en agar cromogénico. Los resultados indican que el lago Las Torres posee valores de bacterias recuperables en cultivo de 1.0X10$^3$ UFC/mL con presencia de *E.coli* en su sedimento (1x10$^2$ UFC/mL). Se demostró que *E.coli* FT-17 sobrevivió durante 20 días en los microcosmos del lago (agua o sedimento) pero sin un incremento de su densidad celular en ninguna condición ensayada. Además, su presencia no modificó la diversidad metabólica ni genética. Probablemente debido a que *E.coli* FT-17 no fue capaz de crecer en las condiciones de temperatura y nutrientes que presenta el Lago Las Torres.

**Financiado proyecto Fondecyt 1100462**

EMI-22

**Inducción de la dormancia metabólica por condiciones de inanición de carbono y temperatura en un bacilo gram Negativo aislado desde la Patagonia**

**Induction of metabolic dormancy by carbon starvation and temperature conditions in a Gram negative bacilli isolated from Patagonia**

**Guerra, Matias**[1].,Pavez, Pamela[1].,Gonzalez, Carlos[1].,Martinez, Miguel[1].

[1]Departamento de Microbiologia, Faculdad de Ciencias Biologicas, Universidad De Concepción.

La dormancia bacteriana es un estado con baja actividad metabólica, que puede ser inducida por temperatura ó limitación de nutrientes. Esta condición permite que una fracción de la población bacteriana sobreviva en ambientes riguros. Se evaluó en un bacilo Gram Negativo aislado desde un lago patagónico y *Escherichia coli* HB101 como control, si la inanición de carbono y temperaturas cercanas al punto de congelamiento del agua, modifican la proporción de células en dormancia. Para ello las células se incubaron a 30°C y 4°C durante 20 días en inanición de carbono, y se determinó por citometria de flujo (20.000 eventos) la actividad metabólica mediante un marcador de actividad reductasa e integridad de membrana, utilizando el kit Green Vitality (Invitriogen). En caldo R2A se avaluó la recuperación de la proporción considerada inactiva, determinado por citometria de flujo, la actividad reductasa y la integridad de membrana. Los resultados indicaron que luego de 20 días en inanición de carbono, las células en dormancia, con baja actividad metabólica y membrana integra, aumentaron su proporción de un 11 a un 78% al ser incubadas a 30°C. En cambio a 4°C, el incremento fue desde 11 a 33 % de dormantes y se determino que en esta condición, una proporción (40%) de bacterias consideradas con membrana dañada pueden recuperarse. Se sugiere que el efecto de la inanición sería menor a 4ºC que a 30ºC probablemente como consecuencia que en esta condición térmica, se atenúan los efectos dañinos ocasionados por la inanición de carbono.

**Financiado FONDECYT 1100462**

EMI-23

**Identificación y caracterización de la microbiota intestinal de *Apis mellifera* obtenidas de la Zona Central de Chile.**

**Identification and characterization of the intestinal microbiota of *Apis mellifera* obtained from the central zone of Chile.**

**Henríquez, P**[1].,Aldea, Patricia[2].,Trombert, Annette[3].

[1]Escuela de Medicina Veterinaria Universidad Mayor.

[2]Centro para el Emprendimiento Apícola de la Universidad Mayor (CEAPIMAYOR) Universidad Mayor.

[3]Centro de Genómica y Bioinformática Universidad Mayor Universidad Mayor.

**Introducción:** La abeja (*Apis mellifera*), agente polinizador más importante en la agricultura, es clave en el abastecimiento de alimentos para la población humana. La pérdida creciente de colmenas a nivel mundial se ha traducido en una búsqueda de posibles medidas de mitigación. Los probióticos, conformados principalmente por bacterias ác. lácticas (BAL) del género *Lactobacillus* y *Lactococcus,* han sido de interés para la industria apícola por la capacidad de generación de antimicrobianos que tienen algunos de sus miembros. De hecho, la microbiota digestiva de la abeja contiene BAL que son adquiridas a través de la flora y que se transfieren por trofolaxis. En Chile, el 46% de la flora continental es endémica, pudiendo existir especies de BAL particulares con distintas capacidades antimicrobianas que podrían aplicarse como un nuevo alimento funcional. **Objetivo General:** Obtener BAL de la microbiota intestinal de abejas de la zona central de Chile y estudiar sus propiedades antimicrobianas. **Metodología:** El contenido intestinal de las abejas fue colectado y cultivado en agar MRS. El 16S rDNA de cada bacteria obtenida fue secuenciado y analizado en bases de datos para su identificación y análisis filogenético. **Resultados:** Se logró aislar e identificar *Lactobacillus kunkeei.* Las diferentes cepas mostraron actividad antimicrobiana contra bacterias Gram (+) y Gram (-). Todas mostraron resistencia a vancomicina, amikacina y gentamicina. **Conclusiones:** El tracto intestinal de *Apis mellifera* de la zona central de Chile contiene *Lactobacillus kunkeei* y las cepas obtenidas tienen propiedades antimicrobianas que las hacen susceptibles a ser utilizadas como probióticos en la industria apícola.

EMI-24

**Selección de levaduras para la remediación de 2,4,6-trinitrotolueno (TNT)**

**Selection of yeasts for the remediation of 2,4,6-trinitrotoluene (TNT)**

**Ramirez, Pablo**[1].,Peceros, Mesalina[1].,Durán, Yerson[1].,De La Cruz, Fernando[1].

[1]Microbiología y Parasitología, Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

El TNT es compuesto recalcitrante debido a la ubicación simétrica de los grupos nitro en el anillo aromático que influye negativamente en su biodegradabilidad, además es mutagénico, carcinogénico y tóxico. El objetivo del estudio fue seleccionar levaduras que crezcan en TNT con única fuente de nitrógeno. De un total de 29 cepas se seleccionaron cultivándolas en medio mínimo con 50 ppm de TNT. Posteriormente se evaluó su crecimiento en TNT a concentraciones crecientes (100, 200, 400, 600, y 1000 ppm). El efecto del TNT sobre la morfología celular se determinó por microscopía electrónica de barrido. La identificación molecular se realizó mediante la amplificación por PCR y secuenciación del D1/D2 del gen rRNA26S. Del total de cepas evaluadas cuatro mostraron elevada tolerancia al TNT (1500 ppm). Asimismo, se observó la aparición del color rojo-naranja, que indica la formación del subproducto complejo Meisenheimer, de la vía de mineralización total del TNT. Las cuatro cepas desarrollaron pseudohifas solo cuando se crecieron en presencia de TNT. Se identificaron como *Candida orthopsilosis* 8TS-500Z, *Candida maltosa* MD3-S1, *Candida maltosa* MD10-A1 y *Debaryomyces hansenii* MD10-A3.

**Palabras clave: TNT, biorremediación, Levaduras, *Candida*, *Debaryomyces***

**Fuente de financiamiento:UNMSM-VRI-131001161**

EMI-25

***Listeria monocytogenes:* un peligro biológico recurrente en la industria alimentaria.**

**Listeria monocytogenes: a recurring biohazard in the food industry.**

**Saludes, María José**[1].,Troncoso, Miriam[1].,Reyes, Angélica[1].,Figueroa, Guillermo[1].

[1]Laboratorio Microbiología y Probióticos , INTA, Universidad de Chile.

**Introducción:** Las plantas procesadoras de alimentos deben prevenir la contaminación de sus productos con *L. monocytogenes*. La persistencia de este patógeno en el ambiente es favorecida por su capacidad de formar biofilms, multiplicarse a bajas temperaturas y pH y, tolerar altas concentraciones de sal y desinfectantes. **Objetivo**: Evaluar la presencia de *L. monocytogenes* en matrices alimentarias y en el ambiente de su respectiva planta de proceso. **Metodología**: En el periodo 2008-2012, se evaluó la presencia de *L. monocytogenes* en 334 alimentos, 448 superficies y 92 equipos de 6 plantas elaboradoras. Las matrices correspondieron a 179 mariscos, 108 helados, 31 cecinas, 15 quesos (7 de una planta y 8 de otra) y 1 fruta. Los aislados de 3 plantas fueron caracterizadas mediante PFGE y para un subgrupo se analizó la capacidad de formar *biofilm.* **Resultados**: *L. monocytogenes* se aisló en 26 muestras de alimentos (8.3%) y 22 ambientales (4.1%). Todos los aislados de superficies demostraron capacidad de formar *biofilm.* En la planta de helados el PFGE, mostró un perfil único con 100% de similitud entre las cepas de superficies y las del producto; en la planta de duraznos se observó80% de similitud entre las cepas y en la planta de quesos se evidenció un perfil único para los aislados de productos y otro para los de superficies. **Conclusión**: La presencia de *L. monocytogenes* en diferentes matrices, equipos y superficies, refuerzan la necesidad de que las empresas apliquen los pre-requisitos y el sistema HACCP para prevenir la contaminación por este patógeno.

EMI-26

**Composición de la comunidad bacteriana en el océano ártico.**

**Bacterial Community structure in the Artic Ocean**

**Sanhueza, Cynthia**[1,2].,Polz, Martin[3].,Snoeijs, Pauline[4].,Díez, Beatriz[1].

[1]Genética molecular y microbiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile.

[2]Bioquímica y Biología Molecular, Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

[3]Department of Civil and Environmental Engineering Massachusetts Institute of Technology.

[4]Department of Ecology, Environment and Plant Sciences Stockholm University. (Sponsored by Pontificia Universidad Católica De Chile, Instituto Antártico Chileno)

El estudio de los microorganismos marinos polares contribuye a entender los procesos ecológicos y el impacto del cambio climático en estos ambientes. Por ello, es importante determinar las variaciones en estas comunidades microbianas tanto en el espacio, como en el tiempo. En este estudio hemos caracterizado y comparado la composición de la comunidad bacteriana presente en el Océano Ártico en muestras colectadas durante los años 2002, 2005 y 2012. La diversidad y patrones de distribución de los genes 16S rRNA de la comunidad bacteriana fue analizada mediante secuenciación masiva con tecnología Illumina. Nuestros resultados combinan por primera vez el estudio de muestras obtenidas en diferentes ambientes marinos (hielo, salmuera y agua) en aguas cubiertas y no cubiertas de hielo, demostrando la ubicuidad en el espacio y tiempo de grupos de bacterias como las Proteobacterias y Bacteroidetes. De las anteriores, las gamma-proteobacteria (Oceanospirales, Alteromonadales, Methylococcales) presentaron mayor abundancia relativa, seguidas de las alfa-proteobacterias (Rhodospirillales, Rickettsiales, Rhizobiales y Sphingomonadales). Las beta-proteobacterias están mejor representadas en las muestras de salmuera. Por otro lado, miembros del phylum Bacteroidetes pertenecientes a Flavobacteriales y Sphingobacteriles con géneros ya descritos para estos ambientes como *Polaribacter* y *Psycroflexus* fueron bien representados tanto en agua marina como en el hielo. Estos resultados demuestran la necesidad de explorar en detalle la función y relevancia en la cadena trófica de estos grupos de bacterias ubicuos en este sistema polar aún tan poco explorado, para entender su ecología y el impacto que el cambio climático está teniendo sobre ellos y sus ambientes.

**Financiamiento: Proyecto INACH 15-10, MISTI MIT-PUC, INACH 01-12.**

EMI-27

**Microbioma epibionte asociado al mucus de *Octopus mimus* (Gould, 1852): Primera barrera inmunitaria.**

**Epibiont microbiome associated to the mucus of *Octopus mimus* (Gould, 1852): First immunity barrier.**

**Sepúlveda, Cristian**[1].,Trench, Stephanie[1].,Infante, Claudia[1].,Lody, Mario[2].,Riquelme, Carlos[1].,Hengst, Martha B[1].

[1]Centro de Bioinnovación, Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta.

[2]Centro de Bioinnovación, Laboratorio de Recirculación Larval, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta.

*Octopus mimus* corresponde a un recurso bentónico distribuido desde las costas del Perú hasta el norte de Chile, siendo de gran demanda en mercados internacionales. Además de su distribución, ha sido caracterizado su ciclo de vida y diversos estudios sobre parámetros físico-químicos influyentes en su crecimiento y reproducción en cautiverio. Sin embargo, hasta la fecha no existen trabajos microbiológicos asociados a investigar la alta tasa de mortalidad de las larvas al eclosionar los huevos de única postura. La importancia del microbioma epibionte asociado a invertebrados marinos y sus interacciones llevan a postular un posible mecanismo de profilaxis efectuado por los microorganismos asociados al mucus de *Octopus mimus* en sus distintos estadíos de desarrollo, teniendo como primer objetivo conocer la diversidad bacteriana desde éstos, en muestras ambientales y de hatchery, y posteriormente identificar las especies allí presentes, permitiendo establecer una relación entre sus funciones descritas y el rol a cumplir como microbiota asociada de *O. mimus*. Los aislados fueron obtenidos en distintos medios de cultivo para recuperar una mayor diversidad, obteniendo un total de 98 aislados: 34 cepas desde huevos, 11 de paralarvas y 53 de mucus de adultos. Los resultados del análisis del gen 16S rRNA mostraron que el microbioma bacteriano está representado por 53 especies, con *Shewanella* y *Vibrio* como géneros dominantes, siendo este último un género reconocido por su patogenicidad; sin embargo existen antecedentes de su relación con organismos como peces e invertebrados marinos, donde ésta resulta benéfica y necesaria en algunos casos incluso para aumentar la supervivencia.

**Financiamiento: Proyectos CODEI-UA 5388 y FICR4608.**

EMI-28

**Diversidad de bacterias fotótrofas anoxigénicas en tapetes microbianos de Salares del Norte de Chile: clado NOR5/OM60.**

**Anoxygenic phototrophic bacterial diversity in microbial mats of aquatic systems in the Chilean Altiplano: NOR5/OM60 clade.**

**Serrano, M**[1].,Dorador, Cristina[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Centro de Bioinnovación, Instituto Antofagasta , Recursos del Mar, Universidad De Antofagasta. (Sponsored by Cristina Dorador)

Los tapetes microbianos establecen complejas interacciones entre miembros de comunidades de microorganismos que se estratifican en profundidad, las cuales incluyen el desarrollo de bacterias fotosintéticas oxigénicas y anoxigénicas que contienen distintos pigmentos (Cyanobacteria, bacterias púrpuras y verdes del azufre, entre otras). Los tapetes microbianos se pueden encontrar en ambientes extremos como humedales hipersalinos (salares). La mayoría de las bacterias fotótrofas anoxigénicas aeróbicas (AAPB) descritas han sido afiliadas a Alphaproteobacteria. Sin embargo, recientemente se han descrito bacterias marinas fotótrofas anoxigénicas pertenecientes al clado NOR5/OM60 que contiene a *Congregibacter litoralis* KT71. Investigaciones anteriores han demostrado la presencia de nuevos linajes de bacterias fotótrofas anoxigénicas, correspondiente a *Gammaproteobacteria* en dos lagunas del Salar de Atacama mediante análisis de genes funcionales (*pufLM)*, sin embargo al no contar con aislados no es posible determinar su afiliación filogenética específica. Esta investigación tuvo como objetivo analizar la presencia y diversidad de miembros de *Gammaproteobacteria* asociadas al clado NOR5/OM60 en distintos ecosistemas acuáticos del Desierto de Atacama y Altiplano (Geysers del Tatio, Salar de Atacama, Salar de Huasco, Salar de Tara), mediante la extracción de ADN de tapetes microbianos y clonamiento y secuenciación de los productos de PCR del gen ribosomal 16S y *pufLM*. Resultados preliminares muestran efectivamente la presencia de miembros del clado NOR5/OM60 en salares del norte de Chile, ampliando el rango de distribución de este grupo de gran importancia global.

**Fondecyt N°1110953; CODEI 5380, Universidad de Antofagasta**

EMI-29

**Diversidad, características de cultivo y perfil de metabolitos secundarios de hongos Leotiomycetes asociados a esponjas marinas antárticas.**

**Leotiomycetes fungi associated with Antarctic marine sponges: diversity, cultural characteristics and secondary metabolite profiles.**

**Vaca, I**[1].,Henríquez, M[1].,Beiza, A[1].,Norambuena, J[1].,Chávez, R[2].,Flores, M[1].,Figueroa, L[1].

[1]Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile.

[2]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Los hongos de la clase Leotiomycetes, especialmente aquellos procedentes de ambientes fríos, han sido muy poco investigados. En este estudio, la diversidad, las características de cultivo y el perfil metabólico secundario de 67 hongos de la clase Leotiomycetes aislados de esponjas marinas antárticas fueron analizados. El análisis de las secuencias ITS de estos aislados reveló que 36 pertenecen a los géneros *Geomyces*, *Thelebolus* y *Pseudeurotium*. Los otros 31 aislados no pudieron ser identificados a nivel de género pero, su posición en el árbol filogenético sugiere que son parientes de *Geomyces*. Estos aislados no identificados fueron denominados Fungal sp. Todos los aislados se crecieron en seis medios de cultivo diferentes, a 15 y 25º C, para determinar las diferencias fenotípicas entre ellos. Casi todos los aislados pueden crecer a 25ºC, pero el crecimiento fue notoriamente mejor a 15º C, sugiriendo que serían organismos psicrotolerantes. Por otro lado, se observaron interesantes diferencias entre los aislados *Geomyces* y Fungal sp. cuando se crecieron en medio conteniendo diferente fuentes de nitrógeno (nitrato, nitrito y creatina). Finalmente, todos los aislados fueron crecidos en las mismas condiciones en medio líquido y sus caldos fueron extraídos con acetato de etilo y analizados por $^{1}$H-RMN. En general, se observó que el perfil de $^{1}$H-RMN era característico de cada género fúngico. Nuestros resultados indican que, además de la diferencia en las secuencias ITS, los hongos de la clase Leotiomycetes pueden ser agrupados de acuerdo a sus diferencias de crecimiento, consumo de nitrógeno y producción de compuestos químicos.

**Financiamiento: FONDECYT 11090192, INACH, DICYT-USACH**

EMI-30

**Efecto de la longitud de onda e intensidad de luz sobre el crecimiento de la cepa *Deinococcus* sp. UDEC-P1: Desarrollo de un sistema estandarizado de iluminación para estudios de exposición lumínica sobre bacterias.**

**Effect of the wavelength and intensity of light on the growth of the strain Deinococcus sp. UDEC-P1: Development of a standardized lighting light exposure studies on bacteria.**

**Villagrán, Sergio**[1].,Barros, Javier[2].,Gutíerrez , Javier[3].,Lara, Jonathan[3].,Staforelli, Juan[3].,Martínez, Miguel[3].,[1]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas , Universidad De Concepción.[2]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas., Universidad De Concepción.[3]Centro de Óptica y Fotónica , Facultad de Ciencias Físicas y Matematicas, Universidad De Concepción.

Se han descrito diversas respuestas producidas por estímulos de luz en bacterias no-fotosintéticas principalmente por la presencia de fotoproteínas (FPs). Estas han sido relacionadas con diversas funciones como la regulación de la biosíntesis del pigmento en *Deinococcus radiodurans*. La regulación de la biosíntesis del pigmento de *D. radiodurans* ha sido vinculada con la exposición de estímulos lumínicos entre los 620 y 680nm.

Se evaluó los efectos de diferentes intensidades lumínicas sobre el crecimiento de *Deinococcus sp.* UDEC-P1. Para esto fue necesario diseñar e implementar un **S**istema estandarizado de **I**luminación de **C**ultivos **B**acterianos (SEICB). Este consistió en un sistema cerrado capaz de presentar una exposición lumínica homogénea de la muestra, que se utilizo para exponer 50ml de cultivos de *Deinococcus sp.*UDEC-P1 a una longitud de onda de 620 nm e intensidades de 190; 360, 600 µmol $m^{-2}s^{-1}$ y oscuridad por 48h a 30°C con o sin agitación constante (100rpm). El crecimiento bacteriano fue evaluado por densidad óptica a 600 nm. Los resultados obtenidos muestran que bajo condiciones de agitación con todas las intensidades lumínicas ensayadas la cepa bacteriana mostro un crecimiento sin diferencia significativa. Sin embargo, en los experimentos sin agitación se observo una menor densidad óptica de la célula cuando se expuso a 600 µmol $m^{-2}s^{-1}$ como efecto inhibitorio sobre el crecimiento *D. aquaticus* UDEC-P1 a diferencia de las otras intensidades con la misma condición que presentaron crecimiento durante las 48 h. Estos resultados demuestran que la intensidad de 600 µmol $m^{-2}s^{-1}$ y posiblemente la menor disponibilidad de oxigeno (sin agitación) presentan un efecto inhibitorio sobre el crecimiento de la bacteria.

Así el desarrollo de un SEICB se presenta como una herramienta necesaria para el inicio de estudios relacionados con las respuestas de diferentes bacterias a distintos estímulos lumínicos, siendo una contribución para el entendimiento del comportamiento de diferentes tipos de bacterias.

**Financiamiento:Proyecto Fondecyt 1100462 y Proyecto Fondecyt Iniciación 11110145.**

EMI-31

**Endosimbiosis y sobrevida de *Arcobacter skirrowii* en *Acanthamoeba castellanii***

**Endosymbiosis and survival of *Arcobacter skirrowii* inside *Acanthamoeba castellanii***

**Wilson, Myra**[1].,Villanueva, Maria Paz[1].,Gonzalez, Mario[1].,Flores , Sandra[1].,Medina, Gustavo[1].,Fernandez, Heriberto[1].

[1]Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral De Chile.

**Introducción**: El género *Arcobacter* comprende 18 especies, de las cuales *Arcobacter butzleri*, *A. cryaerophilus* y *A. skirrowii* son patógenos zoonóticos emergentes asociados a diarrea, postulándose su transmisión por alimentos y agua contaminados. Comparten nicho ecológico con *Acanthamoeba castellanii*, protozoo de vida libre que se alimenta de bacterias y otros microorganismos. **Objetivo**: Este estudio pretende determinar si *A. skirrowii* es capaz de establecer endosimbiosis con *A. castellanii* y sobrevivir dentro de la ameba. **Material y método**: Cultivos axénicos de *A. castellanii* fueron inoculados con tres cepas de *A. skirrowii,* incubándose a 30°C por 20 días en buffer PAGE´S. Las interacciones bacteria/ameba fueron monitoreadas por microscopía de contraste de fase y la sobrevida intraamebiana fue establecida por recuento microbiano. **Resultados**: *A. skirrowii* es capaz de establecer endosimbiosis con *A. castellanii* con una sobrevida intraamebina de 15 días durante el cual experimenta un descenso progresivo en el recuento de células viables desde 22.000 el día 1 a 3.000 el día 15. **Conclusión**: Los resultados demuestran que *A. skirrowii* puede establecer endosimbiosis con *A. castellanii* con un período de sobrevida de 15 días. Se infiere que la endosimbiosis puede proteger a esta bacteria de factores ambientales desfavorables, convirtiendo a *A. castellanii* en un reservorio potencial y eventual vehículo de transmisión de *A. skirrowii*.

**Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1110202**

EMI-32

**Respuesta a selenio en la cepa resistente a cobre *Arthrobacter* sp. C12**

**Response to selenium in copper-resistant strain *Arthrobacter* sp. C12**

Inzunza, Lissy[1].,**Yáñez, Carolina**[1].

[1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

El selenio (Se) es un elemento traza fundamental que en altas concentraciones es tóxico. Los microorganismos son vitales para el ciclo biogeoquímico del Se, siendo algunos capaces de reducir las formas oxidadas de Se a un estado no tóxico, produciendo nanopartículas de $Se^0$. Diversas especies bacterianas son capaces de realizar dicho proceso, bajo condiciones aeróbicas y anaeróbicas, por mecanismos asimilatorios y desasimilatorios. Sin embargo, existe poca información sobre bacterias que presenten resistencia tanto a metales pesados como a Se. En este trabajo se determinaron propiedades relacionadas a la resistencia a Se en cepas resistentes a cobre (Cu) previamente aisladas. Las cepas fueron identificadas mediante secuenciación del gen 16S rRNA y la capacidad de resistencia a Se fue estimada por medio de la concentración mínima inhibitoria (CMI). Las cepas correspondieron al género *Arthrobacter*, siendo la cepa C12 una posible nueva especie de este género. *Arthrobacter* sp. C12 presentó una mayor resistencia al Se, con una CMI de 5 mM Se(IV). Se evaluó la cinética de crecimiento de esta bacteria frente a 2 mM, observándose extensión de la fase lag y disminución de la velocidad de crecimiento. Análisis por medio TEM y SEM-EDX confirmaron la capacidad de esta cepa para reducir el Se en forma de nanopartículas de $Se^0$, siendo éstas visualizadas tanto en el citoplasma como en el medio extracelular. Los resultados obtenidos permiten concluir que *Arthrobacter* sp. C12 tiene el potencial para ser utilizada en la remoción de compuestos tóxicos de Se desde el medio ambiente.

**Financiamiento. Vicerrectoría de Investigación y Estudios Avanzados, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Proyecto DI Iniciación 037.393/2012.**

EMI-33

**Actividad de bacterias tipo *Nitrospina* oxidantes de nitrito en pozas del intermareal rocoso de la bahía de Quintay, playa El Litre (~33°S, Chile centro-centro).**

**Nitrite-oxidizing activity of *Nitrospina*-like bacteria living in intertidal ponds of the Quintay Bay, 'El Litre' beach (~33°S, central-Chile).**

**Yepsen, Daniela**[3].,Levipan, Héctor [1].,Palma, Alejandro[2].,Molina, Verónica[3,4].

[1]Departamento de Oceanografía y Programa de Doctorado en Oceanografía , Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

[2]Laboratorio de Biodiversidad Centro Nacional del Medio Ambiente (CENMA).

[3]Laboratorio de Biología Marina, Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andres Bello.

[4]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de la Educación, Valparaíso. (Sponsored by Verónica Andrea Molina Trincado )

Las pozas del intermareal rocoso que se forman tras el estancamiento durante la baja marea constituyen un hábitat efímero para muchos macro y microorganismos cuya estructura comunitaria se encuentra influenciada por factores físico-químicos como la temperatura, salinidad, radiación solar, oxígeno disuelto y nutrientes. En este estudio se determinó la actividad potencial de bacterias nitrito oxidantes del tipo *Nitrospina* spp. mediante la cuantificación de la actividad transcripcional del gen de ARNr-16S a través de Q-PCR y se comparó con atributos ecológicos (riqueza, índice de Shannon, etc) de comunidades de macroorganismos (algas, peces, moluscos) en pozas representativas de un gradiente intermareal (alto, medio y bajo). Las pozas ubicadas desde el intermareal alto hacia el bajo presentaron los siguientes rangos de variación: temperatura (20,6 a 15,6 °C), salinidad (40 a 37‰) y nitrito (0,2 a 1,4µM). La actividad de las bacterias tipo *Nitrospina* spp. varió entre las 77,98 y 184,22 copias 16SrDNA/ngRNA total, aumentando hacia las pozas del intermareal bajo y se correlacionó significativamente (Spearman R: >0,70; p<0,05) con la concentración de nitrito en las pozas y con la riqueza de especies de macroorganismos. Este estudio, que representa el primer reporte de la presencia y actividad de *Nitrospina* spp. en una zona intermareal, sugiere que la nitrificación aumenta hacia las pozas del intermareal bajo donde domina una comunidad de macroorganismos diversa.

**Financiamiento: FONDECYT 1110824 titulado "Archaeal Versus Bacterial Driving Nitrification in the High-Altitude Saline Wetland of Salar del Huasco".**

EMI-34

**Effect of enrichment with arsenic and hydrogen in anaerobic form, in microcosms with sediments of Salar Ignorado, northern Chile.**

**Escudero, L**[1].,[1]Centro de Biotecnologia Universidad Católica Del Norte.

Salar de Ignorado es un ambiente salino ácido, localizado en el altiplano Chileno. Se caracteriza por sus condiciones extremas, pH 3.5, presencia de metales tóxicos como As (0.44 a 35 ppm) y Al (158 a 5100 ppm). Para estudiar el efecto del arsénico e hidrógeno en la comunidad microbiana y aproximarnos a conocer los agentes activos del ciclo biogeoquímico del arsénico en este Salar, se realizaron microcosmos con muestra de sedimento y salmuera suplementados con i) $H_2$, ii) As (V) 1 mM, iii) As (V) 1 mM e $H_2$, se agregó, iv) control sin suplemento y v) control negativo. La diversidad filogenética de las comunidades en los ensayos se analizó por PCR/DGGE Bacteria y se identificaron genes involucrados en el metabolismo del arsénico por medio de PCR, tanto en salmuera como sedimento.

Se observó reducción en los ensayos con As y As con $H_2$, formándose en éste último $As_2S_3$ (90% reducción de As). La diversidad filogenética expresada mediante índice de Shannon es mayor en microcosmos suplementados, y de éstos es mayor el suplementado con As e $H_2$. Estos resultados sugieren la existencia de poblaciones microbianas soportadas por As e $H_2$. Los grupos predominantes son Acidobacterias, Firmicutes y Actinobacteria, en salmueras. En sedimentos encontramos Acidobacteria, Bacteroidetes y Proteobacteria. En estos enriquecimientos se evidenció presencia de genes *arrA*, ACR3, *aioC* y *arsC*. La evidencia de bacterias ácidofilas reductoras de arsenato se proyecta como herramienta de biorremediación en la contaminación de impurezas de soluciones industriales y relaves mineros con altas concentraciones de As.

EMI-35

**Evaluación microbiologica de manipuladores y superficies en Industrias elaboradoras de alimentos**

**Microbiological evaluation of food handlers and working surfaces in Food Processing Industries**

**Henriquez, MJ**[1].,Troncoso, M[1].,Figueroa, G[1].

[1]Laboratorio de Microbiologia y Probioticos Instituto de Nutricion y Tecnologia de los Alimentos.

**Antecedentes**: Las buenas prácticas de higiene y la capacitación de los manipuladores son la base de la inocuidad de los alimentos. **Objetivo**: Evaluar los niveles de portación de *S. aureus* y *E. coli* en manipuladores de alimentos y la tasa contaminación de superficies y utensilios en plantas elaboradoras de alimentos. **Métodos**: Entre los años 2010-2013 se analizaron 138 muestras de manipuladores, 208 superficies y 86 utensilios. En superficies se determinó Recuento total, Enterobacteriaceas y *E. coli*, en manipuladores se evaluó la presencia de *S. aureus* en nasofaringe, manos y lecho ungueal, y en manos y uñas se identificó *E. coli.* **Resultados**: En manipuladores la portación nasal de *S. aureus* fue 26% (36/138), 9% (13/138) en manos 0,7% (1/138) en uñas. Se observó muy baja presencia de *E. coli* en manos y uñas (0,7% y 0% respectivamente). Adicionalmente se demostró que el 33% (12/36) de los manipuladores positivos también mostraron presencia de *S. aureus* en manos. En las muestras de superficies un 20% (42/208) presento valores de RAM sobre >$10^3$UFC/100cm$^2$, 40% (14/35) no cumplieron con los criterios para Enterobacteriaceas (>$10^2$/100cm$^2$), sin embargo 121 muestras mostraron ausencia de *E. coli*. En utensilios y otros, un 24% (21/86) presentaron valores de RAM superior a >$10^3$UFC, de estas 39 correspondían a llave del lavamanos, de las cuales 40% (18/39) presentaron valores altos de RAM >$10^3$UFC. **Conclusión**: Los resultados indican que se requiere capacitación permanente del personal manipulador y del riesgo de portación en manos donde las llaves puedan ser una importante fuente de contaminación.

EMI-36

**Transferencia de genes en inanición de carbono un desafío para bacterias de ambientes oligotróficos.**

**Genes transfer in carbon starvation, a challenge for oligotrophic environmental bacteria.**

**HERNANDEZ, E**[1].,Martínez, Miguel [1].

[1]MICROBIOLOGÍA, CIENCIAS BIOLÓGICAS, Universidad De Concepción.

Los ambientes acuáticos patagónicos son fríos, oligotróficos con oscilaciones de sus parámetros fisicoquímicos. Las bacterias de estos ambientes poseen estrategias para ajustar su metabolismo a estos cambios. En este trabajo se estudió si la inanición de carbono, aumenta la frecuencia de captación de ADN extracromosomal. Se utilizó *Pseudomonas sp*. RG8 aislada desde un ambiente acuático patagónico. Por espectroscopía UV se determinó que no degrada ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) y es susceptible a $HgCl_2$ y gentamicina. Utilizando *Cupriavidus* necator (JMP134) como dadora se evaluó la adquisición por conjugación del plásmido pJP4 que codifica para la degradación de ácido 2,4-D, y resistencia a $HgCl_2$ y gentamicina. La transferencia del plásmido, se realizó tanto en caldo Mueller-Hinton como en inanición de carbono. La selección de las transconjugantes se realizó en agar Mueller- Hinton con gentamicina (15 µg/mL) y cloranfenicol (40 µg/mL) y la actividad del sistema de restricción se evaluó utilizando el plásmido pUC19 como ADN sustrato. En inanición de carbono se detectaron transconjugantes hasta después de 5 días de inanición con frecuencia de transferencia menor comparado con el control sin inanición. Se sugiere que *Pseudomonas sp.* RG8, en inanición de carbono requiere de un período de aclimatación para recuperar su condición de receptora pero la inanición de carbono no impide la incorporación de nuevos genes y asegurar su sobrevivencia en un ambiente en cambio. Se sugiere además, que bacterias con esta capacidad, pueden ser utilizadas para biorremediación de ambientes con condiciones oligotróficas, frías contaminados con compuestos orgánicos tóxicos y metales pesados.

**Sponsored by Financiado Por Proyecto FONDECYT 1100462.**

EMI-37

**Presencia y diversidad de proteorodopsina en un metagenoma de tapete microbiano del Salar de Huasco y diseño de oligonucleótidos específicos.**

**Presence and diversity of proteorhodopsin in a microbial mat metagenome from Salar de Huasco and specific oligonucleotide design.**

**Icaza, G**[1].,Dorador, Cristina[1].

[1]Biotecnología y Ciencias de los Alimentos., Ciencias del Mar y Recursos Biológicos., Universidad De Antofagasta. (Sponsored by Cristina Inés Dorador Ortiz)

La Proteorodopsina es una proteína fotoactiva que actúa como bomba de protones al ser estimulada por la luz. Identificadas inicialmente en microorganismos que habitan ambientes marinos. Estudios recientes demuestran su presencia en microrganismos de agua dulce y en ambientes con condiciones de alta salinidad. La identificación de Proteorodopsina en ambientes como el Salar de Huasco, permite reevaluar las estrategias que utilizan los microorganismos para su sobrevivencia, dado que esta proteína actúa como un sistema de soporte energético cuando los nutrientes escasean. Las técnicas tradicionales para detectar esta proteína utilizan partidores específicos, siendo la principal dificultad el nivel de degeneración de los oligos diseñados. Desde un metagenoma obtenido por pirosecuenciación 454 de una muestra de tapete microbiano proveniente del Salar de Huasco sitio H3, se obtuvo un total de cuatro secuencias anotadas como Proteorodopsina y cuatro como xantorodopsina. A partir de estas secuencias aminoacídicas y las descritas en las bases de datos, se diseñaron oligos *in silico* utilizando CODEHOP, obteniéndose cuatro pares de oligos, los cuales fueron evaluados mediante la técnica del PCR.

Este es el primer trabajo donde se reporta la presencia de proteorodopsina en humedales altiplánicos asociados a tapetes microbianos, lo cual tendría importante relevancia en la adaptación de las comunidades microbianas a condiciones ambientales extremas.

**Financiamiento: Fondecyt Nº 1110953**

EMI-38

**Análisis metagenómico de la estructura de las comunidades bacterianas en los micrositios de la rizósfera de ballica (*Lolium perenne* var. Nui).**

**Metagenomics analysis of bacterial community structure in microsites of ryegrass (*Lolium perenne* var. Nui) rhizosphere.**

**Lagos, Lorena**[1].,Jorquera , Milko[2].,Mora, M.Luz[2].,Maruyama, Fumito[3].,Crowley, David E.[4].

[1]Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales Universidad De La Frontera.

[2]Centro de Interacción Suelo, Planta y Biotecnología de Recursos Naturales, Scientific and Technological Bioresource Nucleus, Universidad De La Frontera.

[3]Microbial Genomics and Ecology, Graduate School of Medical and Dental Science, Tokyo Medical and Dental University.

[4]Science Laboratories I, Department of Environmental Sciences, University of California Riverside.

La rizósfera es un ambiente complejo en donde diversos factores bióticos y abióticos influyen sobre la estructura de las comunidades microbianas. Actualmente, hay pocos estudios sobre ecología molecular de las comunidades bacterianas en suelos Andisoles del sur de Chile. El principal objetivo de éste trabajo es reportar la estructura de las comunidades bacterianas asociada a los micrositios de la rizósfera de ballica (*Lolium perenne* var. Nui) cultivadas en dos Andisoles de Chile. La estructura de las comunidades bacterianas en los micrositios de la rizósfera (zona meristemática y zona madura) de ballica fueron determinado a través de 454-pirosecuenciador. Los resultados demostraron que no existen diferencias en la estructura de las comunidades bacterianas entre los micrositios de la rizósfera. Además, los resultados mostraron que *Proteobacteria*, *Actinobacteria* y *Acidobacteria* son las *phyla* dominantes en todas las muestras de micrositios. Los análisis demostraron que los grupos dominantes solo representan un 5-10% del total de las comunidades bacterianas, siendo los grupos de menor abundancia una parte importante que habita en la rizósfera. Los datos de secuenciación revelaron la presencia de 80 géneros que aún no han sido descritos como habitantes de la rizósfera o suelo de acuerdo a la base de datos de GenBank y SILVA. Sin embargo, el rol de éstos grupos bacterianos en el suelo y la rizósfera aún se desconoce.

**Agradecimientos: Proyecto FONDECYT no. 1120505 y 1100625. Beca CONICYT no. 21120698**

EMI-39

**Diferencias estructurales de las comunidades bacterianas en suelos tratados con urea y herbicidas de post-emergencia.**

**Structural differences of bacterial communities in soils treated with urea and post-emergence herbicides.**

**Marileo, L**[1].,Jorquera, M[2].,Briceño, G[2].,Demanet, R[2].,Fernandez, T[1].,Mora, M,L[2].,Palma, G[2].

[1]Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales Universidad De La Frontera.

[2]Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN-UFRO) Universidad De La Frontera.

En el sur de Chile, las especies vegetales de pastoreo apoyan la producción de leche y carne. La aplicación de nitrógeno (urea) y herbicidas de post-emergencia son prácticas comunes para aumentar la calidad y el rendimiento de los campos de pastoreo. Sin embargo, una cantidad significativa de residuos de herbicidas se depositan en estos suelos, este problema conlleva una modificación de las poblaciones microbianas del suelo. Se evaluó el efecto de los herbicidas de post-emergencia en la estructura de las comunidades bacterianas en suelo tratado con urea. Los suelos fueron tratados con combinaciones de herbicidas y urea en la tasa equivalente a; **MCPA** (750 y 1500 g i.a., $ha^{-1}$) y **Flumetsulam** (75 y 150 g ia $ha^{-1}$); **Nitrógeno** (0, 200 y 400 kg N $ha^{-1}$). Los herbicidas se aplicaron a 24 h después de la urea y controles sin urea y se tomaron muestras a dos tiempos; 24 horas después del tratamiento con los herbicidas y a 15 días. La estructura de las comunidades bacterianas se evaluó mediante DGGE utilizando cebadores específicos para el gen 16S rDNA y *amo*A (amonificación). Los geles de DGGE se analizaron con el software Phoretix 1D. Este estudio reveló la influencia de herbicidas de post emergencia en suelos tratados con urea sobre la diversidad microbiana y diversidad funcional de las comunidades bacterianas.

**Sponsored by Scientific And Technological Bioresource Nucleus (BIOREN-UFRO), Universidad De La Frontera, Temuco, Chile.**

EMI-40

**Detección de *Listeria monocytogenes* en cursos de aguas superficiales de la Región Metropolitana por Ultrafiltración Tangencial.**

**Detection of *Listeria monocytogenes* in surface water courses in Metropolitan Region by Tangential Ultrafiltration.**

**Martinez , MC.**[1].,Morales, O.[3].,Jara, M.[1].,Farias, L.[1].,Aguayo, C.[3].,Arancibia , M.[2].,Fernández, J.[3].,Rojas-Aedo, JF.[1].

[1]Microbiología de Alimentos, Salud Ambiental , Instituto de Salud Pública de Chile.

[2]Unidad Vigilancia de Aguas SEREMI Salud Región Metropolitana.

[3]Genética Molecular, Departamento Biomédico, Instituto de Salud Pública de Chile.

Los cursos de agua superficiales (CAS) en la Región Metropolitana (RM) pueden ser utilizados para riego de hortalizas. La vigilancia de estas aguas, realizada por la SEREMI de Salud RM, no contempla la detección de microorganismos patógenos específicos, el indicador de calidad microbiológica utilizado es Coliformes Fecales. El objetivo de este estudio fue detectar la presencia de *L. monocytogenes* en CAS, potencialmente utilizadas para riego. Entre Octubre 2012 y Marzo 2013, se muestrearon 40 aguas de CAS (canales, esteros, ríos), se tomaron 40 L en cada punto y se concentraron a un volumen final de 300 mL por ultrafiltración tangencial. Utilizando filtros hemodiálisis AsahiKasei Rexeed-25A (FDA) con el objetivo de aumentar la probabilidad de detección. En la muestra concentrada se detectó el patógeno, utilizando caldo-fraser (prenriquecimiento 1:10) y agar-cromogénico ALOA (BAM). Las colonias sospechosas fueron confirmadas por API-Listeria. Las colonias confirmadas fueron serotipificadas y genotipificadas, en Bacteriología Clínica y Genética Molecular, respectivamente. En dos de los 40 cursos de aguas superficiales se detectó *L.monocytogenes*: Estero Puangue comuna María Pinto y Canal Eyzaguirre comuna La Pintana. Las cepas aisladas corresponden a *L. monocytogenes* serotipo IV Clon 99 y *L. monocytogenes* serotipo I Clon 8. De acuerdo a las bases de datos del Subdepartamento Genética Molecular, el Clon 8 también fue aislado en una muestra clínica. La presencia de este microorganismos patógeno indica un potencial riesgo para la salud de las personas, por lo que se deben fortalecer las medidas de control para el uso de estas aguas en el riego de hortalizas.

**Sponsored by Proyecto FONIS SA12I2259.**

EMI-41

**Aislamiento y caracterización de la resistencia a cobre de microorganismos frente a un relave minero en Taltal.**

**Milla, K**[1].,Regodeceves, F[1].,Zamorano, P[2].,Valenzuela, B[3].

[1]Biomédico, Ciencias de la Salud , Universidad De Antofagasta.

[2]Biomédico, Instituto Antofagasta , Universidad De Antofagasta.

[3]Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta , Universidad De Antofagasta.

La actividad minera genera un preocupante impacto a nivel ambiental debido a la acumulación de lastres o mineral de baja ley en pilas y relaves, las cuales son dispersadas por el viento. Este material percola los suelos y aguas superficiales provocando un gran problema de contaminación de metales pesados, entre los cuales se encuentra el cobre, que a elevadas concentraciones es tóxico. El objetivo de este estudio fue aislar microorganismos desde sedimentos de una zona costera frente a un relave minero ubicado en la ciudad de Taltal, Norte de Chile y posteriormente determinar las concentraciones de cobre a las cuales son capaces de resistir, destacando su tolerancia para habitar de forma natural en este ambiente contaminado. Se obtuvieron cultivos axénicos para veinte bacterias y cuatro hongos filamentosos. Posteriormente se determinó la resistencia del metal suplementando el medio de cultivo con CuSO4 en un rango de 0 - 5 mM. Resultados indican que cinco cepas de bacterias (1.1mar, 1.3mar, 3.1marA, 3.2marB, 3.2mar) proliferan sin dificultad hasta concentraciones 1,2 mM y cuatro cepas de hongos (1.0mar, 1.1mar, 1.1marB, 1.2mar) hasta 4 mM de CuSO4, a temperatura ambiente. Dichos microorganismos son caracerizados tanto micro como macroscopicamente y se realiza un análisis molecular para determinar la clasificación filogenética de los aislados. Loa resultados obtenidos junto con el estudio molecular podran enfatizar y promover el desarrollo e implemetación de procesos de biorremediación, caracterizando la capacidad de estos microorganismos para la recuperación de metales pesados, mejorando la sustentabilidad de los procesos mineros y minimizando su impacto ambiental.

EMI-42

**Diversidad de hongos presentes en un gradiente vertical de un tapete microbiano del Salar de Huasco.**

**A great variety of fungus exist in a microbial mat's vertical gradient from the salar of huasco.**

**Montiel, E**[1].,Molina, V.[2].,Dorador, C.[1].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta, Centro de Bioinnovación, Facultad de Ciencias del mar y Recursos Biologicos, Universidad De Antofagasta.

[2]Departamento de Biología, Programa de Biodiversidad Universidad de Playa Ancha, Valparaíso.

El Salar de Huasco es un humedal salino ubicado en el Altiplano Chileno a una altura de 3800 msnm. La alta radiación solar (1100 $Wm^{-2}$), balance hídrico negativo y una concentración salina variable condicionan la biota presente. El Salar de Huasco posee una alta diversidad biológica, caracterizado por la presencia de grupos únicos de Archaea y Bacteria. Es frecuente la presencia de tapetes microbianos, los cuales presentan poco espesor (>1 cm) y albergan principalmente bacterias fotótrofas anoxigénicas y Cyanobacteria. En general, existe poca información en estos ecosistemas sobre la diversidad y función de microorganismos eucariontes, específicamente en hongos. En este trabajo se estudió la diversidad de eucariontes presentes en un gradiente vertical de tapetes microbianos del Salar de Huasco, mediante pirosecuenciación del gen 16S ARNr utilizando los partidores euk7F-euk570R. En total, se obtuvieron 21863 secuencias que fueron editadas y analizadas mediante Blastn y RDP, de las cuales solo 174 secuencias correspondieron a Hongos. Un 65% de las secuencias fueron afiliadas al filo *Chytridiomycota,* seguido por el filo *Ascomycota* (14%). Además hubo presencia de otros filos como *Basidiomycota, Glomeromycota, Blastocladiomycota* y un porcentaje mínimo de hongos no identificados. En cuanto al nivel de Clase, la mayor dominancia fue de *Chytridiomycetes* (59%), seguido por *Rhizophydiale*s con un 7%. Se obtuvieron además miembros de otras 12 Clases, indicando una alta diversidad en el gradiente vertical del tapete microbiano analizado. Estos resultados muestran la importancia de incluir a microorganismos eucariontes en los estudios de comunidades microbianas, por su alta diversidad y posible función ecosistémica.

EMI-43

**Uso de bacterias marinas con actividad celulasa como pre-tratamiento de biomasa microalgal para la producción de biogás.**

**Use of cellulolytic marine bacteria for microalgal enzymatic pre-treatment in biogas production.**

**Muñoz, Camilo**[1].,Hidalgo , Catalina [1].,Zapata, Manuel[2].,Jeison, David[3].,Riquelme, Carlos[1].,Rivas , Mariella[2].

[1]Lab. de Ecología Microbiana, Centro de Bioinnovación. Universidad De Antofagasta.

[2]CICITEM y Lab. Ecología Microbiana, Centro de Bioinnovación. Universidad De Antofagasta.

[3]Departamento de Ingeniería Química y BIOREN. Universidad De La Frontera.

Los biocombustibles generados desde microalgas son una alternativa a los combustibles fósiles. Para comercializarlos a escala industrial, deben solucionarse problemas como la extracción del contenido intracelular microalgal. Los métodos de ruptura comúnmente utilizados como la ultrasonicación, homogenización, tratamientos térmicos, entre otros, encarecen el proceso y son difíciles de implementar a gran escala.Por tanto, en este estudio se evaluó un pre-tratamiento microalgal utilizando bacterias celulolíticas capaces de realizar este proceso en su hábitat. Para ello, se aislaron bacterias marinas desde moluscos bivalvos filtradores, *Mytilus chilensis* y *Protothaca thaca*. Se identificaron 54 cepas, 9 presentaron actividad endoglucanasa por método iodina-gram (halos entre 0.6 y 1.8 cm de diámetro); 5 cepas aisladas desde *M. chilensis* y 4 desde *M. donacium*. Las cepas se identificaron filogenéticamente como: *Aeromonas bivalvium, Pseudomonas pseudoalcaligenes, Raoultella ornithinolytica*, entre otras. Además, se determinó tasa de crecimiento, perfil bioquímico y actividad enzimática. Por otro lado, se evaluó la degradación de la pared celular en *Botryococcus braunii* y *Nannochloropsis gaditana,* consiguiendo su ruptura con las cepas denominadas MA2, MA5 y MC25 en *B. braunii* y MC3 y MA5 en *N. gaditana*. Luego del pre-tratamiento de *N. gaditana* con las cepas MA5 y MC3, se evaluó la producción de metano en un digestor anaerobio, consiguiendo aumentar el rendimiento en un 140.32 y 158.68 % respectivamente, respecto a la microalga sin pre-tratar. Por tanto, en un futuro, este pre-tratamiento de bajo costo, podría aumentar el rendimiento y eficiencia en la producción de biogás.

EMI-44

**Resistencia a antibióticos de comunidades bacterianas bentónicas en un gradiente asociado al estuario del Río Maipo.**

**Antibiotic resistance in bacterial communities in a benthic gradient associated to the estuary of the River Maipo.**

**Ortiz, Javier**[1].,Zapata, Javier[1].,Molina, Veronica[1,2].

[1] Laboratorio de Biología Marina, Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

[2]Biología, Ciencias Naturales y Exactas, Playa Ancha de Ciencias de la Educación. Valparaíso. (Sponsored by Verónica Andrea Molina Trincao)

La influencia antropogénica en estuarios con aportes de aguas provenientes de ríos que cruzan áreas agrícolas y urbanas, como el caso del Río Maipo, son sitios ideales para evaluar la resistencia a antibióticos de comunidades bacterianas, esperándose un gradiente de respuesta hacia zonas más alejadas del efecto del río. En este estudio se determinó el grado de resistencia a antibióticos a través de halos de inhibición de bacterias bentónicas obtenidas desde muestras de sedimento de tres zonas separadas por 100 metros en el estuario del río Maipo (V región en los 33° 47'S). Las bacterias fueron cultivadas en agar marino y posteriormente aisladas (n=18) para la realización de un test de halos de inhibición con discos de antibióticos: Ampicilina (AMC); Ceftazidima (CAZ); Gentamicina (GE); Cefotaxima (CTX). Las bacterias aisladas fueron analizadas a través de fragmentos de restricción de sus ribotipos. Las tres zonas presentaron un gradiente de salinidad desde 0,85; 17,5 y 32,7 psu. Halos de inhibición de menor diámetro para todos los antibióticos se encontraron en la zona bajo influencia estuarina (<14 mm diámetro). La resistencia a AMC presentó un gradiente de aumento hacia la zona con mayor influencia marina, mientras que antibióticos como GE y CAZ presentaron las mayores diferencias entre la zona estuarina (12,62 mm) y la zona intermedia (19,14 mm). La resistencia a antibióticos de la comunidad bentónicas naturales del estuario reflejó el efecto de una mayor influencia antropogénica hacia cercanía a la fuente.

**Financiamiento: Proyecto FONDECYT N° 1110824**

EMI-45

**Sobrevida de *Arcobacter cryaerophilus* como endosimbionte de *Acanthamoeba castellanii.***

**Survival of *Arcobacter cryaerophilus* in endosymbiosis with *Acanthamoeba castellanii.***

**OTTH, L**[1].,OYARZO, J.[2].,FLORES, S.[2].,MEDINA, G.[2].,FERNANDEZ, H.[2].

[1]INSTITUTO DE MICROBIOLOGIA CLINICA, MEDICINA, Universidad Austral De Chile.

[2]INSTITUTO DE MICROBIOLOGIA CLINICA Universidad Austral De Chile.

**Introducción**: *Arcobacter cryaerophilus* es aislado de animales y del ambiente. El hombre lo adquiere por vía fecal-oral por consumo de agua o alimentos contaminados o por contacto con animales reservorios, asociándose a cuadros diarreicos y bacteremias. *Acanthamoeba castellanii,* protozoo de vida libre, se alimenta debacterias y otros microorganismos. Algunas especies bacterianas resisten la digestión amebiana, permaneciendo como endosimbionte dentro de sus vacuolas. **Objetivo**: Considerando que *A. cryaerophilus* puede compartir nichos con *A. castellanii*, este estudio pretende determinar la sobrevida de *A. cryaerophilus* como endosimbionte de *A. castellanii*. **Material y método**:Cultivos axénicos de *A. castellanii* fueron inoculados con cinco cepas de *A. cryaerophilus,* incubándose a 30°C por 20 días en buffer PAGE´S. Las interacciones bacteria/ameba fueron monitoreadas por microscopía de contraste de fase y la sobrevida intraamebiana fue establecida por recuento microbiano. **Resultados**: *A. cryaerophylus* sobrevive como endosimbionte hasta 15 días, mostrando un descenso progresivo en las UFC recuperadas, desde 1.909.000 el día 1 a 13.346 el día 15. **Conclusión**: Los resultados demuestran que *A. cryaerophylus* puede sobrevivir como endosimbionte en *A. castellanii* infiriéndose que el estado intraamediano puede proteger a esta bacteria de factores ambientales adversos, convirtiendo a *A. castellanii* en un reservorio potencial de *A. cryaerophilus* y eventual fuente de transmisión.

**Palabras claves: *A. cryaerophilus*, *A. castellanii*, sobrevida, endosimbiosis**

**Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1110202**

EMI-46

**Efecto de la radiacion solar sobre la estructura comunitaria bacteriana activa (arn) en el fiordo de comau (patagonia chilena) durante invierno del 2012.**

**The effect of solar radiation on the active bacterial community structure (rna) in the comau fjord (chilean patagonia) during the winter of 2012.**

**Peña-Florín, Hermann**[1].,Molina Trincado, Verónica[1,2].,Hernandez Rondon , Klaudia[3].

[1]Laboratorio de Biología Marina, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

[2]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad De Playa Ancha De Ciencias De La Educación.

[3]CIEN Austral, Instituto de Acuicultura, Universidad Austral De Chile.

La radiación solar afecta en forma directa e indirecta al bacterioplancton, influenciando su estructura comunitaria diferencialmente según su historia fotobiológica, e.g., superficie versus profundidad. En el siguiente estudio se determinó el efecto de la radiación solar sobre la estructura comunitaria bacteriana, utilizando la técnica de T-RFLP al gen 16S ribosomal a partir del ADNc, en incubaciones de agua “salobre” y “marina” en microcosmos incubados *in situ* y sometidos a diferentes tratamientos lumínicos: 1) espectro solar completo PAB >280 nm, 2) 320 nm, 3) 400 nm y 4) oscuridad durante dos ciclos diarios. La estructura comunitaria “marina” y “salobre” compartió un 65% de similaridad y respondió diferencialmente a la calidad de la radiación; la comunidad bacteriana “marina” cambió su estructura en el tratamiento de 400 nm, disminuyendo su diversidad (de 3,4 a 3,1 H´, Índice de Shannon) y riqueza (de 34 a 27 OTU, unidades operacionales taxonómicas) en el segundo día donde se registra el máximo de irradiancia de 409,83 W $m^{-2}$. Por otra parte, la comunidad bacteriana “salobre” registró un cambio en su estructura en el tratamiento de 320 nm, reduciendo su diversidad y riqueza (de 3,3 a 2,9 H’ y de 31 a 21 OTUs, respectivamente) desde el primer día asociado a una radiación máxima de 352,74 W $m^{-2}$. Nuestros resultados sugieren que la radiación PAR y UV-A afectan la estructura comunitaria bacteriana de ambos estratos durante invierno de 2012, probablemente favoreciendo la predominancia de ciertos taxa por sobre otras y disminuyendo su riqueza y diversidad.

**Financiamiento: FONDECYT 11110190 – 1110824**

EMI-47

**Validación de marcadores moleculares funcionales implicados en el aporte biogénico del sulfato en ecosistemas acuáticos del Altiplano Chileno.**

**Validation of functional molecular markers involved in biogenic input of sulfate in aquatic ecosystems in Chilean altiplano.**

**Pérez, J**[1].,Pérez, Vilma[1].,Dorador, Cristina[2].,Hengst, Martha[1,3].

[1]Laboratorio de complejidad microbiana y ecología funcional, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta.

[2]Centro de bioinnovación de Antofagasta, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad De Antofagasta.

[3]Centro de bioinnovación Antofagasta, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta.

Los marcadores moleculares, en combinación con métodos de reconstrucción filogenética, han sido utilizados desde hace décadas para la comprensión de relaciones evolutivas entre especies, como también para definir grupos funcionales de origen polifilético. El objetivo de esta investigación es la validación de marcadores moleculares para precisar los grupos funcionales más relevantes en el metabolismo oxidativo del azufre, principalmente realizado por procariotas, en dos ecosistemas altiplánicos diferentes: el Salar de Huasco y el Bofedal de Lirima. Para ello se han seleccionado 3 marcadores moleculares representativos de las 3 vías principales de oxidación de azufre en procariotas: Sox, Apr y Dsr, pertenecientes a complejos multienzimáticos con un rol clave en la oxidación de azufre hasta sulfato.

Los resultados obtenidos demuestran la presencia de una alta diversidad de microorganismos aislados en medios selectivos enriquecidos en compuestos azufrados, principalmente del dominio Bacteria. Se ha logrado demostrar la presencia de estos genes en diferentes aislados, encontrándose en su mayoría Firmicutes y Proteobacteria. Fenotípicamente estas bacterias se caracterizan por presentar coloración anaranjada proveniente del alto contenido de carotenoides. Se desea detectar y evaluar las principales rutas de oxidación de azufre mediante marcadores moleculares lo que permitirá establecer la existencia biogénica del sulfato en estos ambientes, ya que, la presencia de sulfato ocurre principalmente por intemperización de rocas y actividad volcánica, no obstante, se cree que una gran diversidad de microorganismos involucrados en el ciclo del azufre podrían hacer un aporte significativo a la formación de azufre biogénico, sin embargo, esto no ha sido demostrado hasta ahora.

EMI-48

**Alta novedad de Archaea y Bacteria en el bofedal de Lirima, Altiplano Chileno.**

"High novelty of Archaea and Bacteria in Lirima wetland,Chilean Altiplano"

**Pérez, Vilma**[1].,Aguilar , Pablo [1].,Dorador , Cristina [2].,Hengst, Martha[2].

[1]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Recursos del Mar, Universidad De Antofagasta.

[2]Centro de Bioinnovación de Antofagasta , Recursos del Mar , Universidad De Antofagasta.

Lirima, es un bofedal somero ubicado a 4.200 m.s.n.m. en la Región de Tarapacá, de aguas termales, condiciones ambientales extremas, rico en compuestos reducidos de azufre y con una microbiota hasta ahora desconocida. Las vertientes de agua caliente presentan el desarrollo de tapetes microbianos abundantes, los que constituyen estructuras laminadas, estratificadas y altamente productivas. El entorno físicoquímico de estas láminas, se caracteriza por presentar gradientes, con alta saturación de oxígeno y diversos compuestos de azufre presentes en pocos milímetros de espesor, dando lugar a diferentes microhábitats. En este estudio se analizaron dos muestras de tapetes microbianos del Bofedal de Lirima, los cuales fueron seleccionados por su alta pigmentación. Las muestras presentaron una temperatura de 51°C y 45°C, un pH de 7,6 y 7,9, una conductividad de 2,1 y 2,52 mS/cm y STD de 1,126 y 1,27, respectivamente. El objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad de bacterias y arqueas presentes en los tapetes microbianos mediante la construcción de genotecas del gen ribosomal16S. Se obtuvo un total de 272 secuencias. Las curvas de rarefacción de los sitios analizados mostraron saturación con 54 filotipos para Bacteria y 40 filotipos para Archaea. Se identificaron 10 Phyla bacterianos (Bacteroidetes,Caldisérica,Chloroflexi,Deino coccus-thermus,Acidobacteria, Chlorobi,Firmicutes,Cianobacteria,Armatimonadetes,Proteobacteria (α-,β-,γ-,δ- y ε-) y 2 Phyla de Arqueas (Euryarchaeota y Crenarchaeota). 5 clones identificados como Bacteria y 60 clones identificados como Archaea no presentaron similitud a un phylum conocido. Estos datos indican una alta novedad en la diversidad de Bacteria y Archaea obtenidos en este estudio, destacando al Bofedal de Lirima como una potencial reserva de microorganismos no conocidos hasta ahora.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt N°1110953**

EMI-49

**Dinámica de las comunidades bacterianas presentes en un proceso industrial de osmosis reversa: Planta de San Pedro de Atacama como caso de estudio.**

**Dynamic of bacterial communities present in an industrial reverse osmosis process: Plant of San Pedro de Atacama as a study case.**

**Remonsellez, Francisco**[1].,Aguilar, Pablo[1].,Rodriguez, Sebastian[1].,León, Joice[1].,Gómez, María Paz[1].,Quispe, Javier[1].

[1]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias Geológicas, Universidad Católica Del Norte.

La osmosis reversa (OR) es una tecnología de desalación que se está comenzando a utilizar a gran escala en el norte de Chile para la producción de agua potable y para usos industriales como la minería. Una de las problemáticas más importantes en los procesos OR es el ensuciamiento de las membranas debido a las incrustaciones de sustancias inorgánicas y a la formación de biopelículas. En este trabajo se determinó la dinámica de las poblaciones bacterianas en las distintas etapas del proceso OR de la planta desaladora de San Pedro de Atacama con el objeto de desarrollar estrategias que controlen el ensuciamiento biológico de las membranas. Muestras de agua de distintas etapas del proceso OR (alimentación, entrada a osmosis y rechazo) se analizaron mediante conteo de microorganismos heterótrofos en medio R2A y pirosecuenciación de los genes ribosomales 16S específicos para bacterias. Los resultados muestran un número de $10^5$ UFC/mL en la entrada del sistema, en donde las comunidades están dominadas por *α*- (43,6 %), *β*- (28,4 %) y *γ-Proteobacterias* (9,6 %). Posterior al tratamiento con hipoclorito de sodio (3 ppm) como biosida el número de microorganismos disminuyó a $10^4$ UFC/mL, y se observó un cambio en las comunidades bacterianas con una predominancia de *Flavobacteria* (27,2 %), *Sphingobacteria* (24 %), y *δ-Proteobacteria* (20,3 %). Esta información podría ser vital para el desarrollo de nuevos pre-tratamientos que eviten el ensuciamiento biológico de las membranas OR.

**Financiamiento: Proyecto FIC-R 31101243**

EMI-50

**Caracterización microbiológica de biopelículas en membranas de osmosis reversa de la planta desaladora de San Pedro de Atacama.**

**Microbiological characterization of biofilms on reverse osmosis membranes in desalination plant of San Pedro de Atacama.**

**Rodriguez, Sebastian**[1].,Aguilar, Pablo[1].,León, Joice[1].,Gómez, María Paz[1].,Quispe, Javier[1].,Remonsellez, Francisco[1].

[1]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias Geológicas, Universidad Católica Del Norte. (Sponsored by Francisco Remonsellez Fuentes)

El incremento de la demanda de agua y la disminución de las fuentes naturales para su obtención son problemáticas que han generado la aplicación de diversas tecnologías para el tratamiento de agua desde fuentes salobres en la zona norte de Chile. Actualmente, la osmosis reversa (OR) es el método más utilizado para la desalación y la producción de agua tanto para uso potable como para uso industrial. Sin embargo, la formación de biopelículas en la superficie de las membranas OR ("biofouling") es la gran limitante en los sistemas de desalación. Este trabajo se enfoca en la caracterización microbiológica del ensuciamiento asociado a membranas OR de un sistema industrial de desalación en la comunidad de San Pedro de Atacama. El ensuciamiento biológico fue detectado inicialmente a nivel visual desde autopsias de membranas OR. Fragmentos de membrana 1 $cm^2$ fueron seleccionados para un análisis de microscopia electrónica de barrido (SEM), en donde se detectaron depósitos de minerales y células embebidas en capas de sustancias poliméricas extracelulares (EPS). Por otro lado, 11 morfotipos fueron aislados e identificados mediante la secuencia del gen ribosomal 16S. Los análisis mostraron la presencia de bacterias pertenecientes a los géneros *Pseudomonas*, *Sphingopyxis*, *Sphingobium*, *Achromobacter*, *Pseudacidovorax*, *Variovorax* y *Microbacterium*. Además, la mayoría de los microorganismos aislados presentaron motilidad tipo "swimming" y la capacidad de formar biopelículas en placas de poliestireno. Finalmente, la caracterización microbiológica entrega información valiosa para el desarrollo de estrategias para el monitoreo, la prevención y la reducción de "biofouling" en plantas OR.

**Financiamiento: Proyecto FIC-R 31101243**

EMI-51

**Caracterización de bacterias rizosféricas para su potencial uso en bioremediación de suelos contaminados con cobre.**

**Characterization of rhizospheric bacteria for their potential use in bioremediation of copper-contaminated soils.**

**Rojas, C**[1].,Núñez, Mauricio[1].,Yáñez, Carolina[1].

[1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

La contaminación de suelos con Cobre (Cu) afecta las poblaciones microbianas del suelo y la rizósfera, provocando la inhibición del desarrollo normal de las plantas. Sin embargo, existen bacterias en estos suelos, denominadas PGPR (Plant growth-promoting rhizobacteria), que presentan mecanismos de resistencia a metales pesados, favoreciendo el establecimiento de plantas bajo condiciones adversas. El objetivo de este proyecto fue caracterizar bacterias previamente aisladas desde la rizósfera de *Eschscholtzia californica* y *Lolium multiflorum* y evaluar su potencial uso en biorremediación. Para ello, se evaluaron 22 rizobacterias aisladas desde la rizósfera de estas plantas presentes en suelos de Puchuncaví altamente contaminados con Cu. Se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) para Cu, seleccionándose 5 cepas con una CMI de 250 mg/l de Cu en medio Tris. Todas estas cepas presentaron genes de resistencia a metales pesados detectados mediante PCR: *copA* (resistencia a cobre), *nccA* (resistencia a níquel, cobalto y cromo), *merA* (resistencia a mercurio) y *czc* (resistencia a cobalto, zinc y cadmio). El análisis mediante RFLP del gen *copA* mostró que estos determinantes genéticos son distintos entre sí. Además, estos aislados poseen propiedades PGPR tales como solubilización de fosfatos, producción de acido indol acético y producción de sideróforos. Por último, 4 de ellas se destacaron por promover *in vitro* la elongación de raíz de *Solanum lycopersicum*. Estos resultados permiten concluir que estas 5 cepas poseen el potencial para ser utilizadas en procesos de biorremediación de suelos contaminados con metales, quedando por determinar su acción en plántulas.

**Financiamiento. Vicerrectoría de Investigación y Estudios Avanzados, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso,Proyectos DI Iniciación 037.393/2012 y 037.486/2013.**

EMI-52

**Detección de *Salmonella spp.* y *E. coli* diarreogénico en cursos de aguas superficiales de la Región Metropolitana por Ultrafiltración Tangencial.**

**Detection of *Salmonella spp* and diarreogenic *E.coli* in surface water courses in Metropolitan Region by Tangential Ultrafiltration.**

**Rojas-Aedo, JF**[1].,Morales, O[1].,Jara, M[1].,Fernández, A[2].,Duarte , S[2].,Ibañez, D[2].,Arancibia, C[3].,Martínez, MC[1].

[1]Microbiologia de Alimentos, Salud Ambiental, Instituto de Salud Pública de Chile.

[2]Bacteriología Clínica, Departamento Biomédico, Instituto de Salud Pública de Chile.

[3]Unidad Vigilancia de Aguas SEREMI Salud Región Metropolitana .

Los cursos de agua superficiales (CAS) en la Región Metropolitana (RM) pueden ser utilizados para riego de hortalizas. La vigilancia de estas aguas, realizada por la SEREMI de Salud RM, no contempla la detección de microorganismos patógenos específicos, el indicador de calidad microbiológica utilizado es Coliformes Fecales. El objetivo de este estudio fue detectar presencia de *Salmonella spp* y *E.coli* diarreogénico en ACS, potencialmente utilizadas para riego. Entre Octubre 2012-Marzo 2013, se muestrearon 40 CAS (canales, esteros, ríos), se tomaron 40 L en cada punto y se concentraron a un volumen final de 300 mL por ultrafiltración tangencial (FDA). Utilizando filtros hemodiálisis AsahiKasei Rexeed-25A con el objetivo de aumentar la probabilidad de detección. En la muestra concentrada se detectaron los patógenos. Para *Salmonella spp.* se utilizó preenriquecimiento selectivo (Rappaport, Tetrationato) y agares selectivos (XLD, Hektoen, Bismuto-Sulfito). Para *E. coli* se pre-enriqueció en agua-peptonada incubando a 44.5°C, se utilizó agar-MacConkey y agar-cromogénico SMAC. Las cepas sospechosas fueron confirmadas por pruebas bioquímicas. Las colonias confirmadas fueron serotipificadas en Bacteriología Clínica. Se detectó *Salmonella spp.* en 15 muestras, identificándose los serogrupos: *S.* Typhimurium*, S.* Agona*, S.*Anatum*, S.* Brandenburg*, Salmonella* grupoC1*, S.* Corvallis*, S.* Heidelberg*, S.* Infantis*, S.* Livingston*, S.* Mbandaka*, S.* Panama *y S.* Senftenberg. Se detectó *E. coli* diarreogénico en 4 muestras, *E. coli* enterohemorrágico no tipificable (*stx2* positivo, *eae* positivo) y *E.coli* enteropatógeno (*eae* positivo) serotipo O167:H9, ONT:H40 y O91:H21. La presencia de estos patógenos indica un potencial riesgo para la salud de las personas, por lo que se deben fortalecer las medidas de control para uso de CAS en riego de hortalizas.

**Sponsored by Proyecto FONIS SA12I2259.**

EMI-53

**Evaluación microbiológica de alimentos artesanales procesados elaborados por micro empresas del rubro Especialidades Campesinas.**

**Microbiological evaluation of processed artisanal foods elaborated by small business from peasant specialties field.**

**Sanchez, P**[1].,Castillo, E[1].,Figueroa, A[1].,Figueroa, G[1].

[1]Laboratorio de Microbiologia y Probioticos Instituto de Nutricion y Tecnologia de los alimentos.

**Antecedentes**: Los alimentos pertenecientes a Especialidades Campesinas (EC), son elaborados artesanalmente, con materias primas del campo y un mínimo de aditivos. Un aspecto fundamental de la calidad es la inocuidad, aspecto que constituye una barrera para la comercialización de pequeños productores. **Objetivo:** Determinar la calidad microbiológica conforme a lo establecido por el Reglamento Sanitario de los Alimentos (RSA) como reflejo de las prácticas de higiene de las plantas procesadoras. **Diseño:** Entre octubre 2011 y agosto 2013, se recolectaron muestras de 199 alimentos elaborados por microempresas del rubro EC, ubicadas entre la I y XII regiones. **Material Y Métodos:** Los productos, alimentos gourmet, correspondían a distintos grupos: mermeladas (74 muestras), mieles (35), aceites y vinagres (18), quesos (15), conservas (8), manjar (8), infusiones y hierbas deshidratadas (6), pastas (5), maní (5), licores (4) cecinas (2) y otros que incluyen cereales, harinas, arropes y aliños (20). Todas las muestras fueron analizadas de acuerdo a lo exigido por el RSA. **Resultados:** Del total de muestras analizadas, 184 (92%) presentaron los parámetros analizados conforme a lo exigido por el RSA. Esta alta tasa de cumplimiento demuestra que la mayoría de las microempresas están en condiciones de entregar alimentos inocuos y de calidad. En el caso de los quesos, sin embargo, las muestras no conformes sumaron 60%. En todos estas muestras (9) se encontró alto recuento de enterobacteriaceas, en 3 presencia de *S. aureus* y en uno *Listeria monocytogenes*. Esto evidencia la urgente necesidad de mejorar infraestructura e higiene en las plantas de este rubro.

EGM-1

**Estudio de las proteínas involucradas en la integración y escisión de un elemento integrativo conjugativo de *Acidithiobacillus ferrooxidans.***

**Study of the proteins involved in the integration and excision of an integrative conjugative element from *Acidithiobacillus ferrooxidans*.**

**Castillo, A**[1].,Orellana, O[1].

[1]Programa de Biología Celular y Molecular, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

La adaptación al medio ambiente es fundamental para la sobrevivencia de todos los seres vivientes. La transferencia horizontal de genes es una de las herramientas más efectivas que tienen los microorganismos para adaptarse a entornos cambiantes, siendo los elementos genéticos móviles fundamentales en este proceso. Los elementos integrativos y conjugativos (ICE) son elementos móviles que tienen la capacidad de escindirse de una célula dadora, transferirse por conjugación y posteriormente integrarse en una célula receptora. *Acidithiobacillus ferrooxidans* posee un ICE que posee los módulos funcionales de recombinación, regulación y alrededor de 300 genes accesorios. Este ICE posee genes hipotéticos que codifican para una integrasa de la familia tirosina recombinasa y una escisionasa, los que se encuentran adyacentes al sitio de recombinación que corresponde a un gen de $tRNA^{Ala}$. Mediante ensayos de EMSA, se han determinado las regiones de recombinación hipotéticas que interactuan con estas proteínas (sitios *att*). A través de ensayos de actividad *in vitro* se estudiará la capacidad de estas proteínas para catalizar la reacción de integración-escisión.

**Financiado por Proyecto FONDECYT 1110203 (OO) y Beca CONICYT para estudios de Doctorado (AC).**

EGM-2

**Análisis filogenómico del complejo heterodisúlfuroreductasa (HdrABC) en genomas microbianos**

**Phylogenomic analysis of heterodisulfide reductase complex (HdrABC) in microbial genomes**

**García-González, Rodrigo**[1,2].,Cárdenas, Juan Pablo[2,1].,Holmes, David S.[1,2].

[1]Ciencias Biológicas Universidad Andrés Bello.

[2]Center of Bioinformatics and Genome Biology Fundación Ciencia y Vida.

El complejo heterodisúlfuro reductasa (HdrABC) encontrado en metanógenos, cataliza una reacción de bifurcación electrónica como parte de un sistema posiblemente primitivo de utilización de energía. Su rol en metanogénesis ha sido bien estudiado; no obstante, estudios anteriores han encontrado diversos ortólogos de *hdrABC* en genomas de microorganismos no-metanógenos. Esto sugiere que el complejo HdrABC cumple roles funcionales alternativos en procariotas. Para abordar esta hipótesis se llevó a cabo un estudio filogenómico del complejo HdrABC en microorganismos completamente secuenciados (> 2200 genomas). Los resultados indican que el complejo HdrABC cuenta con ortólogos en reductores (SulpRED) y oxidadores de azufre (SulpOX) además de metanógenos. Los árboles filogenéticos de HdrB/HdrC muestran una fuerte "clusterización" de los ortólogos provenientes de organismos SulpOX y metanógenos. Por otro lado, análisis de agrupamiento (basados en *spectral clustering*) revelan una alta variabilidad de los ortólogos de HdrA, HdrB y HdrC en organismos SulpRED, sugiriendo múltiples orígenes o diversificación funcional del complejo en este grupo. Los estudios efectuados permiten proponer un modelo preliminar de la evolución del complejo HdrABC en genomas microbianos. Esta información es útil para entender aspectos sobre las propiedades metabólicas de los organismos en etapas tempranas de la historia de la Vida.

**Agradecimientos: Fondecyt 1130683, Basal PFB-16; beca CONICYT de Doctorado.**

EGM-3

**Análisis de Genómica Comparativa del género *Acidithiobacillus* para comprender su relación evolutiva**

**Comparative-Genomics analyses of *Acidithiobacillus* genus to understand their evolutionary relationships**

**González, Carolina**[1,2].,Guzmán, Darwin[2].,Tapia, Paz[2].,Valdés, Jorge[2].,Holmes, David S.[1].

[1]Center for Bioinformatics and Genome Biology, Facultad de Ciencias Biológicas, Fundación Ciencia & Vida, Universidad Andrés Bello.

[2]Bio-Computing Division, Center for System Biotechnology, Fraunhofer Chile Research Foundation.

The *Acidithiobacilli* are Gram-negative proteobacteria that are characterized by their ability to derive energy from inorganic sources, to thrive in extremely low pH acidic conditions and high concentrations of heavy metals. They are found in acid mine drainage and as part of a consortium of microorganisms involved in the industrial recovery of metals. The taxonomic classification of this group has been controversial and recent analyses suggest that *Acidithiobacillus* species represent a new lineage, termed *Acidithiobacillia,* within the Proteobacteria, rather than the gamma division previously assigned to it. To investigate the evolutionary relationship within acidithiobacilli and to help clarify their taxonomic placement, we have take advantage of the genomic sequences of seven *Acidithiobacillus* isolates. We described by comparative genomics analyses a pan- and core-genome shared by the seven isolates, distinguishing between stabilome and mobilome, to provide a clearer picture of essential, dispensable and unique genes present in each member. A comparison of average nucleotide identity and tetranucleotide signature was performed to better define the current taxonomic classification of each representative. Finally, groups of conserved genes were analysed to evaluate their conservation and evolution. This study analyses genome information in order to deepen our understanding of bacterial species concept in the *Acidithiobacillus* genus. Essential, dispensable and unique genes and their molecular functions were identified helping to explain the evolution and functional partitioning of each representative of the Acidithiobacilli in extremely acidic environments. It also provides a comprehensive platform for the classification and analysis of current and future metagenomic data from acidic environments.

**Sponsored by Grants From CONICYT Doctoral Fellowship, CONICYT Basal CCTE PFB16, FONDECYT 1130683 To D.H. And 11110434 To J.V. And InnovaChile-CORFO (FCR-CSB 09CEII-6991)**

EGM-4

**Efecto del sistema de dos componentes PhoP/PhoQ en la resistencia a peróxido de hidrógeno mediada por RpoS en *Salmonella enterica* serovar Typhi y *Salmonella enterica* serovar Typhimurium.**

**Effect of the two-component system PhoP/PhoQ in resistance to hydrogen peroxide mediated RpoS in *Salmonella enterica* serovar Typhi and *Salmonella enterica* serovar Typhimurium.**

**HERNANDEZ, M.F.**[1].,Ortega, A.[1].,Fuentes, J. A.[1].

[1]Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

*Salmonella enterica* serovar Typhi (*S.* Typhi) y Typhimurium (*S.* Typhimurium) comparten más del 90% de identidad a nivel nucleotídico. Sin embargo *S.* Typhi es un patógeno específico del ser humano y *S.* Typhimurium de hospedero generalista infectando a humanos y animales. PhoP/PhoQ y RpoS son los reguladores globales de virulencia más importantes en *Salmonella enterica*. El factor RpoS, es necesario para la bacteria en fase estacionaria, resistencia a peróxido de hidrógeno ($H_2O_2$), pH ácido y alta osmolaridad. PhoP/PhoQ es activado en condiciones de bajo $Mg^{2+}$ y pH ácido. Se sabe que en *S.* Typhimurium la activación del sistema PhoP/PhoQ estabiliza los niveles de RpoS, y que la falta de *phoP* produce la desaparición de RpoS. Trabajos de nuestro laboratorio muestran que cepas *S.* Typhi Δ*phoP* producen un leve aumento en la acumulación de RpoS y la sobreexpresión de *phoP* disminuye la acumulación de RpoS en este serovar. Mediante ensayos de supervivencia a $H_2O_2$ en condiciones activadoras de PhoP/PhoQ y RpoS de determinó que la resistencia a $H_2O_2$ depende de PhoP/PhoQ en *S.* Typhimurium. Por el contrario encontramos que en *S.* Typhi la resistencia a $H_2O_2$ es mayor cuando se ensayan cepas Δ*phoP*/*phoQ*. Estos resultados sugieren que el efecto de PhoP/PhoQ en la regulación de *rpoS*, es distinto en ambos serovares. Así diferencias de regulación de los factores regulatorios más importantes podría explicar, al menos en parte, la especificidad de hospedero de los serovares estudiados y el por qué de los diferentes síntomas que causan dependiendo del hospedero infectado.

**Financiamiento: Proyecto de Iniciación FONDECYT 11121506.**

EGM-5

**Evaluación enológica en mutantes *ICY1* y *ATO2* de cepas vínicas de *Saccharomyces cerevisiae* en mosto con bajo nitrógeno.**

**Analysis of oenological traits of *ICY1* and *ATO2* mutants in wine *Saccharomyces cerevisiae* strains grown in low nitrogen must**

**Martinez, C**[1].,Garcia, V[1].,Ganga, A[1].

[1]Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Tecnológica, Universidad De Santiago De Chile.

Una de las limitantes en el proceso de vinificación es el nivel de nitrógeno presente en el mosto, esto debido a que bajos niveles de nitrógeno respecto al de carbono pueden enlentecer o detener el proceso de fermentación. Para obtener un mayor control sobre esta variable, trabajos previos en cepas vínicas de *Saccharomyces cerevisiae* lograron identificar genes involucrados en la asimilación del nitrógeno, como por ejemplo *ICY1* y *ATO2*, cuya función en la levadura es aún desconocida. Con el objetivo de determinar el rol de estos genes en el proceso de fermentación, en este trabajo se realizó una sobreexpresión y una deleción de cada gen, para posteriormente evaluar sus perfiles enológicos y las cinéticas de fermentación en mosto sintético bajo en nitrógeno (MS60: 60 mg N/L) y mosto natural Carmenre. Los resultados de este trabajo muestran diferencias a una menor eficiencia fermentativa, consumo de azúcares y aminoácidos en medio MS60 en la cepa que expresaba constitutivamente el gen *ICY1*. Por otro lado, se encontraron diferencias en MS60 al delecionar y expresar constitutivamente el gen *ATO2*, donde se presentó menor consumo de amonio y mayor consumo de fuentes de nitrógeno, respectivamente. Estos resultados sugieren que *ICY1* estaría involucrado en la disponibilidad del metabolito alfa-cetoglutarato en el citoplasma para la síntesis de aminoácidos, afectando la asimilación de estos y que *ATO2* como excretor de amonio en la célula, influiría en la regulación de las rutas de señales activadas en carencia de fuentes de nitrógeno.

EGM-6

**Fenotipificación de resistencia a fungicidas en aislados nativos de *Saccharomyces cerevisiae***

**Phenotyping of fungicide resistance in native isolates of *Saccharomyces cerevisiae***

**Kessi-Pérez, EI**[1].,Martínez, C[1,2].,Cubillos, FA[1,2].

[1]Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos Universidad de Santiago de Chile (USACH).

[2]Centro de Estudio en Ciencia y Tecnología de los Alimentos (CECTA) Universidad de Santiago de Chile (USACH).

Gran parte de los rasgos fenotípicos en la naturaleza presentan variaciones cuantitativas, siendo un importante desafío actual determinar las bases genéticas de dichas variaciones. El mapeo por ligamiento ha permitido la identificación de loci de caracteres cuantitativos (QTLs) en diversos organismos a través de su vinculación genética con marcadores. La levadura *S. cerevisiae* se ha convertido en un modelo para el mapeo de QTLs por su alta variabilidad genética y fenotípica. En este contexto, la utilización de poblaciones recombinantes ha permitido determinar las bases moleculares de la variación natural para, por ejemplo, una serie de fenotipos de interés enológico. Este trabajo busca caracterizar la variación natural de resistencia a fungicidas en cepas de *S. cerevisiae*. Para esto, tres fungicidas con distintos blancos de acción utilizados en la industria vitivinícola fueron estudiados (tiabendazol, mancozeb y captan). Inicialmente, la resistencia a cada uno de ellos fue evaluada en cepas representativas de linajes puros descritos hasta ahora en *S. cerevisiae* (North American 'NA', Sake 'SA', West African 'WA' y Wine/European 'WE'). Resultados iniciales indican que las cepas NA y WE presentan mayor resistencia a tiabendazol, SA y WA a captan, y SA a mancozeb. Análisis preliminares en poblaciones recombinantes muestran diferentes niveles de resistencia, sugiriendo diferencias a nivel genético entre las cepas parentales para los caracteres en estudio. Un posterior mapeo por ligamiento de QTLs permitirá determinar las variantes alélicas involucradas en la resistencia a fungicidas en poblaciones naturales de *S. cerevisiae.*

EGM-7

**Caracterización de la isla genómica que contiene al sistema productor del péptido antibacteriano microcina E492 en *Klebsiella pneumoniae* RYC492**

**Núñez, Gonzalo**[1].,Marcoleta, Andrés[1].,Lagos, Rosalba[1].

[1]Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Ciencias, Universidad De Chile. (Sponsored by Rosalba Lagos M.)

Dentro del cromosoma de diversas cepas bacterianas es posible encontrar regiones cuyas características (porcentaje de G+C, uso de codones, etc) difieren del resto del genoma. Estas regiones han sido denominadas islas genómicas, algunas de las cuales son capaces de escindirse del cromosoma mediante recombinación sitio-específica, y de ser transferidas horizontalmente, otorgando así nuevas propiedades a su huésped.

*Klebsiella penumoniae* RYC492 es una cepa que produce el péptido antibacteriano microcina E492 (MccE492), el cual además de su actividad tóxica sobre enterobacterias posee propiedades antitumorales y forma fibras amiloides. A partir de la secuenciación y análisis del genoma de *K. pneumoniae* RYC492, se encontró que el sistema productor de la MccE492 forma parte de una potencial isla genómica.

Mediante alineamiento de secuencias y comparación entre distintos genomas se identificó una secuencia de 17 pb que podría corresponder al sitio de recombinación para la inserción y escisión de la isla genómica. Utilizando partidores específicos se realizó PCR anidado y secuenciación del producto de PCR, comprobando que el sistema productor de MccE492, presente en *K. pneumoniae* RYC492, se encuentra en una isla genómica que posee la capacidad de escindirse del cromosoma.

EGM-8

**Pseudogenización de *marT* en *Salmonella* Typhi favorece la resistencia al estrés oxidativo dado por $H_2O_2$.**

**Pseudogenization of *marT* gene in *Salmonella* Typhi contributes to the resistence to oxidative stress with $H_2O_2$**

**Ortega, A**[1].,Urrutia, IM[1].,Hernández, M.F.[1].,Mora, GC[1,2].,Fuentes, JA[1].

[1]Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Unidad de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Andrés Bello.

*Salmonella* Typhimurium (STM) y Typhi (STY) son patógenos con >95% de identidad genómica, aunque existen diferencias entre ellos: STM es hospedero generalista mientras que STY es especialista. Estas diferencias fenotípicas pueden explicarse por diferencias genéticas entre serovares. El gen *marT* en STM codifica un factor transcripcional que regula la activación de *misL*, una proteína de unión a fibronectina que participa en colonización intestinal. Sin embargo, *marT* corresponde a un pseudogén en STY. Se ha reportado que algunos pseudogenes participan en la especificidad de hospedero. Por ello, estudiamos el rol de la pseudogenización de *marT* en STY en la interacción con células U937. Encontramos que la cepa de STY que expresa $marT_{STM}$ presenta defectos de proliferación en macrófagos U937 con respecto a la WT. Dicho defecto de proliferación podría explicarse por una sensibilidad incrementada a $H_2O_2$ de acuerdo a nuestros resultados *in vitro*. Además, estudios de expresión determinaron que $marT_{STM}$ reprime al gen *t3766* en STY. En ensayos de supervivencia posteriores determinamos que el gen *t3766* participa en la resistencia a $H_2O_2$ y cepas Δ*t3766* presentan defectos de proliferación en U937. Estos resultados sugieren que la pseudogenización de $marT_{STY}$ contribuye en patogenicidad favoreciendo la proliferación en células U937 al permitir la expresión de *t3766*, un gen no caracterizado implicado en la resistencia a estrés por $H_2O_2$.

**Financiamiento: Proyecto UNAB: DI-38-11/R Proyectos Fondecyt: 1110120 y 11121506.**

EGM-9

**Filogenia de *Salmonella enterica* a través del análisis de una secuencia parcial del gen *rpoB*.**

**Phylogeny of *Salmonella enterica* based on a partial *rpoB* gene sequence.**

Fresno, Marcela[1].,**Retamal, Patricio[2]**.

[1]Departamento de Medicina Preventiva Animal, Programa de Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Universidad de Chile.

[2]Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

*Salmonella enterica* es uno de los agentes causales más frecuentes de enfermedades transmitidas por alimentos en Chile y en el mundo. El serovar más comúnmente involucrado en casos de gastroenteritis humanas es Enteritidis. En las granjas avícolas chilenas, *S. enterica* se considera una infección endémica y se incluye dentro de los patógenos de notificación obligatoria definidos por el Servicio Agrícola y Ganadero (SAG), debido a la relación directa de esta industria con la presentación de la infección en seres humanos. El gen *rpoB* ha sido propuesto como una alternativa confiable para realizar análisis filogenéticos, ya que es altamente conservado entre bacterias y posee una copia única en los genomas bacterianos, además de poseer regiones hipervariables, que permiten la identificación de diversas especies bacterianas y la comparación entre cepas para la detección de polimorfismos. El análisis de una región hipervariable de 847 pb en este gen, facilita una determinación rápida al serotipo de *S. enterica*, pudiendo ser utilizada en forma complementaria al costoso y largo proceso de serotipificación. Por lo tanto, el grado de variación de esa secuencia permite identificar cepas a nivel de subespecies. Sin embargo, el análisis de cepas provenientes de aves silvestres, aves comerciales y seres humanos sugiere que no existen polimorfismos del gen *rpoB* entre hospederos, requiriéndose otros ensayos moleculares de mayor poder de discriminación para caracterizar ciclos de transmisión dentro de un mismo serotipo.

**Sponsored by Proyecto Fondecyt 11110398**

EGM-10

**Análisis de la diversidad genética de *Arcobacter cryaerophilus* mediante tipificación por secuenciación de múltiples loci (MLST).**

**Analysis of genetic diversity of *Arcobacter cryaerophilus* using multilocus sequence typing (MLST).**

**Salgado, Oscar**[1].,Collado, Luis[1].

[1]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral De Chile.

*Arcobacter cryaerophilus* es un patógeno emergente asociado a gastroenteritis en humano e infertilidad en ganado. Esta especie es altamente heterogénea genéticamente lo que dificulta establecer relaciones epidemiológicas. Por lo tanto, nuestro objetivo fue reconocer su diversidad genética determinando la existencia de complejos clonales (CCs) que podrían indicar asociaciones entre reservorios y vías de transmisión. Se analizaron 13 cepas de distintos huéspedes (humanos, animales y alimentos) y orígenes geográficos (Chile, Brasil, Costa Rica, Nueva Zelanda y España), complementando las 85 cepas disponibles en la base de datos PubMLST. Se secuenciaron 7 genes esenciales (*asp*A, *atp*A, *gln*A, *glt*A, *gly*A, *pgm* y *tkt*) y se determinaron los alelos, secuencias tipo (ST) y CCs. Finalmente se compararon estos datos con los disponibles en PubMLST para *Arcobacter butzleri* y *Campylobacter jejuni* mediante el software eBURST. En nuestras cepas se obtuvo 11 ST nuevas, con 38 alelos conocidos y 53 nuevos. Complementando nuestros resultados con los de la base de datos, pudimos comprobar que *A. cryaerophilus* presenta una alta diversidad genética, formando escasos CCs. Una de nuestras cepas clínicas presentó el genotipo más frecuente de la base de datos (ST 210). *Arcobacter cryaerophilus*, al igual que *A. butzleri*, presentó una mayor diversidad genética y una clonalidad menor que *C. jejuni*, esto podría sugerir mayor versatilidad para la especialización en sus diferentes nichos. No fue posible relacionar los CCs obtenidos con reservorios y vías de transmisión. Sin embargo, el análisis de un mayor número de cepas podría ser útil para clarificar estos aspectos.

**Financiamiento: Proyecto DID-UACh S-2013-06.**

EGM-11

**Uso de RNA-Seq para el estudio de genes diferencialmente expresados en *C. elegans* infectado con *Salmonella* Typhi o *Salmonella* Typhimurium: Implicancias en la interacción hospedero-patógeno.**

**Study of differential expressed genes of *C. elegans* infected with *S.* Typhi or *S.* Typhimurium using RNA-Seq: Host-pathogen interaction implications.**

**Trombert, A. Nicole**[1].,Calixto, Andrea[1].,Bravo, Scarleth[2].

[1]Centro de Genómica y Bioinformática, Facultad de Ciencias, Universidad Mayor.

[2]Centro Genómica y Bioinformática, Facultad de Ciencias, Universidad Mayor.

En la relación patógeno-hospedero existen complejos mecanismos de interacción que buscan garantizar la supervivencia mutua. Esto se refleja en una serie de interacciones moleculares en la medida que la infección se sucede. La identificación de esta red puede aportar en el desarrollo de nuevas drogas y vacunas. *Salmonella enterica* es un patógeno intracelular facultativo cuyos mecanismos de patogenicidad han sido bien caracterizados lo que hace que exista una gran cantidad de información disponible. En paralelo, *C. elegans* es un animal ampliamente usado como modelo de infección cuyo genoma está completamente secuenciado. **Objetivo:** Usar RNA-SEq en un modelo de infección *C. elegans-Salmonella.* **Métodos**: Los gusanos se infectaron por 4 y 30 h con *S.*Typhi o *S.*Typhimurium, se lisaron y se obtuvo RNA total. El RNA se secuenció por Illumina. Para obtener los genes diferencialmente expresados (GDE) de *C. elegans* se realizó edgeR y se analizó funcionalidad por GO. **Resultados:** Mientras que en *S.* Typhi a las 4 h los GDE son 1079 y a las 30 h son 1146 (incluyendo RNAs no codificantes), en *S.* Typhimurium son 203 y 447, respectivamente. Según las categorías GO, en *S.* Typhi se observa que los GDEs se relacionan con metabolismo, desarrollo de la larva y reproducción, mientras que en *S.* Typhimurium las funciones corresponden a procesos celulares globales y síntesis de cutícula. **Conclusión:** La infección de *C. elegans* con *Salmonella* genera la producción de GDEs cuyo número y potenciales funciones dependen tanto del tiempo como del serovar al momento de la infección.

EGM-12

**Genómica comparativa en la Clase *Acidithiobacillia*: pan-genómica, presión selectiva y transferencia horizontal de genes.**

**Comparative genomics of the Class *Acidithiobacillia*: pan-genome, selective pressure and horizontal gene transfer.**

**Ugalde, Juan A.**[1].,Beard, Simon[2].,Allen, Eric E.[1].

[1]Scripps Institution of Oceanography University of California, San Diego.

[2]Biotecnologías Antofagasta S.A. Biotecnologías Antofagasta S.A..

Las poblaciones microbianas están constantemente adaptándose a múltiples condiciones bioticas y abioticas a las que se ven sometidas. En el presente trabajo, exploramos a nivel genómico estas adaptaciones analizando los genomas disponibles de la Clase Acidithiobacillia, particularmente en el género Acidithiobacillus, identificando genes comunes y únicos en los genomas analizados, y aquellos posiblemente adquiridos a través de transferencia horizontal de microorganismos no relacionados. Utilizando orthoMCL, de un total de 21.957 proteínas predichas en los siete genomas especies del género Acidithiobacillus disponibles en bases de datos públicas, agrupamos 17.989 proteínas en 3.857 familias, algunas de la cuales son comunes entre los genomas y otras son específicas de especies o cepas. Estos grupos incluyen proteínas que son compartidas por todos los genomas en copia única, que definen un core común del género y que pueden ser utilizadas para clasificaciones filogenéticas. Por su parte, los grupos de proteínas específicas a ciertas especies y/o cepas representan un conjunto de funciones que pueden asociarse al medio ambiente (tanto el componente biotico y abiotico) específicos en el que se encuentran. Complementario a este análisis, estudiamos los diferentes grupos de proteínas, para identificar candidatos que evidencien presión selectiva en ciertos organismos, pudiendo ser asociado a condiciones únicas de cada especie y/o cepa. Finalmente, identificamos aquellos genes que muestran evidencia de haber sido adquiridos por transferencia horizontal y exploramos la implicancia de la presencia de estos genes en los diferentes organismos estudiados.

EGM-13

**_ShdA_ participa en la Adherencia-Invasión en el proceso infectivo de _Salmonella_ Typhi en células humanas HEp-2 .**

**_ShdA_ participates in Adherence-Invasion during the process of infection of _Salmonella_ Typhi in human cell line HEp-2.**

**Urrutia, IM**[1].,Ortega, A.[1].,Valenzuela, LM[1].,Mora, GC[1,2].,Fuentes, JA[1].

[1]Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Unidad de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Andrés Bello.

*Salmonella enterica* serovar Typhi (*S.* Typhi) sólo infecta humanos, produciendo fiebre tifoidea. Por otro lado, *Salmonella enterica* serovar Typhimurium (*S.* Typhimurium) puede infectar un amplio rango de hospederos, produciendo una gastroenteritis autolimitada en humanos. *S. enterica* tiene una isla de patogenicidad llamada CS-54 (o SPI-23), que contiene genes muy importantes para la virulencia de *S.* Typhimurium. Entre éstos, *shdA* codifica para un sistema de secreción tipo V que reconoce especificamente la fibronectina. Sin embargo se cree que *shdA* es pseudogén en *S.* Typhi, por lo que no se produciría una proteína funcional. En este trabajo, hemos analizado cómo el pseudogén Ψ*shdA* contribuye en la patogenicidad cuando se enfrenta a líneas celulares humanas. Con el fin de evaluar el rol del pseudogén Ψ*shdA* en adherencia, invasión y proliferación, construimos cepas *S.* Typhi ΔΨ*shdA* y llevamos a cabo los ensayos usando células HEp-2. Para mutantes *S.* Typhi ΔΨ*shdA*, encontramos un defecto en adherencia e invasión sólo cuando las células epiteliales fueron tratadas previamente con TGF-β1, factor que induce la producción de fibronectina en células HEp-2. Además, el anticuerpo anti Flag afectó negativamente la adherencia e invasión sólo en cepas *S.* Typhi Ψ*shdA*-3xFlag, exhibiendo un fenotipo comparable al de la cepa ΔΨ*shdA*. En todos los casos, la complementación en trans de las mutantes revirtió al fenotipo silvestre. Estos resultados sugieren fuertemente que *shdA* es funcional en *S.* Typhi.

**Financiamiento: Fondecyt 1110120 y 11121506.**

EGM-14

**Efecto del gen *sopE2* de *Salmonella* Typhimurium en la interacción de *Salmonella* Typhi con células epiteliales intestinales HEp-2.**

**Effect of *sopE2* gene from *Salmonella* Typhimurium in the interaction of *Salmonella* Typhi with human cell line HEp-2.**

**Valenzuela, L**[1].,Mora, G[1,2].,Fuentes, J[1].

[1]Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.[2]Unidad de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Andrés Bello.

*Salmonella* Typhimurium (STm) y *Salmonella* Typhi (STy) poseen diferencias en su rango de hospedero. STm infecta a un amplio rango de hospederos, mientras que STy sólo infecta humanos. Durante el ciclo infectivo, *Salmonella* secreta proteínas efectoras a través del sistema de secreción de tipo 3 codificado en la SPI-1. Estas proteínas permiten la invasión a células epiteliales intestinales. Entre éstas se encuentra SopE2, un importante factor de virulencia en *S.* Typhimurium, cuya función es intercambiar guanina en la enzima eucarionte Rho GTPasa Cdc42, favoreciendo la invasión de STm a las células epiteliales intestinales. En STy, *sopE2* se encuentra anotado como pseudogén debido a una deleción nucleotídica puntual. Considerando que la pseudogenización contribuye en la infección sistémica de STy en humanos, quisimos averiguar si el gen *sopE2* funcional de STm podía influir en la invasión a líneas celulares epiteliales si se expresaba en STy. Para ello, se evaluó la invasión en células HEp-2 de la mutante STy $\Delta sopE2_{STY}$::$sopE2_{STM}$ y se comparó con la WT. Se encontró que el gen *sopE2* de STm expresado en *cis* en STy disminuye significativamente la invasión a células HEp-2, lo que sugiere que la inactivación de *sopE2* pudo contribuir a una mejor adaptación de STy al hospedero humano.

**Financiamiento: Proyecto FONDECYT1110120 y 11121506.**

EGM-15

**Efecto del gen *sopA* de *Salmonella* Typhimurium en la interacción de *Salmonella* Typhi con monocitos humanos U937.**

**Effect of *sopA* gene from *Salmonella* Typhimurium in the interaction of *Salmonella* Typhi with human monocytes U937.**

**Valenzuela, L. M.**[1].,Urrutia, I. M.[1].,Salcedo, C. A.[1].,Mora, G. C.[1,2].,Fuentes, J. A.[1].

[1]Ciencias Biológicas, Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Unidad de Microbiología, Medicina, Universidad Andrés Bello.

*Salmonella enterica* subespecie *enterica* posee serovares generalistas que infectan un amplio rango de hospedero, como *S.* Typhimurium, y existen serovares hospedero restringido, como *S.* Typhi, que causan una infección sistémica en humanos. *S. enterica* posee dos *clusters* genómicos esenciales para su ciclo infectivo, SPI-1 y SPI-2, que exportan un conjunto de proteínas secretoras necesarias para la infección. Entre éstas se encuentra SopA, una proteína que participa en la inflamación e invasión a células epiteliales intestinales polarizadas, y se ha identificado su presencia intracelular a los 7 días post-infección en el hígado de ratones BALB/c infectados con *S.* Typhimurium. En *S.* Typhi, *sopA* se encuentra anotado como pseudogén, por lo que la presencia del gen funcional en *S.* Typhi podría afectar la patogenicidad al enfrentarse a líneas celulares de origen humano. En este trabajo se evaluó el efecto del gen *sopA* de *S.* Typhimurium en la interacción de *S.* Typhi con monocitos humanos U937, comparando la proliferación entre cepas mutantes y complementadas a las 24 horas postinfección con ensayos de protección a gentamicina. Se encontró que la presencia del gen funcional *sopA* de *S.* Typhimurium complementado en *cis* en *S.* Typhi aumenta significativamente la capacidad proliferativa de este serovar en la interacción con monocitos humanos U937, lo que sugiere que la presencia del gen funcional en *S.* Typhi provoca una alteración en los mecanismos de patogenicidad de la bacteria.

**Financiamiento: FONDECYT 1110120 y 11121506.**

FIM-1

**Identificación y caracterización de la cepa halotolerante *Exiguobacterium* sp. aislada desde el Salar de Huasco.**

**Identification and characterization of halotolerant strain *Exiguobacterium* sp. isolated from Salar de Huasco.**

**Aguilar, Pablo**[1].,Fortt, Jonathan[2].,Dorador, Cristina[3].,Remonsellez, Francisco[1].

[1]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias Geológicas, Universidad Católica Del Norte.

[2]Departamento Biotecnologia y ciencias de los alimentos, Facultad de ciencias del mar y recursos biologicos, Universidad De Antofagasta.

[3]Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Facultad de ciencias del mar y recursos biologicos, Universidad de Antofagasta. (Sponsored by Francisco Remonsellez Fuentes)

Las bacterias del género *Exiguobacterium* son anaerobias facultativas, gram-positivas, y con un bajo contenido de G+C. Este género se ha detectado en diversos ambientes, incluyendo ambientes extremos tales como hielos en glaciares de Groenlandia, Siberia (Rusia), fuentes hidrotermales en Parque Yellowstone, y lagos salinos en el Altiplano de los Andes. En este trabajo, la cepa *Exiguobacterium* sp., caracterizada a nivel molecular y fisiológico, se aisló desde agua y sedimento del Salar de Huasco. Este Salar es un humedal salino ubicado a 3.800 m.s.n.m. en el Altiplano del norte de Chile, el cual exhibe condiciones como temperatura anual media <5°C, baja presión atmosférica, alta radiación solar, entre otros. El microorganismo mostró una identidad del 99 % con la cepa *Exiguobacterium aurantiacum* DSM 6208 mediante el análisis de la secuencia del gen ribosomal 16S. La cepa *Exiguobacterium* sp. fue capaz de crecer en ausencia de sal, y toleró hasta 50 g/L NaCl. Esta cepa tiene la característica de ser pigmentada, y de presentar ácidos grasos metil éster de los tipos 12-Me C14:0 (65,4 %), C17:0 (13,3 %) y C16:0 (11,9 %) en presencia de distintas concentraciones de NaCl. Además, se determinó que el microorganismo presenta movilidad tipo “swimming” dependiente de la concentración de sal, y esta movilidad podría deberse a la presencia de un único flagelo polar observado mediante microscopía electrónica de transmisión. Actualmente, otros mecanismos moleculares de osmoadaptación se están analizando mediante la obtención del genoma completo de este microorganismo.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 11100414.**

FIM-2

**Estudio de la formación de amiloides intracelulares del péptido antibacteriano Microcina E492.**

**Intracellular amyloid formation of the antibacterial peptide Microcin E492.**

**Aguilera, Paulina**[1].,Marcoleta, Andrés[1].,Monasterio, Octavio[1].,Lagos, Rosalba[1].

[1]Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile.
(Sponsored by Rosalba Lagos Mónaco)

Tradicionalmente, la amiloidogénesis se ha asociado con neuropatologías humanas, sin embargo, en el último tiempo se han reportado diversas proteínas capaces de formar agregados amiloides que cumplen un rol biológico, especialmente en bacterias, siendo un proceso más ubicuo de lo que se pensaba. Dicho fenómeno ha sido estudiado principalmente *in vitro,* sin considerar la gran cantidad de factores celulares capaces de controlarlo. La Microcina E492 (MccE492) es un péptido antibacteriano capaz de formar fibras amiloides *in vitro*. El objetivo principal del presente trabajo fue determinar si la MccE492 es capaz de formar depósitos amiloides intracelulares, y así desarrollar un modelo para estudiar la amiloidogénesis *in vivo*. Para ello, se caracterizaron mediante microscopía de fluorescencia células de *E. coli* que contenían los determinantes genéticos para la producción de MccE492, observándose inclusiones intracelulares teñidas con la sonda específica para amiloides BTA-1. Adicionalmente, al observar células que expresaban el péptido MccE492 fusionado con la proteína fluorescente mCherry, se constató que las inclusiones aparecen como focos sin emisión de fluorescencia. Para evaluar la evolución de las inclusiones de MccE492 durante el crecimiento bacteriano, se construyó un sistema que permite una expresión finamente regulada del gen que codifica dicha proteína. Sin embargo, la formación de inclusiones no se correlaciona directamente con la sobreexpresión de la proteína, reafirmando la importancia de factores celulares indeterminados en el proceso amiloidogénico.

**Financiado por proyecto Fondecyt 1100141.**

FIM-3

**Un riboswitch regula la expresión de una tirosil-tRNA sintetasa de *Acidithiobacillus ferrooxidans.***

**A riboswitch regulates the expression of a Tyrosyl-tRNA synthethase from Acidithiobacillus ferrooxidans.**

Bustamante, P[1].,**Garcias, H[1]**.,Salazar, O[2].,Orellana, O[1].

[1]ICBM, Programa de Biología Celular y Molecular, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

[2]Centro de Ingeniería Bioquímica y Biotecnología, Departamento de Ingeniería Química y Biotecnología, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile.

Los riboswitch son elementos genéticos que modulan la transcripción o traducción de un gen a través de la formación de estructuras secundarias alternativas en el mRNA en respuesta a la unión de metabolitos específicos. La familia T-box detecta el nivel de aminoacil-tRNA como una molécula señal y modula la expresión de genes involucrados en el metabolismo de aminoácidos y síntesis de proteínas. Los mRNA regulados por este mecanismo, presente principalmente en bacterias Gram-positivas, poseen una región líder 5´ que no se traduce y que puede formar estructuras de terminación y antiterminación de la transcripción. *A. ferrooxidans*, una bacteria Gram-negativa, acidófila y quimiolitoautotrófica, codifica para una tirosil-tRNA sintetasa, TyrRZ, con similitud de secuencia aminoacídica con la enzima de *B. subtilis*. Se determinó que la región líder de este gen posee secuencias y características estructurales similares a un T-box. Además, la actividad específica *in vivo* de TyrRZ aumenta cuando se agrega al medio de cultivo un análogo de tirosina. En este trabajo medimos los niveles de transcripción de *tyrZ* en distintas condiciones de cultivo por qRT-PCR y Northern blot. También se midió la actividad de la región líder para generar terminación de la transcripción en respuesta a tirosina. Los resultados informados dan indicios que la región líder podría regular la expresión del mRNA *tyrZ* a través de un mecanismo de riboswitch. Si la molécula señal que detecta este riboswitch corresponde al aminoácido o al $tRNA^{Tyr}$ está en estudio y se discute en este trabajo.

**Financiado por Fondecyt 1110203 (OO).**

FIM-4

**Reconstrucción bioinformática de la vía del c-di-GMP en el genoma flexible de bacterias del género *Acidithiobacillus.***

**Bioinformatic reconstruction of c-di-GMP pathway in *Acidithiobacillus* flexible genomes.**

**Castro, Matías**[1,2].,Guiliani, Nicolas[1].,Quatrini, Raquel[2].

[1]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile.

[2]Laboratorio de Ecofisiología Microbiana Fundación Ciencia y Vida.

Los *Acidithiobacilli* son bacterias extremófilas acidófilas quimiolitoautotróficas cuyo metabolismo está implicado en la disolución de minerales. Este proceso se favorece directa o indirectamente por la adherencia celular a la superficie de los minerales y la subsiguiente formación de biopelículas. En distintas bacterias, la transición entre los estados planctónico unicelular y adherido multicelular es regulada por los niveles intracelulares del segundo mensajero diguanilato cíclico (c-di-GMP). La vía del c-di-GMP involucra módulos independientes compuestos por: las enzimas diguanilato ciclasas (DGCs) que median la síntesis del c-di-GMP; las fosfodiesterasas (PDEs) que catalizan su degradación; efectores que une el c-di-GMP; y componentes blanco que determinan un fenotipo en respuesta a la interacción directa con el complejo efector/c-di-GMP. Recientemente, se ha descrito y caracterizado una vía de señalización mediante c-di-GMP común en los *Acidithiobacill*i, la cual podría regular la adherencia de estas bacterias al sustrato. Sin embargo, los elementos que componen los distintos módulos de transducción mediante c-di-GMP en *Acidithiobacillus* aún son desconocidos. Por otra parte, en distintas especies de *Acidithiobacillus* se han caracterizado elementos genéticos móviles (EGMs) que contienen genes accesorios involucrados en el desarrollo de biopelículas, indicando que estos elementos podrían influir en la capacidad de adhesión al sustrato de estas bacterias. En este trabajo caracterizamos *in silico* elementos de la vía del c-di-GMP en distintos EGMs identificados en miembros del género, permitiendo relacionar los distintos componentes del metabolismo del c-di-GMP con efectores candidatos involucrados en la formación de biopelículas en *Acidithiobacillus.*

**Agradecimientos: Fondecyt 1100887; Fondecyt 1120295.**

FIM-5

**Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianos (CChRGM), primer Banco para el resguardo del patrimonio microbiano de Chile y única autoridad internacional de depósito (IDA) de Latinoamérica.**

**Chilean Collection Microbial Genetic Resources (CChRGM), First Bank for safeguarding heritage and unique microbial Chile International Depositary Authority (IDA) of Latin America.**

**Castro, J**[1].,France, A[1].

[1]Banco Microbiano Instituto de Investigación Agropecuaria.

En nuestro país es creciente el interés por el estudio y la conservación de la biodiversidad. Una forma de contribuir con esto ha sido la creación del Banco de Recursos Genéticos Microbianos en el Instituto de Investigación Agropecuaria (INIA). Este Banco de carácter público resguarda los recursos microbiológicos del país, a través de la conservación de los microorganismos y también con la investigación que entregue información de las aplicaciones biotecnológica de estos, de forma de poder reforzar la generación de productos e industrias eco-eficientes, entregando material confiable, autenticado y su información asociada. Actualmente el Banco de la Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianos cuenta con más de dos mil cepas de microorganismos (entre hongos, bacterias y nemátodos) los cuales se encuentran resguardados bajo métodos de conservación que aseguran su sobrevida por un extenso periodo de tiempo. tecnológica de estos Además de poder conservar los recursos microbianos el Banco de la Colección Chilena se ha acreditado como Autoridad Internacional de Depósito (IDA) cumpliendo con todas las disposiciones establecidas en el Tratado de Budapest, de esta manera contribuye enormemente al patentamiento de invenciones que consideren la utilización de microorganismos evitando tener que realizar el depósito de las cepas involucradas en una patente en bancos que se encuentran distantes al país. El desarrollo de este Banco no solo representa un gran avance para Chile, sino también para toda la región ya que es el primero en convertirse en IDA dentro de Latinoamérica.

FIM-6

**Los factores transcripcionales ArcA y MarA modulan positivamente la expresión de *ompX* de *Salmonella entérica* serovar Typhimurium frente a peróxido de hidrógeno.**

**ArcA and MarA transcription factors positively modulate *ompX* expression of Salmonella enterica serovar Typhimurium in response to hydrogen peroxide.**

**Espinoza, Marlen**[1].,Collao, Bernardo[1].,Morales, Eduardo H.[2].,Urra, Sylvana[1].,Luraschi, Roberto[1].,Briones, Alan[1].,Cabezas, Carolina[1].,Salinas-Grenet, Hernán[1].,Calderón, Iván L.[1].,Gil, Fernando[1].,Saavedra, Claudia P.[1].

[1]Departamento Ciencias Biológicas, Facultad Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Great Lakes Bioenergy Research Center and Department of Biomolecular Chemistry University of Wisconsin-Madison. (Sponsored by Claudia P. Saavedra Sanchez)

*Salmonella* es un patógeno intracelular que durante su ciclo infectivo es fagocitado por las células del sistema inmune del hospedero enfrentándose a una serie condiciones adversas, como el estrés oxidativo generado por las especies reactivas de oxígeno. *Salmonella* responde a $H_2O_2$ modulando la expresión de sus proteínas de membrana externa, mediante sistemas de dos componentes que detectan estas señales, tal es el caso de ArcAB. A través del análisis de datos de transcriptómica se determinó que este sistema modularía la expresión de *ompX* y *marA*, que codifican para una porina y un factor transcripcional involucrado en la respuesta a estrés oxidativo, respectivamente. En este trabajo estudiamos la regulación transcripcional de *ompX* de *S.* Typhimurium por ArcA y MarA frente a $H_2O_2$. En presencia de este tóxico, la cepa silvestre 14028s presenta aumentados los niveles de mRNA *ompX*. Análisis bioinformáticos de su región promotora permitieron predecir 3 y 4 sitios de unión para ArcA y MarA, respectivamente. Mediante análisis de RT-PCR en Tiempo Real (qRT-PCR) y actividad reportera β-galactosidasa, en los fondos genéticos Δ*arcA* y Δ*marA*, se determinó que la expresión de *ompX* es modulada positivamente por ambos reguladores. Además, mediante ensayos de interacción DNA-proteína (EMSA), utilizando ArcA-6xHis y MarA-6xHis purificadas, se determinó una interacción directa con la región promotora de *ompX*. Estos resultados demuestran que ArcA y MarA regulan positivamente la expresión de *ompX* en respuesta a estrés por $H_2O_2$, por interacción directa con su región promotora.

**Financiamiento: FONDECYT 1120384 y UNAB DI-19-12/I. Agradecimientos: BECA CONICYT a Collao B.**

FIM-7

**Primera formulación de medio mínimo definido para crecer *Piscirickettsia salmonis*: caracterización cinética del cultivo.**

**First defined medium formulated for growth of *Piscirickettsia salmonis*: kinetic characterization of the culture.**

**Fuentealba, Pablo**[1].,Altamirano, Claudia [2].,Marshall, Sergio[3].

[1]Escuela de Ingeniería Bioquímica Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

[2]CREAS CONICYT-Regional, GORE Región de Valparaíso, R12C1001, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

[3]Instituto de Biología Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.

La septicemia rickettsial salmonidea, es una enfermedad en salmónidos causada por *Piscirickettsia salmonis*; bacteria Gram negativo intracelular facultativo de peces, que ocasiona mortalidades superiores al 50% en la industria del salmón. Actualmente el control de esta patología se realiza vacunando a los organismos. La producción de las vacunas es dificultosa, puesto que es un microorganismo que es cultivado infectando células eucariontes para su proliferación. Actualmente no existe una formulación de medio a escala industrial que permita su cultivo axénico. Los medios de cultivo reportados para el estudio de *P. salmonis* son del tipo complejo, con índices de producción de biomasa seca cercanos a los 800 mg/L a las 48h. Este tipo de medio no permite caracterizar la demanda de sustrato celular, por su formulación inespecífica. Por esto, se evaluó la primera formulación de un medio definido mínimo (mMD) para *P. salmonis*. Los resultados obtenidos con este medio, formulado con compuestos orgánicos, metales y sales, presentan índices de crecimiento análogos al medio complejo, llegando en 60h ha estado estacionario, con un μ promedio en fase exponencial de 0,03 $h^{-1}$ y una concentración de biomasa máxima promedio de 700±42 mg/L. El mMD consta de 12 compuestos orgánicos de los cuales solo 3 son consumidos (A-B-C) durante fase exponencial y otros 2 (E-F) en fase exponencial tardía. Los restantes compuestos orgánicos son esenciales (G a la L), pero con un consumo despreciable. Lo anterior, establece la línea base para el mejoramiento del cultivo de *P. salmonis* desde una perspectiva de ingeniería metabólica.

FIM-8

**Variabilidad en la capacidad de formación de biofilms por cepas de *Bacillus thuringiensis.***

***In vitro* biofilm formation by *Bacillus thuringiensis*.**

Garcia-Gutierrez, Karina.,Diaz-García, Javier.,Ibarra- Rendon, Jorge Eugenio[1].,**Gomez-de León, Patricia[2]**.

[1]Lab. Bioinsecticidas CINVESTAB, IPN.[2]Salud Pública, Medicina, UNAM.

**Antecedentes**. *Bacillus thuringiensis*es utilizado como bioinsecticida de plagas agrícolas-forestales de Coleóptera y Diptera, el Microorganismo es importante hoy por su presencia en ambientes hospitalarios y causa bacteriemias. Hay nula información sobre biofilms de *B. thuringiensises*, el objetivo fue evaluar la cinética, variabilidad y capacidad de Bt para formación de BF. **Métodos.**Se estudiaron 45 cepas de *B. thuringiensises* de interés agropecuario y médico. Los ensayos se realizaron en microplacas de 96 pozos. Se adicionaron suspensiones bacterianas de 0,6 DO $_{545\,nm}$ a caldo Soya-Tripticaseina e incubaron a 30 °C de72 a 96 h. Se añadieron 200 ul, de metanol y después de lavar con buffer de fosfatos, se adicionó cristal violeta al 1%. Se lavaron y secaron para después adicionar ácido acético al 33%. Se leyeron a 595nm DO. **Resultados**. El 73 % de las cepas mostró producción de biofilms pero con suma variabilidad en la cinética de su desarrollo. Según su capacidad, se distribuyeron en cuatro categorías: 53,3% con alta capacidad (DO>1.134), 20% con capacidad moderada (0.567≤DO<1,134) y 20% con capacidad baja (0,283<DO≤ 0.567),el 6,6% resultaron nulas(DO≥0.283) **Conclusiones.** Las cepas de *B. thuringiensises* mostraron gran variabilidad en su capacidad de formar biofilms así como en la cinética de formación. Evidencias recientes muestran que *B. thuringiensises* tiene amplias oportunidades de variar su genoma cuando se encuentra en biofilms, evidencias de no clonalidad también se pudieron obtener mediante la caracterización de biofilms. En un esfuerzo por definir la cinética de formación, la estabilidad de las curvas se alcanzó a las 96 h.

FIM-9

**Homeostasis de hierro en *Lactobacillus casei*, una bacteria asociada a caries dental.**

**Iron homeostasis in *Lactobacillus casei*: a caries-associated bacterium.**

Olave , A.[2].,Taliercio , F.[2].,Toledo, V.[1,2].,Lozano, C.[2].,Urzúa, B.[2].,Morales, I.[2].,**Lefimil, C.[2]**.

[1]Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

[2]Laboratorio de Bioquímica y Biología Oral, Facultad de Odontología, Universidad De Chile.

Algunas especies de *Lactobacillus* son agentes etiológicos de caries dental, siendo *L. casei* una de las predominantes. La cavidad oral posee numerosas estrategias de defensa contra estos patógenos orales, como la presencia de lactoferrinas salivales, que unen hierro evitando su incorporación por microorganismos. Este metal es un nutriente esencial y su biodisponibilidad está muy relacionada a las propiedades de virulencia en otros microorganismos. Por esto, las bacterias asociadas a caries deben haber desarrollado mecanismos regulados de captación y almacenamiento del metal, sin excesos que puedan generar estrés oxidativo. A la fecha existe poco conocimiento sobre estos mecanismos en *Lactobacillus* sp. El propósito de este estudio fue comprender cómo *L. casei* maneja la homeostasis de hierro. Para este fin, se utilizaron herramientas bioinformáticas para el análisis del genoma de *L. casei* ATCC 334 y ensayos de RT-qPCR. El análisis bioinformático reveló la presencia de genes candidatos implicados en transporte y almacenamiento intracelular de hierro, y los análisis de RT-qPCR mostraron que la expresión de éstos varía dependiendo de los niveles de hierro en el medio de cultivo. Se predijo además un ortólogo del gen *fur* (Ferric Uptake Regulator), un regulador transcripcional involucrado en homeostasis de hierro en otros microorganismos, así como sitios de unión a Fur rio arriba de los genes candidatos mencionados anteriormente, permitiendo elaborar un modelo de regulación. Los resultados indican que *L. casei* es capaz de generar una respuesta integral para preservar la homeostasis de hierro, lo cual sería fundamental para su supervivencia en la cavidad oral.

**Financiamiento: Proyecto Difarp 420/13, U-Inicia VID, Universidad de Chile y Facultad de Odontología, Universidad de Chile.**

FIM-10

**Efecto del ácido láctico producido por *Lactobacillus casei* en la viabilidad y producción de $H_2O_2$ en *Streptococcus. sanguinis.***

**Effect of lactic acid produced by *Lactobacillus casei* on the viability and H2O2 production in *Streptococcus sanguinis.***

**Lozano, Carla**[1].,Kreth, Jens[2].,Lefimil, Claudia[1].,Urzúa, Blanca[1].,Morales, Irene[1].,Cifuentes, Víctor[3].

[1]Laboratorio Bioquímica y Biología Oral, Odontología, Universidad De Chile.

[2]Microbiology and Immunology, College of Medicine, University of Oklahoma Health Sciences Center.

[3]Laboratorio de Genética, Ciencias, Universidad De Chile. (Sponsored by Proyecto Fondecyt Nº 3120164 A C. Lozano)

**Introducción:** El género *Lactobacillus* coloniza la cavidad oral humana y su presencia aumenta considerablemente en la condición de caries. Estas bacterias secretan ácidos producto de su metabolismo, por lo que son uno de los causantes del bajo pH que propiciaría el desarrollo de la caries dental. La interacción de *L. casei* con *S. sanguinis* en el biofilm cariogénico ha sido pobremente estudiada. El objetivo de este trabajo es determinar el efecto del ácido láctico producido por *L. casei* sobre *S. sanguinis*, una bacteria benigna para la salud oral. **Metodología:** Se realizaron ensayos de competencia en medio BHID sólido con las bacterias a testear, esto es: *L. casei* ATCC 334, *S. sanguinis* SK36 y aislado clínico 13379. Se incubaron en microaerofilia a 37ºC durante 24h. A ambas cepas de *S. sanguinis* se les realizó un MIC test y curvas de crecimiento con ácido láctico para determinar viabilidad celular. Se testeó la producción de $H_2O_2$ en "Blue plates" (BHI + $FeCl_3 \cdot 6\ H_2O$+ $K_3[Fe(CN)_6]$). **Resultados:**Hubo inhibición del crecimiento de ambas cepas de *S. sanguinis* en la zona proximal con *L. casei*. Se determinó que 20mM de ácido lácticoes la MIC para *S. sanguinis*. La viabilidad de ambas cepas de *S. sanguinis* disminuye en un 30% en cultivos suplementados con 20mM de ácido láctico. La producción de $H_2O_2$ es afectada en presencia de este ácido. **Conclusiones:** *L. casei* inhibió el crecimiento de *S. sanguinis*.El ácido láctico afecta la viabilidad celular y producción de $H_2O_2$ en *S. sanguinis.*

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt Postdoctorado Nº 3120164 a C. Lozano.**

FIM-11

**Regulación de *ompS1* y *ompS2* de *S.* Typhimurium en respuesta a estrés oxidativo.**

**Regulation of *ompS1* and *ompS2* of *S.* Typhimurium in response to oxidative stress.**

**Luraschi, Roberto**[1].,Collao, Bernardo[1].,Morales, Eduardo H.[2].,Espinoza, Marlen[1].,Cabezas, Carolina[1].,Briones, Alan[1].,Salinas-Grenet, Hernán[1].,Calderón, Iván L.[1].,Gil, Fernando[1].,Calva, Edmundo[3].,Saavedra, Claudia P.[1].

[1]Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Great Lakes Bioenergy Research Center and Department of Biomolecular Chemistry University of Wisconsin-Madison.

[3]Departamento de Microbiología Molecular, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México.
(Sponsored by Claudia P. Saavedra Sanchez)

Durante un proceso infectivo, *Salmonella* Typhimurium (*S.* Typhimurium) es capaz de resistir el ataque de especies reactivas de oxígeno (ROS) mediante la modulación de la expresión de diversos genes, entre los que se incluyen aquellos que codifican para proteínas de membrana externa (OMP). La expresión de las porinas quiescentes OmpS1 y OmpS2, relacionadas con la virulencia de *Salmonella,* es modulada por los reguladores transcripcionales LeuO y H-NS por interacción directa con sus promotores. Sin embargo, las señales ambientales que modificarían la expresión génica de estas porinas son desconocidas hasta ahora. En el presente trabajo se analizó la expresión de *ompS1* y *ompS2* ylaparticipación de estas porinas de *S.* Typhimurium bajo condiciones de estrés oxidativo. Las concentraciones inhibitorias mínimas determinadas en las cepas mutantes Δ*ompS1*, Δ*ompS2* y Δ*ompS1/*Δ*ompS2*, indican que ambas porinas son requeridas para una respuesta adecuada de la bacteria frente a $H_2O_2$ e NaOCl. Análisis *in silico* de los promotores de *ompS1* y *ompS2* predicen la presencia de sitios de unión para ArcA, un regulador global asociado a estrés oxidativo. En base a lo anterior, se procedió a evaluar mediante qRT-PCR los niveles de transcrito de estos genes en los fondos genéticos Δ*leuO*, Δ*hns*, Δ*arcA*, Δ*arcB* y Δ*arcA/*Δ*arcB* frente a $H_2O_2$ e NaOCl. Los resultados indican que la expresión de *ompS1* y *ompS2* en respuesta a ROS es regulada negativamente por ArcA.

**Financiamiento: FONDECYT 1120384 y UNAB DI-19-12/I. Agradecimientos: BECA CONICYT a Collao B.**

FIM-12

**Identificación y caracterización del sistema ISC involucrado en la síntesis y ensamblaje de clusters [Fe-S] en *Leptospirillum rubarum.***

**Identification and characterization of the ISC system involved in the synthesis and assembly of iron-sulfur clusters in *Leptospirillum rubarum.***

**Paillavil, Braulio**[1].,Quatrini, Raquel[2].,Levicán, Gloria[1].

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

[2]Laboratorio de Ecofisiología Microbiana Fundación Ciencia & Vida.

Las bacterias del género *Leptospirillum* participan en la biolixiviación de minerales dada su capacidad de oxidar ión $Fe^{2+}$ a $Fe^{3+}$. Estos microorganismos están expuestos a condiciones oxidantes causadas por el ambiente y su propio metabolismo. Bajo estas condiciones se favorece la generación de ROS y la subsecuente inducción de estrés oxidativo. Uno de los principales efectos dañinos de estas ROS se relaciona con el daño a los clusters [Fe-S] presentes en un amplio grupo de proteínas. En procariontes existen 3 sistemas multicomponentes que promueven la síntesis y ensamblaje de los cluster [Fe-S]: los sistemas NIF, ISC y SUF. Análisis genéticos y bioquímicos de estas rutas revelaron diferencias en sus papeles fisiológicos. Así, existiría un sistema de ensamblaje de clusters “housekeeping” (ISC), otro sistema funcional en condiciones de estrés (SUF) y un sistema dedicado al ensamblaje de clusters para la enzima nitrogenasa (NIF). Con el objetivo de identificar los sistemas encargados de la síntesis y ensamblaje de clusters [Fe-S] presentes en *Leptospirillum rubarum*, se realizó un análisis bioinformático que reveló sólo la presencia del cluster genético ISC. Experimentos de RT-PCR mostraron que estos genes se co-transcriben y conformarían una unidad transcripcional. Adicionalmente, mediante análisis de RT-qPCR se ha determinado que 2 genes claves: *iscR e iscS* presentan diferencias en los niveles de expresión en células expuestas a condiciones de estrés oxidativo y escasez de hierro.

**Financiamiento: Fondecyt 1120746; (BP) Beca CONICYT.**

FIM-13

**Efecto del estrés térmico y otros factores estresantes en cepas locales de *L.* monocytogenes aisladas de diferentes matrices alimentarias.**

**Effect of temperature and other stressors on local strains of L. monocytogenes isolated from different food matrices.**

Marquez, Barbara[1].,Cordero, Ninoska[1].,Troncoso, Miriam[1].,Figueroa , Guillermo[1].,**Reyes-Jara, Angélica[1]**.

[1]Laboratorio de Microbiología y Probióticos, INTA, Universidad De Chile.

**Introducción:** En la industria de alimentos *L. monocytogenes* (*Lm*) constituye un problema por su capacidad de resistir y crecer en un amplio rango de temperaturas, pH y tolerar altas concentraciones salinas. **Objetivo:** Evaluar el efecto de diferentes temperaturas sobre la velocidad de crecimiento de cepas de *Lm* aisladas de diferentes matrices alimentarias y ambiente, así como el efecto de diferentes agentes estresantes en su crecimiento. **Metodología:** Se realizaron curvas de crecimiento a 8°C y 30°C para 110 cepas de *Lm* y se categorizaron en: alta, media y baja de acuerdo a su velocidad de crecimiento para ambas temperaturas. Además, se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) para cobre, NaCl y amonio cuaternario. **Resultados:** Los grupos obtenidos en base a la velocidad de crecimiento variaron en número y composición entre las dos temperaturas mostrando diferencias en la capacidad de respuesta al frio entre las cepas. El análisis según origen reveló que a 8°C las cepas provenientes de carne de cerdo (n=4) crecen más rápido a diferencia de las cepas ambientales (n=14) ($P$<0,05) que están en categoría baja. Los resultados de la CMI para el cobre estuvieron en un rango de 2–3[mM], NaCl de 4–8%[p/v] y amonio cuaternario de 0,004–0,005%[p/v]. No se detectaron cepas con niveles de resistencia elevados y tampoco una relación en el manejo de estos agentes con el origen de los aislados. En **Conclusión**, *Lm* presenta diferentes velocidades de crecimiento a distintas temperaturas diferenciándose las cepas en esta capacidad respuesta.

**Fondecyt N°11121449 y CONICYT N°791100002.**

FIM-14

**Caracterización fenotípica y genotípica de cepas de *Shigella sonnei* fermentadoras de lactosa aisladas de brotes de diarrea en dos regiones de Chile.**

**Phenotypic and genotypic characterization of *Shigella sonnei* strains lactose fermenting isolated during diarrhea outbreaks in two regions of Chile.**

**Rivas, Lina María**[1].,Hermosilla , Germán [1].,Toro, Cecilia[1].,Silva , Juan[2].,Camponovo , Rosanna[3].,Ulloa, María Teresa[1].

[1]Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Medicina, Universidad De Chile.

[2]Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad De Antofagasta.

[3]Laboratorio de Microbiología Integramédica.

Las cepas de *S. sonnei* presentan fenotipo lactosa-negativo a las 24h de incubación, sin embargo, en dos brotes de diarrea: Antofagasta y Región Metropolitana 2009-10, se aislaron cepas de *S. sonnei* fermentadoras de lactosa. El análisis *in silico* del genoma de *S. sonnei* Ss046 reveló que el gen de la lactosa permeasa es un pseudogen de 270pb más una IS1 de 504pb. Considerando estos antecedentes, el objetivo de este estudio fue caracterizar el fenotipo y genotipo de fermentación de lactosa en cepas de *S. sonnei* aisladas desde ambos brotes. Fenotípicamente, se evaluó el tiempo de fermentación, la estabilidad del fenotipo, la utilización de lactosa en medio líquido, el perfil enzimático mediante galería APIZYM® y la actividad β-galactosidasa. Genotípicamente, se evaluó la integridad del gen *lacY* y la presencia del elemento IS1 en *lacY* mediante PCR-secuenciación. De 117 cepas analizadas, (17 de Antofagasta y 100 de Santiago), un 56% (66 cepas) fue lactosa-positivo a las 24h (fermentación rápida), 20% (24 cepas) >24h (fermentación tardía) y 23% (28 cepas) fue lactosa-negativo. Se seleccionaron 20 cepas fermentadoras rápidas, 10 de cada brote, todas presentaron un fenotipo de fermentación estable, utilización de lactosa mediante disminución del pH y β-galactosidasa-positiva. Las 20 cepas mostraron un perfil enzimático similar, excepto en la actividad fosfatasa alcalina y Naftol-AS-BI-fosfosfohidrolasa. El análisis genotípico mostró la pérdida de integridad del gen *lacY* y la presencia del elemento IS1. Estos resultados sugieren la existencia de otra permeasa funcional, compatible con lactosa, en las cepas de fermentación rápida.

**Financiado por FONDECYT 1130394.**

FIM-15

**La cobalamina aumenta la actividad de enzimas antioxidantes en la bacteria acidófila *Leptospirillum rubarum.***

**Cobalamin increases the activity of antioxidant enzymes in the acidophilus bacteria *Leptospirillum rubarum*.**

**Rivera-Araya, Javier**[1].,Zapata, Robin[2].,Ferrer, Alonso[3].,Zapata, Claudia[3].,Norambuena , Javiera[3].,Sandoval, Álvaro [3].,Levicán, Gloria[3].,Orellana, Omar[4].

[1]Departamento de Ingeniería química, Facultad de Ingeniería, Universidad De Santiago De Chile.

[2]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad Santo Tomás.

[3]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

[4]Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

Las bacterias del género *Leptospirillum* habitan en ambientes ácidos con elevadas concentraciones de metales. Estas condiciones favorecen la generación de especies reactivas de oxígeno (ROS)las que pueden inducir estrés oxidativo. Estudios metaproteómicos revelaron que estas bacterias producen elevados niveles de proteínas involucradas en la síntesis de cobalamina. La cobalamina es un tetrapirrol coordinado con un átomo de cobalto que es cofactor para una variedad de enzimas. En nuestro laboratorio hemos determinado que la cobalamina ejerce un efecto antioxidante en cultivos de *L. rubarum* tratados con distintos agentes oxidantes, disminuyendo el nivel de ROS intracelular y el daño a biomoléculas. En este trabajo se evaluó el efecto de la cobalamina sobre enzimas antioxidantes en *Leptospirillum rubarum*. Los cultivos fueron pre-tratados con 5 nM de cobalamina y luego sometidos a condiciones oxidantes con $Fe_2(SO_4)_3$, $K_2CrO_4$, $H_2O_2$ y diamida. Se midió la actividad superoxido dismutasa (SOD), citocromo c peroxidasa (CcP) y del sistema tiorredoxina/tiorredoxina reductasa (Trx/TR). Los resultados obtenidos mostraron que las actividades SOD y CcP incrementaron de manera significativa en los cultivos pre-tratados con cobalamina. Junto con lo anterior la actividad del sistema Trx/TR mostro una tendencia similar, que además fue dependiente del tiempo de exposición al agente oxidante. Estos resultados revelan que la cobalamina tiene un efecto sobre la actividad de enzimas antioxidantes y de esta manera podría estar ejerciendo la función antioxidante previamente descrita en *L. rubarum.*

**Financiamiento: FONDECYT 1120746; (AF) Beca CONICYT.**

FIM-16

**Identificación del regulón de SlyA y su requerimiento en la respuesta a peróxido de hidrógeno.**

**Identificación of SlyA regulon and its requirement in the response to hydrogen peroxide.**

**Salinas-Grenet , Hernán[2]**.,Collao , Bernardo[2].,Morales, Eduardo H.[1].,Espinoza, Marlen[2].,Luraschi, Roberto[2].,Cabezas, Carolina[2].,Calderón, Iván L.[2].,Gil, Fernardo[2].,Porwollik, Steffen[3,4].,McClelland, Michael [3,4].,Saavedra, Claudia P.[2].

[1]Great Lakes Bioenergy Research Center and Department of Biomolecular Chemistry University of Wisconsin-Madison.

[2]Departamento Ciencias Biológicas, Facultad Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[3]Department of Pathology and Laboratory Medicine University of California, Irvine.

[4]The Vaccine Research Institute of San Diego Institute of San Diego.

*Salmonella* Typhimurium es un patógeno de amplio rango de hospedero, que al ser fagocitado por células especializadas debe ser capaz de resistir el ataque de una serie de especies reactivas de oxígeno (ROS), como peróxido de hidrógeno ($H_2O_2$). *Salmonella* modula su expresión génica frente a ROS, dentro de los reguladores clásicos se encuentran OxyR y SoxRS, sin embargo en el último tiempo se ha demostrado que el factor transcripcional SlyA participaría en la resistencia a ROS. Este trabajo tiene como objetivo determinar el regulón de SlyA y caracterizar su rol en la respuesta a $H_2O_2$ en *S*. Typhimurium. Mediante qRT-PCR e inmunodetección se determino la expresión de SlyA en respuesta a $H_2O_2$, como también la susceptibilidadde las cepas 14028s y Δ*slyA* mediante MICs y MBCs. Además se determinaron marcadores de daño oxidativo como lipoperoxidación de membranas y carbonilación de proteínas. Finalmente, por medio de análisis transcriptómicos, validación por qPCR y ensayos de interacción DNA-proteína, se identifico el regulón de SlyA en respuesta a $H_2O_2$. El factor transcripcional SlyA de *S.* Typhimurium es requerido para la resistencia a $H_2O_2$ y aumenta su expresión. También, se estableció que el regulón de SlyA está compuesto por 72 genes, siendo 21 regulados positivamente y 51 negativamente, encontrándose genes involucrados en glicolisis (*pykF*, *eno*), transportadores formato y cobre (*focA*, *ycfR*), centros hierro-azufre (*iscA*, *nifSU*, *sufABCDS*), reguladores de la biosíntesis de ácidos grasos (*fadR*) y otras vías relacionadas en la respuesta a ROS.

**Financiamiento: FONDECYT 1120384 y UNAB DI-19-12/I. Agradecimientos: BECA CONICYT a Collao B.**

FIM-17

**Estudio morfológico del ciclo de vida y de las adaptaciones asociadas a la desecación de una cianobacteria del orden *Chroococcales* del desierto de Atacama.**

**Morphological study of the life cycle and its adaptations to desiccation of a cyanobacteria (order *Chroococcales*) isolated from the Atacama Desert.**

**Urrejola, Catalina**[1].,Salas, Loreto[1].,Vicuña, Rafael[1].

[1]Genética Molecular y Microbiología Pontificia Universidad Católica de Chile.

La clasificación tradicional de las cianobacterias supone dos grupos de éstas que son unicelulares, según la división celular que tengan: (I) división binaria exclusiva, o (II) binaria y múltiple. En nuestro laboratorio contamos con un aislado de una cianobacteria del grupo I que es originaria del Desierto de Atacama y que presenta una alta tolerancia a la desecación. El presente trabajo representa el primer estudio detallado sobre el ciclo de vida de una microalga de estas características. A pesar de ser unicelular, esta microalga se agrupa en 2, 3, 4 y más células, gracias a un complejo sistema laminar extracelular que varía en grosor y forma según la fase de desarrollo, primera vez descrito por este trabajo. Identificamos seis de estas estructuras, las que difieren entre sí en su densidad electrónica, homogeneidad y forma. Por otro lado, caracterizamos detalladamente su ciclo de vida, y describimos cambios ultraestructurales en su morfología y organización intra y extracelular durante su desarrollo. Además identificamos diferentes inclusiones intracelulares, como los carboxisomas, acumulaciones de alcanoatos, polifosfatos y de glicógeno. Esta cianobacteria presenta evidentes adaptaciones morfológicas a condiciones de desecación extrema (15% de humedad relativa), las que son por primera vez descritas. Entre ellas es posible identificar el engrosamiento de todas sus capas extracelulares de polímeros y el aumento en el espacio intertilacoidal, junto con la aparición de regiones extracelulares densamente vesiculadas. Lo anterior sugiere que aún cuando esta cianobacteria tiene muy poca agua disponible, desarrolla adaptaciones que le otorgarían una mayor tolerancia a la desecación.

**Fuentes Financiamiento. CU: Beca doctoral CONICYT y Beca Gastos Operacionales Nº 21110394. LS y RV: Fondecyt Nº 1110597.**

FIM-18

**Caracterización de la reducción extracelular de telurito y/o cobre por *Shewanella antártica* CH.**

**Characterization of the extracellular reduction of tellurite and/or copper by *Shewanella antarctic* CH.**

**Valdivia, Mauricio**[1].,Muñoz, Claudia[1].,Rodriguez, Fernanda[1].,Salazar, Javier[2].,Aguayo, Daniel[2].,Vásquez, Claudio[1].

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

[2]Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello .

El estrés mediado por metales es una condición que afecta particularmente a los microorganismos (MO). Sin embargo, y dada la toxicidad de estos elementos, los MO han generado diversos mecanismos de resistencia que les permiten adaptarse continuamente a su ambiente. En este contexto, la reducción de telurito a teluro genera superóxido, que es nocivo para la mayoría de los MO. *Escherichia coli* presenta una serie de mecanismos de resistencia, como expresión de genes que codifican enzimas antioxidantes y reguladores de respuesta a estrés oxidativo, además de enzimas que presentan actividad telurito reductasa (TR). Por otra parte, el cobre (Cu) es requerido para el crecimiento de todos los organismos pero sin embargo es tóxico a altas concentraciones. Se propone que el Cu reacciona con $H_2O_2$ intracelular para generar radical hidroxilo, que causa mutagénesis y letalidad celular. En relación a la resistencia de *E. coli* a Cu, existe un aumento de los sistemas de expulsión de Cu periplasmáticos, quelación de Cu por glutatión y sistemas de reparación de DNA. Durante una expedición a la Antártica, se aisló MO utilizando como criterio de selección la resistencia a telurito. Uno de los aislados que llamó la atención fue *Shewanella antártica* CH que reduce telurito y/o cobre (halo metálico) extracelular en anaerobiosis. En este trabajo se caracterizará la reducción extracelular de telurito y/o cobre mediante la observación de *S. antártica* CH al microscopio electrónico de barrido, cuantificación de flavinas extracelulares totales y formación de biopelículas.

IPH-1

**Estudios de mortalidad y retardo en el desarrollo de la ameba *Dictyostelium discoideum* frente a diferentes cepas y mutantes de *Pseudomonas aeruginosa.***

**Differential mortality and developmental delay caused in *Dictiostelium discoideum* by selected *Pseudomonas aeruginosa* strains.**

**Bravo-Toncio, Catalina**[1].,Varas, M[1].,Chavez, Francisco P.[1].

[1]Departamento de Biologia, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. (Sponsored by Francisco Chavez)

*Pseudomonas aeruginosa* es un patógeno oportunista cuya virulencia depende tanto de las condiciones de crecimiento de la bacteria como del estado de salud del hospedero. Particularmente, la carencia de fosfato inorgánico (Pi) en el medio aumenta su capacidad infectiva. *D. discoideum* es una ameba social del suelo que fagocita bacterias como fuente natural de nutrientes y cuando se enfrenta a cepas virulentas de *P. aeruginosa* su crecimiento y/o desarrollo se ve afectado. En este estudio comparamos la virulencia de dos cepas silvestres de *P. aeruginosa* (PAO1 y PA14) así como diversos mutantes de *P. aeruginosa* PAO1 relacionados con el metabolismo de los polifosfatos inorgánicos (poliP). Teniendo en cuenta que el crecimiento y el desarrollo de *D. discoideum* depende de las condiciones de crecimiento tanto de las bacterias como de la ameba buscamos las condiciones óptimas para los ensayos. Encontramos que las mejores condiciones fueron utilizando Agar N y solo un 25% de *Pseudomonas* en el ensayo. A diferencia de la cepa silvestre *P. aeruginosa* PAO1, la cepa PA14 no permitió ni crecimiento ni el desarrollo de la ameba. Finalmente, los mutantes de la comunicación celular (*rhlR*) y de la síntesis de los poliP (*ppk1*) fueron permisivas en contraste con la cepa mutante *ppk2,* que no permitió el inicio del ciclo social de la ameba. Estos ensayos nos permitirán realizar ensayos a gran escala para la búsqueda de nuevos antibióticos que tengan como blanco la síntesis de los poliP en *P. aeruginosa*.

IPH-2

**Esporas de *Clostridium difficile* se internalizan en células no fagocíticas.**

***Clostridium difficile* spores internalize in non-phagocytic cells.**

**Cofre-Araneda, Glenda**[1].,Paredes-Sabja, Daniel[1].

[1]Laboratorio de Mecanismos de Patogenesis Bacteriana, Facultad de Ciencias Biologicas, Universidad Andrés Bello.

*Clostridium difficile* (CD) es un Gram positivo, formador de endoesporas y anaerobio estricto. CD es considerado la causa principal de las diarreas asociadas a antibióticos. A diferencia de otras infecciones entéricas, las infecciones por CD presentan una elevada tasa de recurrencia llegando hasta un 25%, debido principalmente a la persistencia de las esporas de CD en el ambiente colónico. En este trabajo evaluamos si las esporas son capaces de invadir células epiteliales no-fagocíticas en cultivo. Se utilizaron monocapas confluentes de células Caco-2, T84, HT-29, HEp2 y Vero. Nuestros resultados demuestran que las esporas de CD solamente ingresan en presencia de suero fetal bovino, pero no con suero inactivado, sugiriendo que el suero contiene factores que promueven la internalización de esporas de CD en células no-fagocíticas. Si bien se observó que las esporas de CD se internalizan en todas las líneas celulares en presencia de suero, los niveles de internalización variaron entre 6,4 a 13,6%. No se observó una diferencia significativa en la internalización de esporas de CD en células Caco-2 diferenciadas y no diferenciadas. Dependiendo de la cepa, las esporas de CD alcanzaron un máximo de 16,0 y 31,8% de internalización entre las 3 y 5 h de infección. Esporas carentes de la capa más externa, el exosporium, mostraron una menor internalización que esporas intactas. Interesantemente, el proceso de internalización fue bloqueado en presencia del inhibidor de la polimerización de actina, citocalisina-D. Colectivamente, estos resultados sugieren un nuevo mecanismo de persistencia de esporas de CD en el hospedero.

**Proyecto Fondecyt Regular 1110569.**

IPH-3

**Busqueda de nuevos receptores involucrados en la adhesion de E. coli enteroagregativa a células epiteliales.**

**Searching for new receptors involved in the adherence of enteroaggregative E. coli to epithelial cells.**

**Farfan, M**[1].,Izquierdo, Mariana[1].,Navarro, Fernando[2].,Ruiz, Fernando[3].,Nataro, James[3].

[1]Pediatria, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

[2]Department of Cell Biology Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN (CINVESTAV-IPN).

[3]Pediatrics, School of Medicine, University of Virginia.

En la patogénesis por *Escherichia coli* enteroagregativa (EAEC) la fimbria AAF/II cumple un rol fundamental, no obstante, los receptores celulares que permiten su reconocimiento aún no están completamente caracterizados. Considerando esto, se inició la búsqueda de nuevos receptores para esta fimbria. Para ello, las células T84 se incubaron con la proteína AafA purificada y luego se realizó un entrecruzamiento químico entre la proteína AafA y los posibles receptores celulares, formando complejos que se purificaron por ensayos de inmunoprecipitación y se analizaron mediante SDS-PAGE. Las bandas de interés se analizaron por espectrometría de masas (MALDI-TOF). Los resultados obtenidos sugieren que las proteínas laminina y citoqueratina-8 (CK8) podrían corresponder a potenciales receptores para la fimbria AAF/II. Para evaluar la participación de CK8 en la patogénesis por EAEC se evaluó la unión de esta bacteria y de la fimbria AAF/II a la proteína CK8 purificada mediante ensayos de ELISA. En estos ensayos, se encontró que EAEC se une significativamente a CK8 en un proceso dependiente de la fimbria AAF/II. Además, la disminución de la expresión de CK8 en células epiteliales mediante un RNA de interferencia (siRNA) se asoció a una reducción significativa de la adhesión de EAEC a células HEp-2 tratadas con siRNA en comparación a células control. En su conjunto, nuestros resultados apoyan la participación de la proteína CK8 como receptor para la fimbria AAF/II.

**Sponsored by Proyecto Fondecyt 1120809.**

IPH-4

**caracterización de subpoblaciones linfocitarias mediante citometría de flujo en adultos con neumonía adquirida en la comunidad (nac).**

**Lymphocyte subpopulations by flow cytometry in adults with community- acquired pneumonia (CAP).**

**LUCHSINGER, V[1].**,Correa , P[1].,Prades, Y[1].,Ruiz , M[2].,Pizarro, R[3].,Hermoso , M[4].,Larrañaga , C[1].,Avendaño, LF[1].

[1]VIROLOGIA, DE MEDICINA, Universidad De Chile.

[2]Hospital Clinico U Chile.

[3]Hospital Lucio Cordova.

[4]Inmunologia, de Medicina, Universidad De Chile.

La NAC es frecuente y causada por virus y bacterias. Su gravedad sería independiente de la etiología y estaría determinada por la respuesta inmune (RI) del hospedero. Con el objetivo de caracterizar la RI celular sistémica en adultos con NAC viral y/o por *S.pneumoniae* se analizaron subpoblaciones de linfocitos y células NK de sangre periférica, determinadas por citometría de flujo, de 28 adultos con NAC con virus respiratorios y 16 con antígeno urinario de *S.pneumoniae*. La gravedad se estableció por puntaje Fine. Se estudiaron 22 adultos asintomáticos. Los recuentos de linfocitos totales, CD4, CD8, CD3, y los porcentajes de LT regulatorios (FoxP3) y células NK fueron similares entre 42 adultos con agente (mediana: 1051células/µ; 432células/µ; 224células/µ; 710células/µ; 0.1%; 1.5%; 0.5%, respectivamente) y 16 sin agente (medianas: 1153células/µ; 507células/µ; 318células/µ; 883células/µ; 0.1%; 1.8%; 0.6%, respectivamente), y menores que 22 asintomáticos (medianas: 1695células/µ; 690células/µ; 520células/µ; 1250células/µ; 0.3%, 4.1%; 2.2%, respectivamente) ($p<0.05$). Los 31 casos graves tuvieron significativamente menores recuentos de linfocitos totales, CD4 y CD8 y proporción de CD94/NKG2A(+) (mediana: 999células/µ; 323células/µ; 216células/µ y 0.5%, respectivamente) que los 20 casos leves (mediana: 1301células/µ; 548células/µ; 347células/µ y 0.7%). Las diferencias se mantuvieron en el recuento de linfocitos totales y CD4 entre 24 casos graves y 12 leves con agente (mediana: 997células/µ y 358células/µ vs 1400células/µ y 533células/µ, respectivamente). No hubo diferencias entre casos con/sin agente detectado graves (n=24/7), ni leves (n=12/8). La NAC y su gravedad en adultos no se relaciona con la etiología sino con una disminuida respuesta inmune celular.

**Sponsored by Fondecyt Nº 1121025.**

IPH-5

**Identificación de factores que afectan la adherencia de esporas de Clostridium difficile en células epiteliales in vitro.**

**Identification of factors that affect the in vitro adherence of Clostridium difficile spores to epithelial cells.**

**Miranda-Cardenas, Camila**[1].,Paredes-Sabja, Daniel[1].

[1]Laboratorio de Mecanismos de Patogenesis Bacteriana, Facultas de Ciencias Biologicas, Universidad Andrés Bello.

*Clostridium difficile* (CD) es un bacilo Gram positivo, anaerobio estricto y formador de endoesporas. CD es el principal responsable de las diarreas asociadas a los antibióticos. Uno de los principales factores que contribuyen a la severidad de las infecciones asociadas a CD (IACD) es la elevada tasa de recurrencia después de un primer episodio, la que llegaría a un 25% de los pacientes. La recurrencia de las IACD se debería a que la espora podría persistir en la superficie colónica. En efecto, el 60 % de las esporas pueden adherirse a las células epiteliales colóncias *in vitro*. En este trabajo se evaluó el rol del exosporium, la fibronectina, vitronectina y mucina en la adherencia de esporas de CD en células epiteliales. Ensayos en monocapas de células Caco-2 demuestran que el 100% de las esporas de *C. difficile* logra adherirse a monocapas de células Caco-2 después de 3 h de infección. La presencia de suero fetal bovino en el medio contribuyó a disminuir la adherencia de esporas de *C. difficile* a monocapas de células Caco-2. Interesantemente, la presencia de bajas concentraciones (1 µg/ml) de fibronectina y vitronectina provocaron un incremento de ~ 70% en la adherencia de esporas de *C. difficile* a monocapas de Caco-2 después de 1 h de infección. En este trabajo también se demuestra que las esporas no se adhieren a la mucina, y a concentraciones crecientes de mucina se produce una disminución en la adherencia hasta un 90%. Colectivamente, este trabajo ha identificado factores que podrían estar asociados a la adherencia de esporas a células epiteliales.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt Regular 1110569**

IPH-6

**Diapausa inducida por *Pseudomonas aeruginosa* en *Caenorhabditis elegans* depende directamente de la virulencia bacteriana.**

***Pseudomonas aeruginosa* virulence determines diapause entry in *Caenorhabditis elegans.***

**Palominos, MFernanda**[1,2].,Verdugo, Lidia[2].,Chávez, Francisco P.[1].,Calixto, Andrea[2].

[1]Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Ciencias, Universidad de Chile.

[2]Centro de Genómica y Bioinformática, Medicina, Universidad Mayor.

La patogénesis es el resultado de la interacción patógeno-hospedero, y depende por separado de la susceptibilidad del huésped y de la virulencia expresada por el microorganismo. Hemos descrito, por primera vez, que la interacción entre el nemátodo bacterívoro *Caenorhabditis elegans* y el patógeno oportunista *Pseudomonas aeruginosa* provoca la entrada en diapausa como método de defensa innato y heredable (Chávez et al., enviado). La diapausa de *C. elegans* consiste en la formación de una larva especializada, resistente a stress, envejecimiento y neurodegeneración (Calixto et al., 2012). Para disectar los componentes bacterianos que inducen la entrada en diapausa utilizamos mutantes de la librería PAO1 mini-Tn5 *lux* transposon (Lewenza et al., 2005) de genes involucrados en el metabolismo de polifosfatos, la síntesis de sideróforos, Quorum Sensing y mensajería secundaria. Modulamos también la composición del medio al reducir la concentración de fosfato inorgánico (Pi), favoreciendo la expresión de factores de virulencia, lo cual disminuye significativamente la viabilidad y la formación de dauers comparado con aquellos gusanos crecidos en condiciones de alto Pi. Los gusanos son capaces de eludir la infección bacteriana formando dauers en una proporción mayor sólo cuando *P. aeruginosa* ejerce un daño moderado (viabilidad » 50%) y por el contrario, cuando la bacteria es muy virulenta la formación de dauers se reduce drásticamente. Proponemos que la entrada en diapausa es un resultado beneficioso para el hospedero de su interacción con el patógeno, independiente del tamaño poblacional y del éxito reproductivo, pero directamente dependiente de la virulencia expresada por *P. aeruginosa*.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 3100099, 1131038 de AC y 1120209 de FCH.**

IPH-7

**Evaluación del efecto de distintos determinantes moleculares de *Aeromonas hydrophila* sobre el sistema inmune innato en peces.**

**Effect of determinants of *Aeromonas hydrophila* on the innate immune system of zebrafish.**

Ramirez, Carolina[1].,Urzua, Victoria[1].,Opazo, Rafael[1].,Palma, Lorena[1].,**Romero, J[1]**.

[1]Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad De Chile.

Diferentes estructuras superficiales bacterianas (determinantes) pueden modular la respuesta inmune del hospedador. En este estudio se empleó el modelo pez cebra para identificar determinantes relevantes en *Aeromonas hydrophila* (Cepas AH-1 y AH-3). Para ello se recurrió a mutantes para genes responsables de la formación de diferentes estructuras superficiales bacterianas, AH-1::*waaL* y AH-1::*ahsA*, los cuales carecen de antígeno O del LPS y de lámina S, respectivamente. Además, se emplearon las mutantes: AH-3::*flrA*, sin flagelo polar; AH-3::*lafK*, sin flagelo lateral; AH-3::*rpoN*, sin flagelos; y AH-3::*motX*, no motil. La estimulación del sistema inmune innato se evaluó mediante expresión relativa (qPCR) de genes como citoquinas pro-inflamatorias (IL-1β y TNF-α), la proteína amiloide A sérica (SAA), mieloperoxidasa (MPO) y lisozima. Los resultados arrojaron que las estructuras superficiales relevantes en la estimulación del sistema inmune son la lamina S y los flagelos (polar y lateral). Estudios recientes han sugerido que el aumento de la permeabilidad intestinal inducida por saponina de soya (proveniente del alimento), podría exponer la mucosa a los determinantes bacterianos en el intestino (microbiota intestinal), lo que provocaría enteritis distal en peces. Utilizando el modelo pez cebra se evaluó la acción de saponina de soya (0,01%) sobre el efecto estimulador provocado por los determinantes (lámina y flagelos). Los resultados mostraron que saponina no promueve efecto alguno de los determinantes bacterianos sobre la estimulación de los genes analizados.

IPH-8

**_Salmonella enterica_ serovar Typhimurium y Enteritidis retrasan diferencialmente el desarrollo de la ameba social _Dictyostelium discoideum._**

**Differential developmental delay caused by _Salmonella enterica_ serovar Typhimurium and Enteritidis in the social amoeba _Dictiostelium discoideum_.**

**Varas, Macarena**[1].,Bravo-Toncio, Catalina[1].,Chavez, Francisco P.[1].

[1]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

*Dictyostelium discoideum* es una ameba del suelo que fagocita bacterias como fuente natural de nutrientes. Comienza su ciclo de vida como una ameba vegetativa unicelular y luego de agotarse los nutrientes, se agrupa multicelularmente para formar esporas que son contenidas en un cuerpo fructífero en respuesta a condiciones desfavorables. Recientemente, *D. discoideum* ha sido utilizado como un modelo biológico sencillo para estudiar la virulencia de numerosas bacterias patógenas con resultados similares a los encontrados en modelos mamíferos. Particularmente, se ha observado que cepas virulentas de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium detienen el desarrollo de *D. discoideum*, lo que depende de las condiciones de crecimiento bacteriano. Para comparar la virulencia de diferentes cepas *S.* Typhimurium, *S.* Enteritidis y mutantes atenuadas, se co-incubaron por 6 días con cepas axénicas de *D. discoideum* (AX4). Encontramos que en determinadas condiciones de crecimiento y temperatura las cepas silvestres *S.* Typhimurium (STm) 14028S y *S.* Enteritidis (SE) MZ630, afectaron diferencialmente el desarrollo de la ameba. En el día 3, *S.* Typhimurium fue más permisiva para la entrada a la fase de agregación que *S.* Enteritidis y luego de 6 días, ambas cepas detuvieron el desarrollo en la fase de elevación. Contrariamente, las cepas mutantes atenuadas STmΔ*aroA* y SEΔ*aroA* permitieron que la ameba culminara su ciclo de vida social solo 24 horas después que la cepa control *Klebsiella aerogenes.* Estos resultados permitirán evaluar la virulencia de diferentes cepas mutantes en la ameba social y compararla con diferentes modelos animales.

IPH-9

**Componentes genéticos del hospedero intervienen en la formación de diapausa como mecanismo de defensa ante patógenos bacterianos.**

**Genetic components of the host involved in diapause entry as defense mechanism against pathogen infection.**

**Verdugo, Lidia**[1].,Palominos, MFernanda[1,2].,Chávez, Francisco P.[2].,Calixto, Andrea[1].

[1]Centro de Genómica y Bioinformática, Medicina, Universidad Mayor.

[2]Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Ciencias, Universidad de Chile.

En condiciones ambientales desfavorables *C. elegans* entra en diapausa formando la larva dauer. Nuestro grupo observó que *C. elegans* entra en diapausa como mecanismo de defensa ante los patógenos *Pseudomonas aeruginosa* y *Salmonella entérica* serovar Typhimurium. En este trabajo estudiamos componentes genéticos del hospedero que modulan la formación de diapausa bajo patogénesis. Examinamos vías relacionadas con el mecanismo de ARN de interferencia (ARNi), respuesta immune y factores internos del hospedero que influencian la formación de dauer. La entrada en diapausa se produce en la segunda generación de *C. elegans* expuestos al patógeno, sugeriendo un mecanismo transgeneracional, heredable y sistémico de defensa que podría estar mediado por ARNs pequeños mediante ARNi. La formación de dauer en mutantes de ARNi, tanto endógeno (animales *rde-1* y *rde-4*), sistémico (*sid-1, sid-3 y sid-5*) y ambiental (*sid-2*) está disminuida o abolida en presencia de patógenos, al igual que animales inmunitariamente deficientes. Al examinar *C. elegans* defectivos en genes necesarios para la formación de dauer, *daf-22 (*síntesis de feromona), *daf-2* (receptor de insulina)y *daf-16* (factor de transcripción FOXO) encontramos que la entrada a dauer por infección bacteriana, depende de la activación transcripcional de DAF-16 y de la producción de feromona. Mutantes *daf-2*, hiper-resistentes a patógenos formaron menos dauers que los nemátodos silvestres, lo cual sugiere que la formación de dauer es el último recurso que utilizan los animales para defenderse. Proponemos que la formación de dauer en presencia de patógenos es el resultado de la comunicación celular entre patógeno-hospedero y hospedero-hospedero, mediada por ARNs pequeños.

**Financiamiento: Fondecyt 3100099 y 1131038 a AC y 1120209 a FCH.**

IPH-10

**Caracterización del proceso inflamatorio inducido por las fimbrias Lpf1 y Lpf2 de *Escherichia coli enterohemorrágica* en células epiteliales intestinales en cultivo.**

**Role of the Long Polar fimbriae Lpf1 and Lpf2 in the inflammatory response on intestinal cells infected by Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) O157:H7.**

**Vergara, Alejandra**[1].,Torres, Alfredo G[2].,Vidal, Roberto[1].,Farfán, Mauricio J[3].

[1]Depto de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

[2]Department of Microbiology and Immunology University of Texas Medical Branch, Galveston, Texas.

[3]Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

Las cepas de EHEC son agentes causantes de colitis hemorrágica, síndrome hemolítico urémico y se asocian a un proceso inflamatorio en células intestinales. Diversos estudios han correlacionado la Shigatoxina, el flagelo, entre otras, con altos niveles de citoquinas proinflamatorias. Sin embargo, la participación de factores como la fimbria Lpf (Long polar fimbriae), una adhesina involucrada en la adherencia y colonización de EHEC a células intestinales no ha sido del todo estudiado. Recientemente se asoció la ausencia de ambas fimbrias Lpf (Lpf1 y Lpf2) a una menor inducción de la secreción y expresión de genes que codifican moléculas proinflamatorias comparada con la cepa silvestre en modelo celular. Con el objetivo de evaluar la participación individual de éstas fimbrias en la respuesta inflamatoria inducida por EHEC, se infectaron células T84 con las cepas de referencia de EHEC 86-24 y sus mutantes para *lpf1 y lpf2*. Se realizaron ensayos de cuantificación de la secreción de IL-8, cuantificación de la expresión génica de moléculas proinflamatorias mediante PCR en tiempo real y se realizaron ensayos de migración transepitelial de PMN. Nuestros resultados muestran que las fimbrias Lpf1 y Lpf2 participan en la inducción de la secreción de IL-8 y la expresión génica de moléculas como IL-8, ICAM-1 y CCL-20. Adicionalmente, los resultados de migración transepitelial evidencian que las cepas carentes en Lpf presentan una disminución en la inducción de la migración de PMN. Estos datos sugieren la participación de ambas fimbrias Lpf de EHEC en la inducción de respuesta inflamatoria en células intestinales en cultivo.

**Sponsored by Fondecyt 1120809.**

IPH-11

**Factores Genéticos del huésped y severidad de la infección por hantavirus: estudio de asociación de genoma completo (GWAS).**

**Assessment of the antioxidant capacity of the uremic solutes and their mixtures through *in vitro* model systems.**

**Vial, C**[1,2].,Repetto, Gabriela[2].,Vial, Pablo[1].,Marcela, Ferres[3].,Mertz, Greg[4].,Cuiza, Analia[1].,Marco, Claudia[1].,Iturriaga, Carolina[1].,Espinoza, Karena[2].,Rivera, Juan Carlos[1].,Perez, Ruth[1].,Rioseco, Maria Luisa[5].,Calvo, Mario[6].,Wilhelm, Jan[1].,Mancilla, Rita[7].,Acuña, Marco[8].,Perkins, Douglas J[4].,Kempaiah, Prakasha[4].,Hittner, James B[9].,Hjelle, Brian[10].,Eyheramendy, Susana[11].,Valdivieso, Francisca[1].

[1]Programa Hantavirus, Medicina, Universidad Del Desarrollo.

[2]Centro de Genetica Humana, Medicina, Universidad Del Desarrollo.

[3]Pediatria, Medicina, Pontificia Universidad Católica De Chile.

[4]Medicina Interna Universidad de Nuevo Mexico.

[5]Programa Hantavirus Hospital Base Osorno.

[6]Programa Hantavirus Hospital Base Valdivia.

[7]Region de los Rios SEREMI .

[8]Programa Hantavirus Hospital Base Coyhaique.

[9]Sicologia Universidad de Nuevo Mexico.

[10]Patologia SOM Universidad de Nuevo Mexico.

[11]Estadistica, Matematicas, Pontificia Universidad Católica De Chile. (Sponsored by Fondecyt #1111039)

La infección por el hantavirus Andes causa el síndrome cardiopulmonar por hantavirus (HCPS) el cual tiene una letalidad de 36%. La severidad de esta infección puede variar desde pacientes que presentan una infección asintomática o una enfermedad leve, hasta una enfermedad grave y rápidamente fatal debido al shock producido por el HCPS. La inmunidad del huésped se ha postulado como el posible responsable de las manifestaciones del HCPS y variabilidad en esta respuesta se ha observado entre casos leves y graves, sugiriendo un role en la severidad de la enfermedad. Se ha demostrado que la genética del huésped es undeterminante importante en otras infecciones virales incluyendo la infección por el hantsavirus Puumala. Actualmente se sabe muy poco como la variabilidad genética del huésped afeta el curso clínico del HCPS. Nosotros proponemos que mediante el uso de metodologías de alto rendimiento utilizando un acercamiento imparcial que explore el genoma completo del huésped podremos identificar variantes genéticas asociadas con los diferentes cursos de la enfermedad. Para esto, estamos realizando un estudio de asociación de genoma completo (GWAS), el cual es el primer estudio de esta naturaleza en individuos infectados por hantavirus. Hemos analizado 100 pacientes con enfermedad leve o severa los cuales han sido fenotipificados extensivamente para crear las diferentes categorías. Utilizamos el array SNP6.0 de Affymetrix® para genotipificar a estos pacientes y de este primer análisis encontramos una región en el cromosoma 7 que esta cerca de significancia estadística (p=4.9E-6).

MIC-1

**Caracterización fenotípica y genotípica de levaduras aisladas desde el intestino de peces de interés comercial en Chile.**

**Phenotypic and genotypic characterization of yeast isolated from the intestine of fish with commercial interest in Chile.**

**Carrasco , Diana**.,Lopez, Paulina.,Diaz, Angelica[1].,Raggi, Patricia[1].,Navarrete, Paola[1].

[1]Laboratorio de Biotecnologia, INTA, Universidad de Chile.

Las levaduras forman parte de la microbiota del tracto digestivo de peces y existe gran interés en investigar sus propiedades probióticas. En este estudio se incluyeron 135 cepas de levaduras que fueron aisladas frecuentemente desde el tracto digestivo de salmónidos (*Salmo salar, Oncorhynchus mykiss, Oncorhynchus kisutch),* palometa *(Seriola landi)* y corvina *(Cilus gilberti)* silvestres y de cultivo. De acuerdo a la secuenciación de la región D1/D2 del gen 26S rRNA, estas cepas correspondieron a 7 especies. A todas las cepas se les evaluó su perfil enzimático a través del sistema api®ZYM y se secuenció la región espaciadora ITS para la distinción entre cepas. Los ensayos enzimáticos mostraron que algunas cepas produjeron enzimas hidrolíticas de interés en la acuicultura. De las 19 enzimas que se evaluaron, se detectaron en promedio 6.8 +/- 1.0 enzimas en las cepas. Las enzimas más frecuentemente detectadas fueron esterasa lipasa (95%), leucinarilamidasa (99%), valinarilamidasa (90%) y fosfatasa ácida (99%). Algunas enzimas fueron exclusivamente producidas por algunas levaduras. β-galactosidasa y β-glucoronidasa fueron sólo producidas por *D. hansenii* y *Saccharomyces cerevisiae*, respectivamente, mientras que lipasa sólo por *Candida zeylanoides* y *Rhodotorula glutinis*. La secuenciación de la región espaciadora permitió distinguir cluster en las cepas de las especies *D. hansenii*, *Rhodotorula mucilaginosa*, *R. glutinis* y *Yarrowia lipolytica*, sin embargo éstos no se correlacionaron con el origen silvestre o cultivo de los peces, por lo que sería necesario la aplicación de técnicas moleculares más resolutivas para la distinción entre cepas.

**Financiamiento: Fondecyt 11110414.**

MIC-2

**Identificación genotípica y susceptibilidad frente a antifúngicos de cepas de *Cryptococcus sp.* Aisladas en la ciudad de Talca.**

**Genotypic identification and antifungal susceptibility of *Cryptococcus sp.* strains isolated from the soil in the city of Talca.**

**Castillo, P**[1].,Velásquez, D[2].,Brevis, P[2].

[1]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad De Talca.

[2]Departamento de Microbiología, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad De Talca.

*Cryptococcus* es considerado un hongo ambiental, que se puede encontrar en diversos entornos, existen 37 especies reconocidas de *Cryptococcus*.La mayoría de las especies de *Cryptococcus* son dañinas, sin embargo, C. *neoformans* y C. *gattii* son los patógenos que tienen mayor importancia para los seres humanos.C. *neoformans* es conocido por causar enfermedad en pacientes inmunocomprometidos, especialmente en pacientes con VIH, a diferencia de C. *gattii,* que es considerado un patógeno primario. Se postula que la entrada al organismo es a través de los pulmones generando enfermedad en estos, sin embargo debido a su naturaleza neurotrópica, el sistema nervioso central es su principal órgano blanco. El objetivo del presente estudio, fue identificar genotípicamente y determinar la susceptibilidad frente a antifúngicos de *Cryptococcus sp.* aisladas de árboles de la zona urbana de Talca. Para ello, se trabajó con cepas aisladas a partir de árboles de *Eucalyptus camaldulensis* ubicados en el bosque aledaño al Rio Claro y *Alnus glutinosa* situado en el campus Lircay de la Universidad de Talca, entre Abril y Mayo del año 2012. Se realizó identificación presuntiva de *Cryptococcus gattii* mediante pruebas bioquímicas, dentro de lo que se incluye: presencia de cápsula, producción de ureasa, y crecimiento en agar CGB.Posteriormente, se procederá a realizar la identificación genotípica a través de la técnica de PCR convencional. La susceptibilidad frente a antifúngicos de las cepas, se evaluó mediante la utilización del kit ATB Fungus 3 (BioMerieúx) y con técnica de concentración mínima inhibitoria (CMI) frente a Anfotericina B y Fluconazol.

MIC-3

**Competencia *in vitro* entre el hongo comestible *Lactarius quieticolor* y *Rhizopogon roseolus.***

***In vitro* competition between the edible fungus *Lactarius quieticolor* and *Rhizopogon roseolus.***

**Chávez, D**[1].,Fuentes, Arlene[1].,Palfner, Götz[2].,Machuca, Ángela[1].

[1]Ciencias y tecnología Vegetal, Campus Los Angeles, Universidad De Concepción.

[2]Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad De Concepción.

*Lactarius quieticolor* es un hongo ectomicorrícico de colonización tardía en plantaciones de *Pinus radiata* y sus carpóforos apetecidos desde el punto de vista gastronómico. Resulta interesante evaluar si esta especie tiene la capacidad de competir *in vitro* con *Rhizopogon roseolus*, un hongo cosmopolita de colonización multi-etapa que también fructifica de manera abundante en plantaciones de *P. radiata*. Las especies fueron cultivadas en medio sólido Melin-Norkrans-modificado (MNM) y Biotina-Aneurina-Ácido fólico (BAF), utilizando sacarosa y glucosa como fuentes de carbono. Placas de Petri (9 cm) conteniendo medio de cultivo fueron inoculadas con un disco de agar micelio de cada especie a 3 cm de distancia uno de otro. En otro ensayo se favoreció el crecimiento de uno de los hongos por 15 días para luego inocular el otro, posible competidor. Todos los ensayos se realizaron en triplicado a 24ºC durante 30 días y la velocidad de crecimiento radial (mm.día$^{-1}$) fue registrada. Cuando se enfrentaron ambas especies en MNM-sacarosa y BAF-glucosa *R. roseolus* (0,42 y 0,37 mmdía$^{-1}$) presentó diferencias significativas en comparación con *L. quieticolor* (0,096 y 0,16 mmdía$^{-1}$). Cuando *R. roseolus* creció primero por 15 días la disminución del crecimiento provocada sobre *L. quieticolor* en ambos medios fue aún más drástica. Cuando fue *L. quieticolor* el que creció primero presentó mayor crecimiento (0,19 mm.día$^{-1}$) con diferencias significativas respecto a *R. roseolus* en BAF-glucosa (0,11 mmdía$^{-1}$).El potencial de colonización de los hongos *in vitro* (competencia) se vió afectado dependiendo del tipo de medio y fuente de carbono utilizados.

Sponsored by Beca De Doctorado Conicyt. Folio: 21110038.

**Financiamiento: Beca de Doctorado Conicyt 21110038.**

MIC-4

**Aislamiento e identifiación de *Malassezia spp.* en pacientes con pitiriasis versicolor en la ciudad de Talca.**

**Isolation and identification of *Malassezia spp.* in patients with pityriasis versicolor in the city of Talca.**

**Espinoza, C**[1].,Brevis Azócar, Pedro[1].,Yanine Salvador, Diana[2].,Gutiérrez Díaz, Jorge[2].

[1]Microbiología, Ciencias de la Salud, Universidad De Talca.

[2]Dermatología Clínica Dermatológica.

Las especies del género *Malassezia* forman parte de la microbiota normal de la piel, tanto del ser humano como de animales de sangre caliente. La colonización de estas levaduras parece estar influenciada por factores raciales, sexuales y cambios estacionales, con una frecuencia mayor en épocas cálidas y húmedas, pudiendo causar bajo ciertas condiciones infecciones superficiales a la piel.

Entre las patologías causadas por estas levaduras, con mayor frecuencia se encuentran: pitiriasis versicolor, dermatitis seborreica, foliculitis y dermatitis atópica. Por mucho tiempo se creía que sólo *Malassezia furfur* era el agente causante de dichas patologías. Los estudios taxonómicos recientes han permitido identificar nuevas especies de *Malassezia*, reclasificando los agentes etiológicos y demostrado que existen otras especies de *Malassezia* involucradas.

El objetivo del presente estudio fue determinar las especies del género *Malassezia* causantes de pitiriasis versicolor en pacientes de la ciudad de Talca. Para ello se recolectaron muestras clínicas de 10 pacientes con pitiriasis versicolor, se realizó examen micológico directo e identificación fenotípica de *Malassezia spp*. mediante la prueba de catalasa, prueba de desdoblamiento de la esculina y asimilación de Tween 20, 40, 60, 80 y Cromophor EL. Se identificaron 6 especies de *Malassezia globosa* y 4 especies de *Malassezia sympodialis.* A dichas especies se les realizará caracterización molecular mediante PCR-RFLP para la diferenciación genotípica a partir de cultivos puros.

MIC-5

**PCR-anidada para la búsqueda de *Histoplasma capsulatum* en abonos y enmiendas orgánicas.**

**Nested PCR for detecting *Histoplasma capsulatum* in organic fertilizers and soil amendments.**

**Gomez Londono, Luisa Fernanda**[1].,Torres Gomez, Isaura Patricia[2].,Jimenez Alzate , Maria Del Pilar[1,3].,Pelaez Jaramillo, Carlos Alberto[4].,McEwen Ochoa, Juan Guillermo[1,3,2].,Taylor, Maria Lucia[5].,Arango Arteaga , Myrtha [1,3].

[1]Grupo de Micología Medica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

[2]Grupo de Biologia Molecular y Celular Corporacion para las Investigaciones Biologicas - CIB.

[3]Microbiologia y Parasitologia, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

[4]Grupo Interdisciplinario de Estudios Moleculares (GIEM), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia.

[5]Inmunologia de Hongos Universidad Autonoma de Mexico.

**Introducción:** La histoplasmosis es la micosis endémica más frecuente en América, causada por *Histoplasma capsulatum* (*Hc*), que habita en suelos ricos en fósforo y nitrógeno como los enriquecidos con excretas de aves y murciélagos. Causa casos individuales o brotes al inhalar partículas micóticas liberadas al perturbar este ambiente. Para restituir los agro-ecosistemas en el trópico, se utilizan abonos orgánicos, especialmente con gallinaza. En Colombia, el ICA regula las características fisicoquímicas y microbiológicas de los abonos, pero no ha establecido medidas para detectar *Hc*. **Objetivo:** Estandarizar un ensayo de PCR-anidada para detectar *Hc* en abonos y enmiendas orgánicas. **Metodología:** i) se extrajo ADN de Hc en fase de levadura y de abonos infectados experimentalmente, por fenol-cloroformo-alcohol isoamílico y FastDNA Spin Kit For Soil®, respectivamente; ii) se establecieron las condiciones de la PCR-anidada realizando gradientes de temperatura y magnesio; con los iniciadores propuestos por Bialek y col. y otras condiciones según Taylor y col., iii) se determinó la sensibilidad y especificidad de esta PCR **Resultados:** Se estableció una temperatura de anillaje de 50ºC, con los iniciadores HcI-HcII y de 65ºC, con HcIII-HcIV; con $MgCl_2$ a 1.25mM mejorando la especificidad. El límite de detección fue 0.1fg y no amplificaron otros hongos relacionados. **Conclusión:** Esta técnica permitirá mejorar la evaluación de los abonos orgánicos y sus materias primas contaminados con *Hc*, garantizando la prevención de brotes por manufactura, comercialización y uso.

**Financiación: Comité para el Desarrollo de la Investigación (CODI), Universidad de Antioquia, Colombia y el Programa nacional de jovenes Investigadores e Innovadores "Virginia Gutiérrez de Pineda", Colciencias, Colombia.**

MIC-6

**Producción de agentes quelantes de metal por los hongos ectomicorrícicos *Suillus luteus* y *Rhizopogon roseolus*.**

**Metal-chelating compound production by the ectomycorrhizal fungi *Suillus luteus* and *Rhizopogon roseolus*.**

**Toledo, Adriana**[1].,Fernández, Sofía[1].,Aguirre, Carolina[2].,Machuca, Ángela[1].

[1]Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, Campus Los Ángeles, Universidad De Concepción.

[2]Departamento de Química Ambiental, Facultad de Ciencias, Universidad Católica De La Santísima Concepción. (Sponsored by Proyecto DIUC 211.418.002-1.0. )

Debido a problemas de disponibilidad del Fe en el ambiente, la mayoría de los microorganismos ha desarrollado mecanismos de solubilización y captura que incluyen compuestos quelantes del tipo sideróforos, específicos para $Fe^{3+}$, y ácidos orgánicos. Aunque en bacterias la producción de dichos compuestos ha sido extensivamente estudiada, en hongos ectomicorrícicos los estudios son escasos. En el presente trabajo se evaluó la capacidad de *Rhizopogon roseolus* y *Suillus luteus* para producir compuestos quelantes bajo diferentes condiciones de cultivo *in vitro*. Los hongos fueron cultivados en medios sólidos y líquidos (condiciones agitadas y estáticas), y los compuestos fueron detectados a través del ensayo universal con Chrome azurol S (CAS). En ausencia y presencia de 0,1 mM de $Fe^{3+}$, ambas especies produjeron compuestos quelantes, pero una fuerte inhibición fue observada en 1 mM. Las condiciones de agitación (90 rpm) en medio líquido y el pH 6,5 estimularon la producción de compuestos. Las pruebas químicas de caracterización muestran estructuras del tipo catecolato en los extractos de *S. luteus*, pero no en *R. roseolus*. La cromatografía líquida de alta resolución (HPLC) mostró la presencia de acido oxálico como principal ácido orgánico, y sideróforos del tipo hidroxamato en ambas especies, pero en mayor concentración en *S. luteus*. De esta forma, *S.luteus* y *R. roseolus* producen sideróforos del tipo hidroxamato y ácido oxálico como los principales compuestos quelantes de metal. *S. luteus* produce además una gran cantidad de pigmentos extracelulares que podrían contribuir a la quelación de metales y ser responsables de la reacción positiva para catecolatos.

**Financiamiento: Proyecto DIUC 211.418.002-1.0.**

MIC-7

**Tolerancia al frío de diferentes especies de levaduras antárticas.**

**Cold tolerance of Antarctic yeast species.**

**Villarreal, P**[1].,Alcaino, Jeniffer[2].,Cifuentes, Victor[1].,Baeza , Marcelo[1].

[1]Ecologia , Facultad de Ciencias, Universidad De Chile.

[2]Ecologia, Ciencias, Universidad de Chile.

Los microorganimos que colonizan ambientes fríos han desarrollado adaptaciones metabolicas para contrarrestar los efectos de las bajas temperaturas. Uno de los principales desafíos es el congelamiento y descongelamiento, para lo cual sintetizan péptidos anticongelantes los que moderan la formación de cristales de hielo dentro y fuera de la célula. En nuestro laboratorio se cuenta con una colección de 27 especies diferentes de levaduras aisladas desde muestras de suelo de la Isla Rey Jorge, región subantártica, cuyos rangos de temperatura de crecimiento varía entre 10 y 30°C. Un primer paso para determinar si estas levaduras producen peptidos anticongelantes, es evaluar su resistencia a ciclos de congelamiento-descongelamiento.

Por ello en este trabajo cultivos de cada especie de levaduras fueron sometidos a ciclos de congelamiento a -20 °C por 12 horas y descongelamiento a 22°C por 30 minutos, por al menos 6 veces. En cada ciclo se determinó las UFC/ml y el porcentaje de sobrevida respecto del tiempo 0. Al comparar todas la especies analizadas con la levadura mesófila *Saccharomyces cerevisiae* se encontraron resultados variables, ya que por un lado se encontró especies como *W. anomalus* que presentó menor tolerancia (UFC/ml=0 al tercer ciclo). Por otro lado, algunas especie presentaron una mayor tolerancia como *Candida parapilopsis, Rhodotorula laryngis, Rh. musilaginosa* y *Leucocporidiella fragaria,* las que luego de 5 ciclos mantenían una alta viabilidad, entre $10^5$ y $10^7$ UFC/ml.

MIC-8

**La subunidad Gαl de una proteína G heterotrimérica interviene en la regulación del desarrollo y la producción de proteasas en *Penicillium camemberti*.**

**The Gαl subunit from a heterotrimeric G protein is involved in development regulation and proteases production in *Penicillium camemberti*.**

**García-Rico, Ramón-O.**[1].,Gil-Durán, Carlos[2].,Medina, Exequiel[2].,Chávez, Renato[2].,Vaca, Inmaculada[3].

[1]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Pamplona, Colombia.

[2]Departamento de Biología, Facultad de Quimica y Biologia, Universidad de Santiago de Chile.

[3]Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En hongos filamentosos, las proteínas G heterotriméricas intervienen en rutas de transducción de señales que regulan el desarrollo y el metabolismo secundario. *Penicillium camemberti* es un microorganismo con creciente interés biotecnológico. Para determinar el papel de la subunidad Gαl en el desarrollo de *Penicillium camemberti*, se transformó este hongo con un alelo mutante (*pga1*$^{G42R}$) desarrollado para *P. chrysogenum*. Se analizó el efecto de este alelo sobre la germinación, el crecimiento y la conidiación. Además, se midió su efecto sobre la producción de proteasas, enzimas clave en la maduración de quesos por parte de este hongo. En relación a la cepa parental, los transformantes mostraron disminución en la tasa de extensión apical y en la producción conidial, efecto que es mayor si la complejidad nutricional del medio de cultivo es baja. No se observaron diferencias significativas entre la cinética germinativa de los transformantes y la del parental; sin embargo, se determinó que el alelo es capaz de desencadenar la germinación conidial en entornos sin fuente de carbono, e incluso en agua destilada. Finalmente, los transformantes tienen menor producción de proteasas extracelulares comparados con la cepa nativa. Nuestros resultados indican que la subunidad Gαl participa en las etapas iniciales de la germinación y regula negativamente el crecimiento, la conidiación y la producción de proteasas extracelulares en *Penicillium camemberti*.

**Agradecimientos: PCCI CONICYT-COLCIENCIAS 2009-96, DICYT-USACH, Grupo GIMBIO Unipamplona.**

MCL-1

**Aislamiento y caracterización de cepas de *Escherichia coli*productor de shigatoxina desde carne de vacuno nacional e importada, distribuida en Santiago.**

**Isolation and characterization of Shigatoxin-producing *Escherichia coli* strains from chilean and imported beef, distributed in Santiago.**

**Baeza, C**[1,3].,Pardo, M.[3].,Badilla , C.[2].,Orellana, P.[3].,Torres, A.[3].,Solari, V.[4].,Vidal , R.[3].

[1]Escuela de Salud Pública Universidad Mayor.

[2]Subdepartamento Control Sanitario de Alimentos SEREMI de Salud Región Metropolitana.

[3]Programa de Microbiología , Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

[4]Subdepartamento Epidemiología SEREMI de Salud Región Metropolitana.

*Escherichia coli* productor de shigatoxina (STEC) es un patógeno zoonótico emergente de importancia en salud pública, asociado a brotes de infección transmitida por alimentos (ETA). Clínicamente, STEC puede producir cuadros de diarrea aguda, colitis hemorrágica (CH) y Síndrome hemolítico urémico (SHU), afectando principalmente a niños menores de 5 años. El objetivo de este estudio fue determinar la presencia de STEC en carnes nacionales e importadas de origen bovino (principal reservorio de STEC), selladas al vacío, comercializadas en Santiago. Se estudiaron 304 muestras de carne (28,6% de origen nacional y 71,4% importada), colectados entre mayo y diciembre de 2012. Mediante PCR múltiple, se realizó la búsqueda de genes que codifican para las shigatoxinas (*$stx_1$ y $stx_2$*) e intimina (*eae*). Del total de muestras analizadas, 20/304 (6,6%) fueron positivas para STEC, de ellas 17 (7,8%) correspondieron a carne importada y 3 (3,4%) a carne nacional, presentando distinto perfil toxigénico; *$stx_1$*/*$stx_2$* (7/20), *$stx_1$* (2/20), *$stx_2$* (11/20). Se logró aislar estas 20 cepas, identificando distintos genotipos de *stx*: *$stx_{1a}$*, *$stx_{2a}$*, *$stx_{2b}$*, *$stx_{2c}$* y s*$tx_{2d}$*y otros factores de virulencia destacando la presencia de los genes *iha, hlyA* y *saa*. Mediante aglutinación con antisueros específicos, se logró identificar los serogrupos O113 (6/20), O174 (2/20), O141 (1/20) y O8 (1/20). Las cepas de STEC aisladas en este estudio presentan serogrupos y genes de virulencia descritos en aislados clínicos de STEC asociados a CH y SHU en humanos. Se propone mejorar las medidas de detección de STEC en la cadena agroalimentaria, para reducir el riesgo de casos de SHU.

**Financiamiento: Fondecyt 1110260**

MCL-2

**Evaluación de nuevos cebadores para la identificación de *Salmonella* spp., y *Salmonella* serotipo Typhi, empleando la técnica de PCR, en cepas aisladas de alimentos contaminados.**

**Evaluation of novel primers for identification of Salmonella spp. and Salmonella serotype typhi, using the PCR technique, in strains isolated from contaminated food.**

**Caamal-Ley, A[2]**.,Mendez-Aragón, P[1].,Vargas-Gonzalez, A[2].

[1]Inmunologia, Escuela de Ciencias Biológicas, Instituto Politecnico Nacional.

[2]Microbiología, CIR , Universidad Autonoma de Yucatan.

**Introducción:** *Salmonella*es la causa más común de las enfermedades transmitidas por alimentos. Se estima que cada año aparecen 21 millones de casos nuevos y fallecen 216,000 personas a causa de la enfermedad. La fiebre tifoidea, es la enfermedad más seria causada por *Salmonella,* por lo que la detección temprana en alimentos, permitiría verificar la calidad de éstos, así como implementar controles previos a la ocurrencia de enfermedad. Los métodos de diagnóstico bacteriológico por cultivo y pruebas bioquímicas son las más utilizadas, pero son tardadas y laboriosas; contrariamente, la técnica de PCR, es rápida, específica y muy sensible. Por lo cual, en el presente trabajo se evaluaron nuevos cebadores específicos para la detección de la bacteria. **Materiales y métodos:** Se analizaron 32 cepas de *Salmonella* spp. aisladas previamente de alimentos contaminados, se les realizó PCR para identificación de *Salmonella* (*invA*), y *S.* Typhi (*vexC*); así como las bioquímicas para identificación de género y serotipo. También se incluyeron 20 cepas de bacterias no relacionadas (*Enterobacter*, *E. coli*, *Listeria*, entre otras), como controles negativos. **Resultados:** De las 32 muestras se recuperaron 29, todas fueron positivas a *Salmonella* por PCR y bioquímicas, sin embargo al analizar el serotipo typhi, se identificaron por PCR 5 cepas, contra 3 por bioquímicas. Ninguna de las cepas de bacterias no relacionadas dio positivo por algún método. En un análisis más detallado de las bioquímicas se encontró contaminación de *Salmonella T*yphi en una muestra identificada como *Salmonella* no Typhi. Demostrando sin lugar a dudas que aún en muestras con carga bacteriana baja, la PCR es capaz de detectar el serotipo typhi.

**Conclusiones:** La técnica de PCR es más específica y eficaz que los métodos tradicionales (cultivo y bioquímicas) para la identificación de *Salmonella* spp. y *S*. Typhi, lo cual puede ser de gran ayuda para el control de calidad en alimentos, además, el resultado se proporciona en menor tiempo y con un mayor grado de certeza.

MCL-3

**Prevalencia y susceptibilidad frente a antibiótios de uso común frente a *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma sp.* aislados de flujos vaginales de mujeres atendidas en un consultorio de Talca.**

**Prevalence of *Mycoplasma hominis* and *Ureaplasma sp.* infections and their susceptibility to antibiotics commonly used against these species isolated from vaginal discharge of women attending a clinical trial in Talca.**

**Castillo, P**[1].,Brevis, P[1].

[1]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad De Talca.

Micoplasma es un microorganismo, que desde su descubrimiento en el año 1989, ha ido aumentando su importancia clínica, debido a que se relacionan con enfermedades agudas y crónicas. En particular *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma sp.* responsables de patologías del aparato urogenital, pudiendo favorecer el desarrollo de vaginosis bacteriana, enfermedad inflamatoria pélvica, uretritis y cervivitis. Los Micoplasmas son extremadamente fastidiosos para su multiplicación in vitro, lo que hace que su aislamiento por métodos convencionales de cultivo sea difícil y costoso, por lo que la información existente en cuanto a prevalencia y susceptibilidad a antibióticos es escasa. El objetivo de este trabajo, fue determinar la prevalencia y susceptibilidad a antibióticos de *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma sp.* aislados de flujos vaginales de mujeres atendidas en un consultorio de salud de Talca, Chile. En el estudio fueron incluidas 64 mujeres, cuyas muestras fueron procesadas a través del kit IST 2 de BioMerieux. La prevalencia de infección por alguno o ambos microorganismos fue de 76,6%, presentando mayor frecuencia el aislamiento de *Ureaplasma sp.* En cuanto a la sensibilidad frente a antibióticos, todas las cepas de *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma sp.* aisladas de forma independiente fueron sensibles a doxiciclina y tetraciclina, con una elevada resistencia frente a ciprofloxacino y eritromicina. En Chile, se ha reportado una frecuencia de aislamiento de *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma urealyticum* de 26% y 52% respectivamente, valores inferiores a los resultados de este estudio (34,4% y 71,9%), la susceptibilidad a antimicrobianos mostrada por los micoplasmas fue similar a otros estudios del país.

MCL-4

**Patotipos de *Escherichia coli* aislados a partir de patologías porcinas en la República Argentina.**

**Pathotypes of *Escherichia coli* isolated from swine diseases in Argentine.**

**Comba, Eduardo**[2].,Pereyra, N.B.[2].,Francois, S.E.[2].,Casabonne, Cecilia[1].,Aquili, Virginia[1].,Subils, Tomás[1].,Balagué, Claudia[1].,Pidone, C.L.[2].,Tártara, G.P.[2].

[1]Bacteriologia, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmaceúticas , Universidad Nacional Rosario.[2]Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional Rosario.

Diferentes patotipos de *Escherichia coli (E. coli)* están asociados a patologías en el ser humano y animales. Esos patotipos poseen distintos factores de virulencia detectables por diferentes métodos. El presente trabajo tuvo como objetivo detectar factores de virulencia en aislados de *E. coli* de origen porcino utilizando métodos genotípicos. Se estudiaron 42 cepas de *E. coli* provenientes de cerdos afectados con patologías compatibles con aquéllas producidas por *E. coli* y aisladas a partir de órganos y materia fecal desde cerdos lactantes de 1 semana de vida y recién destetados. Se analizó la presencia o auscencia de los genes *hlyA, ipaH, eae*, *eagg, stx1*, *stx2, lt, st1 y st2* mediante PCR. La búsqueda de los genes mencionados determinó la presencia de diferentes patotipos en los aislamientos analizados. Se detectaron dos cepas de *E. coli* ENTEROINVASIVAS (presencia de gen *ipaH*), una de ellas aislada de riñón y la otra de materia fecal; dos cepas de *E. coli* ENTEROPATOGÉNICAS (presencia del gen *eae*), una aislada de bazo y la otra de materia fecal; una cepa aislada de materia fecal combina factores de virulencia correspondiéndose a un patotipo mixto de *E. coli* enterotoxigénica/ENTEROPATÓGENA (ETEC/EPEC) debido a la detección de los genes *st1, st2, lt2 y eae*. Es importante destacar que los tres patotipos demostrados son coincidentes con los frecuentemente aislados en seres humanos lo cual convertiría al cerdo en una potencial fuente zoonótica.

MCL-5

**Comparación entre distintos métodos de aislamiento de *Campylobacterjejuni* a partir de muestras de pollo.**

**Comparison of different methods of isolation of *campylobacter jejuni* samples from chicken.**

**Dusso, D[1]**.,Subils, T[1].,Migliore, L[1].,González, A[1].,Spoleti, M[2].,Caprile, L[3].,Casabonne, C[1].,Aquili, V[1].,Balagué, C[1].

[1]Bacteriología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas , Universidad Nacional Rosario.[2]Bacteriología Hospital de Niños Zona Norte.[3]Bacteriología Hospital Provincial.

*Campylobacter jejuni* es el agente causante de gastroenteritis bacteriana más común en el mundo. Generalmente la infección se adquiere ingiriendo alimentos contaminados, especialmente pollo mal cocido, y aguas con heces de aves y cerdos infectados. El objetivo de este trabajo fue evaluar la diferencia en la tasa de recuperación de *Campylobacter*de muestras de pollos utilizando distintos métodos de aislamientos y diferentes medios sólidos. Se procesaron diez hisopados de carcasa de pollos de supermercado y diecisiete de cloaca de pollos de criaderos. Los hisopos inoculados se enriquecieron en caldo Bolton con 5% de sangre durante 48 hs a 42ºC en microerofilia. Posteriormente se realizaron tres procedimientos diferentes: **a)** 200 µl del cultivo se filtraron con una membrana de 0,6 µm sobre agar Skirrow, agar Brucella sangre y agar MH sangre; **b)** 1 ml se centrifugó 10 minutos a 13000 rpm, se tomó una ansada del pellet y se estrió sobre cada uno de los medios a ensayar; **c)** 1 ml se centrifugó durante 2 minutos a 3000 rpm, se tomó una ansada del sobrenadante y se estrió sobre los tres medios sólidos antedichos. Cada una de las placas inoculadas se incubó 48 hs a 42ºC en microaerofília. El método de filtrado permite obtener mejores resultados en el aislamiento de *Campylobacter* (33% de recuperación en pollos de supermercado y 85 % en pollos de granja) en comparación con los otros métodos ensayados (menor al 10%). No se encontraron diferencias significativas en la tasa de recuperación entre los tres medios sólidos ensayados.

MCL-6

**Prevalencia de Shet-1 y Shet-2 en aislamientos de *shigella flexneri* y *shigella sonnei* recuperadas de pacientes con diarrea.**

**Prevalence of *Shigella* Enterotoxins 1 and 2 among *Shigella* Strains Isolated from Patients with Diarrhea.**

**González, Agustina**[1].,Subils, Tomás[1].,Migliore, Leonel[1].,Dusso, Diego[1].,Aquili, Virginia[1].,Spoleti, Maria Julia[2].,Larini, Silvia[3].,Caprile, Luis[4].,Colombo, Laura[5].,Pérez, Jorgelina[6].,Balagué, Claudia[1].,Casabonne, Cecilia[1].

[1]Bacteriologia, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmaceúticas , Universidad Nacional Rosario.

[2]Bacteriologia Hospital de Niños Zona Norte.

[3]Bacteriologia Hospital Victor J. Vilela.

[4]Bacteriologia Hospital Provincial.

[5]Bacteriologia Hospital Escuela Eva Perón.

[6]Bacteriologia Hospital Provincial del Centenario.

Se han caracterizado dos enterotoxinas en*Shigella spp.*, la Shigellaenterotoxina1(ShET1) yShigellaenterotoxina2 (ShET2) que ejercen un papel muy importante en las manifestaciones clínicas durante lafaseacuosainicial de la shigelosis.La ShET1 está codificada en el gen cromosómico *set1* y la ShET2 en el gen *sen* localizado en un plásmido de 140 MDa. El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia de las toxinas ShET1 y ShET2 en 97 aislamientos de *Shigella spp.* recuperados en la zona del gran Rosario durante el año 2012. Se seleccionaron 74 cepas de *S. flexneri* y 23 de *S. sonnei* aisladas de materia fecal de pacientes que concurrieron a los servicios de Bacteriología de 5 hospitales situados en el gran Rosario. Se utilizó la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa con cebadores específicos y posteriormente análisis de los productos de amplificación por electroforesis en gel de agarosa para detección de los genes *set1* y *sen.*El gen*set1*estuvo presenteen un 4% de los aislados de*S. sonnei* y en un 38% en *S. flexneri*. El gen *sen*fue detectadoen un 48% en *S. sonnei* y en un 72% en *S. flexneri*. La alta frecuencia de detección demuestrala mayor prevalencia de ShET2 en cepas de *Shigella flexneri* y *Shigella sonnei* en comparación con ShET1. Concluyendo, este trabajo refuerza el conocimiento de la prevalencia y distribución de estas dos enterotoxinas en *Shigella spp.*

MCL-7

**Etiología microbiana de la otitis externa canina en los perros de los albergues de Caldas Antioquia**

**Microbial Etiology of otitis externa in dogs canine hostels in Caldas Antioquia**

**Gutierrez Ramirez , Luz Adriana**[1].,Ramirez A., Luz Adriana [2].,Hincapie, Juan Esteban[2].,Ortiz Del Rio, Carolina [2].,Ortiz , Joe Fernando[3].

[1]Zootecnia, Ciencias Administrativas y Agropecuarias , Corporación Universitaria Lasallista .

[2]Medicina Veterinaria , Ciencias Administrativas y Agropecuarias , Corporación Universitaria Lasallista .

[3]Medicina Veterinaria , Ciencias Administrativas y Agropecuarias , Corporación Universitaria Lasallista s.

El proyecto de investigación se realizó con los perros del albergue de paso de Caldas, los cuales una vez eran diagnosticados clínicamente con otitis se procedía a realizar el diagnóstico microbiológico y posteriormente se trataban con un medicamento de uso veterinario, cuyos principios activos son gentamicina, clotrimazol y un corticoide. **Introducción**: A lo largo de la historia el diagnóstico en animales se ha realizado más por la experiencia clínica que por la evaluación directa microbiológica, razón por la cual en algunos casos se cometen errores en el empleo de antimicrobianos para el tratamiento efectivo. El **objetivo** de este trabajo es caracterizar por métodos microbiológicos algunos agentes etiológicos productores de otitis canina. **Metodología**: Se evaluaron 27 perros (54 muestras), todos ellos diagnosticados clínicamente con otitis por un experto y confirmado el diagnóstico tomando hisopados de los oídos infectados empleando el medio Aimes para su posterior análisis. Estos se cultivaron en medios selectivos; una vez inoculados los medios se incubabron a 37ºC/24 horas y se determinó posteriormente el género y la especie de los microorganismos aislados, simultáneamente a esto se le administró el tratamiento ótico a cada animal afectado, evaluando pos tratamiento la permanencia del patógeno. **Resultados**: la frecuencia de aislamientos de los patógenos en las 54 muestras evaluadas fueron 35% levaduras en su mayoría *Malassezia sp.,* 30% *Pseudomona aeruginosa* y 35% *Staphilococus* sp. **Conclusiones**: el diagnóstico clínico es tan importante como el diagnóstico microbiológico, pues es éste quien determina la susceptibilidad o resistencia de un patógeno a ciertos medicamentos, lo cual afecta directamente el bienestar animal y aumenta el número de recidivas en el tiempo.

MCL-8

***Caracterización de PcsB y su relación con la formación de biopelícula en S. mitis y S. sanguinis***

***Characterization of PcsB and its relationship with biofilm formation in S. mitis and S. sanguinis***

**Harth-Chu, E**[1].,Stipp N., R[2].,Mattos-Graner, R[2].

[1]Laboratorio de microbiología e imunología, Faculdad de Odontología de Piracicaba, Universida de Estadual de Campinas - UNICAMP.

[2]Laboratorio de microbiología e imunología, Faculdade de Odontología de Piracicaba, Universida de Estadual de Campinas - UNICAMP. (Sponsored by FAPESP 2009/50547-0, CAPES PNPD 2010)

*Streptococcus mitis* y *S. sanguinis* son especies comensales de la cavidad oral, que pueden causar enfermedades bucales y sistémicas. Codifican PcsB ("Protein for Cell Separation of Streptococcus group B"), proteína inmunodominante conservada entre patógenos como *S. pneumoniae* e *S. mutans,* involucrada en formación de biopelícula, desarrollo de pared celular y virulencia. *pcs*B está siendo investigado como blanco de vacunas, por lo que consideramos importante caracterizarlo. El objetivo fue analizar el polimorfismo, producción de P*cs*B y formación de biopelícula en *S. mitis y S. sanguinis*. *Aislados clínicos de S. mitis* y *S. sanguinis* fueron utilizados. *pcs*B fue amplificado y secuenciado. *Dot blot* fue utilizado para cuantificar PcsB en sobrenadantes de cultivo y extractos celulares de cepas crecidas bajo condiciones aeróbicas y anaeróbicas a una $Abs_{550nm}$=0.3 (fase mid-log), utilizando anticuerpos contra PcsB expresada en *Escherichia coli.* Formación de biopelícula fue analizada en diferentes medios de cultivo y condiciones atmosféricas. Sitios polimórficos fueron observados en la región central de la proteína, sugiriendo una probable función de las regiones amino y carboxilo terminal. En ambas especies, PcsB fue detectada en cantidades variables y principalmente en la forma secretada. La mayoría de aislados formaron biopelícula en medio con sangre, siendo que para *S. mitis* la presencia de oxígeno fue un factor importante. Ninguna asociación estadística fue encontrada entre la producción de PcsB y la formación de biopelícula. PcsB es una proteína altamente conservada en *S. mitis* y *S. sanguinis*, su producción varía entre cepas y no está relacionada con la formación de biopelícula.

**Financiamiento FAPESP 2009/50547-0, CAPES PNPD 2010.**

MCL-9

**Comparación de patrones electroforéticos bidimensionales y caracterización proteómica preliminar de quistes fértiles e infértiles de *Echinococcus granulosus***

**Hidalgo, C**[1].,Paredes, R[1].

[1]Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

La hidatidosis es una enfermedad zoonótica causada por el metacéstodo del parásito *Echinococcus granulosus*. En su hospedero intermediario se desarrolla en forma de quistes, que por razones que se desconocen, puede ser fértil o infértil. Se define como quiste fértil aquel capaz de continuar el ciclo de la enfermedad, al producir un estado conocido como protoescólice. La estrategia de utilizar electroforesis bidimensional en conjunto con espectrometría de masa es útil para identificar proteínas que podrían explicar las diferencias entre quistes fértiles e infértiles y contribuir a dilucidar la causa de esta diferencia. Se obtuvieron quistes hidatídicos desde bovinos faenados en la Región Metropolitana y procesados bajo condiciones de esterilidad en el Laboratorio de Medicina Veterinaria de la Universidad Andrés Bello. Cada quiste se abrió de forma individual, se descartó el líquido hidatídico y la membrana interna se obtuvo raspando de forma suave para evitar contaminación con proteínas del hospedero. La electroforesis bidimensional se realizó en tiras de pH inmovilizado de 13 cm en rangos de pH de 3-10 y 4-7 y luego en geles SDS-PAGE al 12% a 50 mA. Se obtuvieron 492 spots que fueron escindidos y sometidos a espectrometría de masa, de los cuales se lograron identificar con éxito 41 proteínas, 15 para los quistes fértiles, 21 para los quistes infértiles y 5 proteínas comunes. Las proteínas identificadas en quistes fértiles correspondieron en su mayoría a productos metabólicos del parásito mientras que en los quistes infértiles, una gran proporción corresponde a proteínas del hospedero y algunas pocas a proteínas estructurales del parásito; esta diferencia hace pensar que las causas involucradas en la fertilidad de quiste hidatídico no son capaces de eliminar el parásito pero sí limitar su crecimiento. Datos de 451 spots no encontraron coincidencias en las bases de datos públicas.

**Financiamiento: Fondecyt N° 1130717**

MCL-10

**Discriminación de *Lactobacillus* suplementados con selenio mediante espectroscopia fotoacústica infraroja con transformada de Fourier (FTIR-PAS)**

**Discrimination of *Lactobacillus*supplemented with selenium by photoacoustic fourier transform infrared spectroscopy (FTIR-PAS).**

**Inostroza, J[2].**,García, Apolinaria[1].,Saavedra, R[2].,Yañez, Jorge[3].

[1]Departamento de Microbiología, Ciencias Biológicas, Universidad De Concepción.

[2]Centro de Óptica y Fotónica, Departamento de Física, Cs. Físicas y Matemáticas, Universidad de Concepción.

[3]Departamento de Química Analítica e Inorgánica, Ciencias Químicas, Universidad De Concepción.

Los probióticos son cada vez más utilizados en la industria alimentaria, especialmente los del género *Lactobacillus*. Algunas cepas tienen la propiedad de inhibir a *Helicobacter pylori*, bacteria que se asocia a enfermedad péptica ulcerosa y es un factor de riesgo de cáncer gástrico. Según la FAO/OMS, es necesario identificar el microorganismo a nivel de especie/cepa dado que los efectos probióticos son específicos para cada cepa.Los métodos convencionales para la identificación y diferenciación de microorganismos se basan en ensayos bioquímicos y serológicos. La mayoría de estos métodos son engorrosos y requieren pruebas que pueden durar varios días. Un enfoque alternativo es utilizar métodos espectroscópicos. Presentaremos los resultados preliminares de la aplicación de Espectroscopia Fotoacústica Infraroja con Transformada de Fourier (FTIR-PAS) combinada con análisis por Componentes Principales (PCA) para discriminar cepas de *Lactobacillus.* Se prepararon cultivos de *Lactobacillus rhamnosus* cepa 25A y *Lactobacillus salivarius* cepa 979C con diferentes concentraciones de selenito de sodio y Cristal Violeta al 0.001%. Las muestras fueron caracterizadas mediante la obtención de sus espectros, y un subsecuente análisis PCA. Cada espectro exhibe diferentes áreas espectrales asociadas con grupos químicos específicos de los diferentes componentes de los microorganismos estudiados. El PCA permitió la discriminación por cepas, colorante y cantidad de selenio adicionado. Los gráficos de "*loadings*" de PCA indican qué variables contribuyen más a la clasificación y se asocian con los grupos funcionales más intensos del espectro fotoacústico. Los resultados permiten validar localmente a la FTIR-PAS como una herramienta rápida y efectiva en la discriminación e identificación de *Lactobacillus*.

MCL-11

**Descripción clínica y epidemiológica de un brote de *Klebsiella pneumoniae* productora de KPC en una institución nivel IV en Bogotá, Colombia.**

**Clinical and epidemiological description of an outbreak of KPC producing *Klebsiella pneumoniae* infection in a IV Level Institute in Bogotá, Colombia.**

**Josa, Diego**[1].,Bustos, Ingrid[1].,Perea, Jacqueline[1].

[1]Bogotá D.C. Fundación Abood Shaio.

**Objective:**The aim of this study was to describe the clinical, epidemiological and microbiological characteristics of a nosocomial outbreak of *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC)- producing *Klebsiella pneumoniae* in the Intensive Care Unit in the "Fundación Abood Shaio", Bogotá, Colombia. **Material and methods:** Retrospective, descriptive and observational study. We recorded clinical, epidemiological and microbiological data of patients with KPC-producing *Klebsiella pneumoniae* infection. The bacterial identification and antimicrobial susceptibility was performed by an automated method (MicroScan Walk Away Plus®). The confirmation for *K. pneumoniae* carbapenemase was performed by the modified Hodge test and confirmed by PCR (blaKPC-1 and blaKPC-2). Sixteen samples were analyzed for the detection of the gene New Delhi metalobetalactamase (NDM-1). The clonal study was performed by pulsed field gel electrophoresis (PFGE). **Results:** Three patients were confirmed as having a nosocomial infection (8 isolates) and fifteen as patients colonized by KPC-producing *K. pneumoniae*. The PCR revealed the presence of the gene blaKPC-1 and blaKPC-2 in all isolates. Through PFGE was identified the presence of a clone with a greatest similarity more than 75 %. We found no band pattern of the gene NDM-1. **Conclusions:** The clone presented revealed that the main mechanism of transmission was patient-to-patient in this outbreak. The strategies implemented such as the cleaning process and disinfection, the intensification of hand washing, performing environmental cultures and patient cultures (looking for KPC-producing *K. pneumoniae*), relocation of the patients and access control of the hospital personal to the ICU, were the essential steps taken to prevent propagation of the microorganism.

MCL-12

**Características fenotípicas de esporas de *Clostridium difficile* asociadas a episodios de diarrea reincidente.**

**Phenotypic characteristics of Clostridium difficile spores associated to recurrent episodes of diarrhea.**

**Plaza-Garrido, A**[1].,Paredes-Sabja, D[1].

[1]Laboratorio de Mecanismos de Patogenesis Bacteriana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andres Bello. (Sponsored by Fondecyt Regular 1110569)

Uno de los principales agentes responsables de diarreas nosocomiales asociadas al uso de antibióticos es *Clostridium difficile (C. difficile)*, bacilo Gram positivo, formador de endoesporas y anaerobio estricto. Uno de los principales desafíos de las infecciones asociadas a *C. difficile* (IACD), es la elevada tasa de recurrencia que puede variar entre un 20 a un 35%. Debido a que las esporas son consideradas el principal morfotipo de persistencia de las IACD, en este trabajo, utilizamos esporas provenientes de aislados clínicos de pacientes que presentan un único episodio de IACD (i.e., sin recurrencia [IACD-S]) y pacientes que presentaron recurrencia (IACD-R) para comparar fenotipos asociados a las esporas que podrían contribuir a la persistencia de éstas en los pacientes. Los resultados indican que la producción de toxinas de aislados clínicos de IACD-R e IACD-S son similares. Tampoco se observó una diferencia significativa ($P > 0.05$) en la adherencia de esporas a células epiteliales entre los aislados de IACD-R y de IACD-S. Sin embargo, las esporas provenientes de aislados de IACD-R presentaron una menor respuesta de germinación en presencia como en ausencia de taurocolato (principal germinante de esporas de *C. difficile*), que aquellas esporas aisladas de IACD-S, sugiriendo que una menor respuesta a la germinación, podría facilitar la persistencia de esporas durmientes en el tracto colónico. Colectivamente, este trabajo presenta por primera vez una caracterización de fenotipos de esporas provenientes de cepas clínicas de episodios IACD-S y de IACD-R. Financiamiento: Proyecto Fondecyt Regular 1110569.

MCL-13

**Prevalencia de bacterias aisladas desde leches de ganado con mastitis bovina en Chile.**

**Prevalence of bacteria isolated from bovine mastitis milk in Chile.**

Baeza, Alvaro[1].,Cordero, Ninoska[1].,Peralta, María José[1].,Castillo, Eduardo[1].,Troncoso, Miriam[1].,**Reyes-Jara, Angélica**[1].,Figueroa, Guillermo[1].

[1]Laboratorio de Microbiología y Probióticos, INTA, Universidad De Chile.

**Introducción:** La mastitis bovina (MB) es una de las principales patologías presentes en las lecherías causando enormes pérdidas a la industria láctea. Es una patología multifactorial provocada por microorganismos que varían según las condiciones geoclimáticas y sistema productivo en que se encuentren. **Objetivo:** Identificar y evaluar prevalencia y asociaciones de las especies bacterianas causantes de MB en leches obtenidas de dos zonas productivas de Chile. **Metodología:** Se recolectaron 412 muestras de leches desde animales con MB, de las cuales 180 de la RM y 232 del sur. Las muestras fueron sembradas en medios selectivos, todos ellos incubados a 37°C por 48 ±2 hrs. Las colonias aisladas fueron identificadas a través de método clásico (Gram y pruebas bioquímicas). **Resultados:** Se aislaron 490 cepas bacterianas de las cuales el agente de mayor prevalencia en ambas regiones fue *Staphylococcus* coagulasa negativa (SCN) con un 20% en RM y 28 % en la zona sur. En la RM se detectó *Micrococcus*, *Corynebacterium*, *S. uberis* y *E. coli* con prevalencias de un 15, 11, 10 y 10 % respectivamente. En la zona sur *Corynebacterium*, *S. aureus* y *S. uberis* se detectaron con frecuencias de 25, 20 y 8% respectivamente. En 102/412 muestras se detectó la presencia de más de un patógeno (asociaciones) que en mayor frecuencia fueron *Corynebacterium*/*Micrococcus* y *Corynebacterium*/SCN. **Conclusiones:** El incremento en la prevalencia de los SCN, *Corynebacterium* y *Micrococcus* sobre las bacterias históricamente aisladas da cuenta de las adaptaciones y resistencia que tienen estas bacterias en forma transversal en diferentes sistemas productivos.

**Financiamiento FIA PYT-2013-0030**

MCL-14

**Bacteriófagos líticos de *Salmonella enterica* (SE): BIMs y rango de hospedero.**

**Lytic bacteriophages of *Salmonella enterica* (SE): BIMs and host range.**

**Robeson, J**[1].,Turra, Gabriel[1].,Huber, Karen[1].,Borie, Consuelo[2].

[1]Instituto de Biología, Ciencias, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso.[2]Laboratorio de Bacteriología Veterinaria, Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad De Chile. (Sponsored by )

Una alternativa para el control de SE en contaminación alimentaria es el uso de bacteriófagos líticos. En este contexto, es importante la cantidad de mutantes insensibles a bacteriófagos (BIMs) de SE lo que influye en la eficacia del tratamiento y el rango de hospedero que permite el control de un mayor o menor número de serovares usualmente presentes en alimentos contaminados. En este trabajo se estudiaron 12 bacteriófagos previamente aislados y provenientes de alimentos contaminados y aguas servidas. Se ensayó su tasa de selección de BIMs frente al serovar Enteritidis en placas de agar BHI sembradas con 1x $10^8$ ufc de la bacteria y fagos a una moi de 10. El rango de hospedero correspondiente a cada bacteriófago se determinó mediante la técnica del "spot test" utilizada rutinariamente en fago-tipificación. Esto, frente a 12 serovares de SE usualmente aislados de alimentos contaminados. Por una parte, se encontraron bacteriófagos que consistentemente seleccionaron BIMs a frecuencias bajas del orden de $10^{-7}$ a $10^{-8}$ y otros a frecuencias más altas de $10^{-5}$ a $10^{-6}$. Al ensayar el rango de hospedero de los bacteriófagos en cuestión se encontró que el primer grupo infectaba al 25% de las cepas ensayadas en contraste con el otro grupo de bacteriófagos que infectaba al 67% de las cepas de SE. Estos resultados sugieren emplear bacteriófagos biocontroladores aislados de muestras de naturaleza similar a las matrices alimentarias en que serán utilizados.

**Proyecto Fondecyt 1110038**

MCL-15

***Chlamydophila abortus* en Chile.**
**Chlamydophila abortus in Chile.**

**Saldias, M**[1].,Lecocq, Claudio[1].,Quezada, Manuel[2].,Avila, Claudia[1].,Segovia, María José[1].

[1]Laboratorios Servicio Agricola y Ganadero.

[2]Patología, Medicina Veterinaria, Universidad De Concepción.

El Aborto Enzoótico Ovino (AEO) es una enfermedad causada por *Chlamydophila abortus,* la enfermedad se caracteriza por provocar abortos en las últimas 2 o 3 semanas de gestación, junto con la pérdida de las crías, provoca placentitis. Sin embargo, la infección puede resultar en nacidos débiles que sobreviven no más allá de 48 horas (OIE, 2012). El diagnóstico del Aborto Enzoótico Ovino se puede realizar por aislamiento o detección del ácido nucleico del agente mediante técnicas de biología molecular en los productos del aborto o excreción vaginal de las hembras afectadas (OIE, 2012). La Clamydiosis de los pequeños rumiantes es una zoonosis, por lo que la bacteria debe ser manipulada bajo condiciones de bioseguridad. Debido a la ocurrencia de abortos en rebaños caprinos con serología positiva en diferentes regiones de Chile, se procedió a enviar muestras de placenta y órganos de los fetos fijados en formalina e incluidas en parafina al laboratorio de referencia OIE en Alemania(Laboratory for Chlamydiosis Friedrich-Loeffler-Institut Federal Research Institute for Animal Health, Institute of Molecular Pathogenesis, Jena, Germany) , donde se confirmó por primera vez la presencia de *Chlamydia abortus* en Chile.

MCL-16

**Polimorfismo en el gen *MAM-7* como candidato diferenciador entre cepas clinicas y ambientales de *Vibrio parahaemolyticus***

**Polymorphism in MAM-7 gene as a candidate to molecular marker to differentiate clinic and environmental strains of *Vibrio parahaemolyticus***

**Segovia, C**[1].,Beltrán , Sebastián [2].,Bergman, Cristian [2].,Osorio , Gonzalo [3].,Trombert, Annette[4].

[1]Biotecnología, Instituto de Biotecnología, Universidad Mayor.

[2]Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Universidad Mayor.

[3]Laboratorio de Microbiología Molecular de Vibrios, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

[4]Centro de Genómica y Bioinformática, Instituto de Biotecnología, Universidad Mayor.

**Introducción:** En Chile, *Vibrio parahaemolyticus* (Vp), responsable de cuadros diarreicos asociados al consumo de mariscos contaminados, constituye un problema sanitario de relevancia. En un universo predominante de Vp avirulento, la detección de Vp virulento constituye un gran problema, por lo que el uso de marcadores moleculares podría facilitar su identificación. MAM-7, adhesina cuyo gen está conservado en bacterias Gram (-), es esencial para la primera parte de la infección por Vp. Modificaciones en la secuencia de MAM-7 afectan la adherencia y virulencia de varios patógenos. Es posible que en Vp MAM-7 presente modificaciones que podrían diferenciar las cepas patógenas de aquellas ambientales. **Objetivo:** Analizar la presencia de polimorfismos en la secuencia del gen MAM-7 en una colección de cepas de Vp chilenas ambientales y clínicas (patógenas) en comparación con la cepa RIMD2210633 [O3:K6, Kanagawa (+), un aislado clínico] y ATCC17802 [O1:K1, Kanagawa (-), aislado desde sardina]. **Métodos:** El gen MAM-7, amplificado por PCR desde DNA de una colección de 10 aislados ambientales (AA) y 10 clínicos (AC), se digirió y se secuenció mientras a las cepas se les analizó el fenómeno de Kanagawa **Resultados:** ATCC y RIMD presentan diferencias en la secuencia del gen MAM-7.El 100% de MAM-7-AC y el 30% de MAM-7-AA resultaron idénticas a RIMD y todas las cepas son Kanagawa (+). El 70% de MAM-7-AA resultó idéntico a ATCC y son Kanagawa (-). **Conclusión:** Estos resultados preliminares sugieren que la presencia de polimorfismos en MAM-7 y en otros genes relacionados con adherencia, podrían servir como futuros marcadores genéticos.

MCL-17

**Detección de *Mycobacterium tuberculosis* en muestras de saliva de pacientes procedentes de dos hospitales regionales del estado de Yucatán. México.**

**Detection of *Mycobacterium tuberculosis* in saliva samples of patients from regional hospitals in the state of Yucatan, Mexico.**

**Vargas-Gonzalez, A**[1].,Caamal-Ley, A[1].,Encalada-Gomez, R[1].

[1]Microbiología, CIR , Universidad Autonoma de Yucatan.

I**ntroducción**: La tuberculosis (TB) es una enfermedad crónico-infecciosa; casi una tercera parte de la población mundial se encuentra infectada por el bacilo tuberculoso, y una décima parte desarrollará la enfermedad en algún momento de su vida. Un rápido diagnóstico es primordial para el control de la TB, pues el tratamiento oportuno evitará la diseminación a contactos. Los métodos de diagnóstico tradicionales (baciloscopía y cultivo), se basan en la detección directa del bacilo y los resultados pueden demorar hasta 60 días, a diferencia de la PCR que detecta el ADN microbiano y el resultado se obtiene hasta en 24 horas, sin embargo, muestras contaminadas con saliva, arrojan falsos negativos. Por lo que en este trabajo se analizó la eficiencia de nuevos iniciadores para el diagnóstico de TB pulmonar en muestras de saliva. **Materiales y métodos**: Estudio descriptivo, transversal, comparativo. Las muestras de saliva y esputo se obtuvieron por censo de pacientes en dos hospitales regionales del estado de Yucatán durante 6 meses. A todas las muestras se les realizó BK, cultivo y PCR; para esta ultima se descontaminaron por choque térmico, se extrajo el DNA, para identificar género *Mycobacterium* (16S rRNA) y especie *M. tuberculosis* (is6110). **Resultados**: Se recolectó un total de 27 muestras, a las que se les realizó BK, cultivo y PCR. 12 resultaron positivas a TB pulmonar por algún método diagnóstico. De las positivas, el 85% de las muestras de esputo fue positivo empleando alguno de los dos iniciadores; mientras que en las muestras de saliva fue el 100%, la mayoría de las muestras solo fue positivo para is6110. **Conclusiones**: La técnica de PCR tiene un mejor desempeño en el diagnóstico de TB pulmonar en comparación con las técnicas tradicionales en muestras de saliva, lo que se traduce en una mayor detección de casos en Centros Hospitalarios, pues no es tan importante la calidad de la muestra, además que el iniciador de especie (IS6110) es más sensible que el iniciador de género (16S rRNA).

MCL-18

**Regulación de RpoS sobre el operón de la isla de patogenicidad 9 (SPI-9) en *S.* Typhi, durante stress hiperosmótico y de acidéz.**

**Regulation by RpoS on the operon of pathogenicity island 9 (SPI-9) in *S.* Typhi during hyperosmotic and acidity stress.**

**Velásquez, JC**[1].,Fuentes, J[2].,Mora, GC[3].

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Viña del Mar Universidad Andrés Bello.[2]Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago Universidad Andrés Bello.[3]Facultad de Medicina Universidad Andrés Bello.

La isla de patogenicidad 9 (SPI-9) de *Salmonella enterica* sv. Typhi CT-18 presenta 4 ORF denominados STY2875-78; tres de los cuales, STY2876, STY2877 y STY2878 formarían parte de un sistema de secreción de tipo I (SST1), mientras que STY2875 codificaría la proteína blanco de este SST1. Análisis previos por RT-PCR y ensayos de actividad β-galactosidasa realizados sobre la cepa silvestre STH2370 y mutantes STH2370 ΔSTY2875::*lacZY* permitieron comprobar que los genes STY2875-78 están organizados en un operón, el cual está regulado por las condiones del cultivo al observarse un aumento en la expresión a altas concentración de sal (400 mM) y pH5, condiciones que emulan a las encontradas por la bacteria en los estadíos tempranos de la infección. Dado que RpoS es requerido en virulencia, así como para adaptarse a condiciones de stress ambiental en algunos patógenos, incluyendo a *Salmonella enterica*; se generaron dobles mutantes ΔSTY2875::*lacZY/*ΔrpoS por intercambio alélico, con el objetivo de estudiar la participación de este regulador en las condiciones antes mencionadas. Los resultados indican que los niveles de expresión fueron marcadamente reducidas durante el stress hiperosmótico y de acidéz, en mutantes ΔSTY2875::*lacZY/*ΔrpoS al comparse con las mutantes simples ΔSTY2875::*lacZY,* lo cual indicaría su participación como regulador sobre este operón.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1110120 y 11121506**

PBA-1

**Regulación oxígeno dependiente de la distribución de largos de cadena del antígeno-O en *Salmonella enterica* serovar Enteritidis**

**Oxygen-dependent regulation of O-antigen chain-length distribution in *Salmonella enterica* serovar Enteritidis**

Velásquez, Felipe[1].,Peñailillo, Johany [1].,Olivares, Gabriela [1].,Valenzuela, Camila [1].,Silva, Cecilia [1].,Santiviago, Carlos A.[1].,Contreras , Inés [1].,**Álvarez, Sergio A**.[1].

[1]Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

El LPS es la molécula más externa de las bacterias Gram negativo y está constituido por el lípido A, el oligosacárido core y el antígeno O (AgO). *Salmonella* Enteritidis muestra una distribución bimodal de OAg con dos largos de cadena preferenciales: LPS largo (L-AgO) con 16-35 unidades repetidas y LPS muy largo (VL-AgO) con más de 100 repeticiones, determinadas por los reguladores de largo de cadena Wzz y $Wzz_{fepE}$, respectivamente. En los promotores de los genes *wzz* y $wzz_{fepE}$ encontramos probables cajas para los reguladores de la respuesta a la anaerobiosis Fnr y ArcA. Así, evaluamos el efecto del oxígeno y de mutaciones en estos reguladores sobre la distribución modal del AgO de *S*. Enteritidis. Nuestros resultados muestran que la disponibilidad de oxígeno no afectó el perfil electroforético del LPS en bacterias crecidas en medio LB. Sin embargo, cuando se cultivó en mínimo E aeróbico, la cepa silvestre no produjo VL-AgO y aumentó el L-AgO. Concordantemente, bajo esta condición disminuyó la expresión de $wzz_{fepE}$ y aumentó la expresión de *wzz*. Asimismo, el nivel de VL-AgO se recuperó al sobreexpresar $wzz_{fepE}$, sugiriendo que el nivel de $Wzz_{fepE}$ sería responsable del efecto. Por su parte, la mutante Δ*arcA* crecida aeróbica o anaeróbicamente no produjo VL-AOg, mientras que la Δ*fnr* presentó VL-AgO en ambas condiciones. Sin embargo, lo anterior no correlacionó con la transcripción de $wzz_{fepE}$, sugiriendo un control postrancripcional de los reguladores de largo de cadena, lo que se evaluó con el uso de fusiones traduccionales a $Wzz_{fepE}$.

**Financiamiento Fondecyt 1130225.**

PBA-2

**Distribución de factores de virulencia e identificación de nuevas adhesinas en cepas de *Escherichia coli* enterotoxigénica obtenidas desde países en desarrollo.**

**Distribution of virulence factors and identification of novel adhesins in enterotoxigenic *Escherichia coli* strains obtained from developing countries.**

**Del Canto, Felipe**[1].,Gutiérrez, Daniela[1].,Pardo, Mirka[1].,Orellana, Paz[1].,Mansilla, Aquiles[1].,Martínez, Rodrigo[1].,Durán, Claudia[1].,Arellano, Carolina[1].,Vidal, Roberto[1].

[1]Programa de Microbiología y Micología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

INTRODUCCIÓN: *Escherichia coli* enterotoxigénica (ETEC) es una de las causas más frecuentes de diarrea a nivel mundial. Sus principales factores de virulencia son las enterotoxinas termolábil (LT) y termoestable (ST), además de diversas adhesinas que incluyen 22 factores de colonización (CFs) y 3 adhesinas no clásicas (Tia, TibA y EtpA). Actualmente no se cuenta con una vacuna contra ETEC, siendo la diversidad antigénica uno de los principales obstáculos. OBJETIVO: Determinar la distribución de factores de virulencia en cepas de ETEC obtenidas desde países en desarrollo e identificar nuevas adhesinas en cepas representativas. METODOLOGÍA: Aislados de ETEC obtenidos desde Asia, África y desde Chile, fueron caracterizados de acuerdo a sus perfiles de genes de enterotoxinas y adhesinas. Se identificó adhesinas en extractos de superficie y a partir de una librería genómica, y su funcionalidad se evaluó sobre células Caco-2. RESULTADOS: Los perfiles toxigénicos más frecuentes fueron LT (28% de las cepas), STh (32%) y LT-STh (25%). Los CFs más frecuentes fueron CS21 (39%), CS6 (20%), CFA/I (16%) y CS14 (10%), y la adhesina no clásica más frecuente fue EtpA (60%). Cerca del 26% resultó negativo para la detección de adhesinas. En este grupo se identificó adhesinas presentes en otros patotipos de *E. coli* y además dos nuevas adhesinas (CS23 y TshT). CONCLUSIONES: Se identificó factores de virulencia que podrían ser blancos para el desarrollo de vacunas de amplia cobertura. Sin embargo, aún resulta necesario identificar determinantes de virulencia en aquellas cepas que resultan negativas en la detección de las variedades conocidas.

**Proyectos Fondecyt 3130555, 1110260, 1120809. Bill and Melinda Gates Foundation Grant ID38874.**

PBA-3

**Efecto del bismuto sobre estructuras de superficie y proteinas de membrana externa en cepas de *escherichia coli* enteropatógena y shigatoxigénica.**

**Effect of bismuth on surface structure and outer membrane protein of shigatoxigenic and enteropathogenic *Escherichia coli* strains.**

**Di Paolo, Julia**[1].,Subils, Tomás[1].,Tomat, David[1].,Casabonne, Cecilia[1].,Balagué, Claudia[1].

[1]Bacteriologia, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmaceúticas , Universidad Nacional Rosario.

*Escherichia coli* enteropatógena (EPEC) y shigatoxigénica (STEC) poseen moléculas y estructuras entre las cuales se encuentran adhesinas y fimbrias que median la adherencia, así como flagelos responsables de la movilidad bacteriana que les permite colonizar e infectar el tracto gastrointestinal contribuyendo a la virulencia.En resultados previos observamos disminuciones significativas de células viables, así como una adherencia a glóbulos rojos, movilidad e hidrofobicidad superficial disminuidas frente a la exposición a crema de bismuto comercial (BC) en cepas EPEC y STEC. En este trabajo se estudió el efecto del BC sobre la expresión de proteínas de membrana externa (OMPs) así como sobre estructuras superficiales en cinco cepas de *Escherichia coli* caracterizadas (EDL 933, ARG 5468, ARG 4829, STEC17 O157:H7 y EPEC920). Se realizó microscopia electrónica de transmisión de las células bacterianas por tinción negativa. Se aislaron las OMPs y se evaluó la expresión de las mismas mediante electroforesis. En las microscopías se observó que las células bacterianas en el medio control expresaron abundante fimbriación y un moderado número de flagelos. El tratamiento con bismuto disminuyó la proporción de fimbrias por célula. El análisis de las OMPs, evidenció una inhibición completa de su expresión por exposición a 1,5 mg $ml^{-1}$ de bismuto para todas las cepas evaluadas. Los estudios realizados demostraron que el tratamiento de cepas patógenas de *E. coli* con BC disminuye significativamente tanto la expresión de moléculas involucradas en la adhesión bacteriana como la formación de estructuras necesarias para el proceso infeccioso.

PBA-4

**Participación de la integrina α5β1 en la adhesión mediada por fibronectina de cepas de *Escherichia coli* enteroagregativa a células en cultivo.**

**Role of α5β1 integrin in the adherence mediated by fibronectin of enteroaggregative *Escherichia coli* strains to cultured intestinal cells.**

**Izquierdo, Mariana**[1].,Farfan, Mauricio[2].

[1]Depto. de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

[2]Depto. de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad De Chile. (Sponsored by Fondecyt 1120809).

La adhesión de cepas de *Escherichia coli* enteroagregativa (EAEC) al epitelio intestinal humano es un proceso clave en la infección mediada por este patógeno, y requiere de la participación de la fimbria de adherencia agregativa (AAF). Los receptores celulares que reconocen la fimbria AAF no han sido del todo caracterizados, no obstante, estudios previos han demostrado que la fibronectina (Fn) es un receptor para esta fimbria, siendo la subunidad mayor de ésta, la proteína AafA, responsable de esta unión. En este trabajo, se postula que EAEC se une, a través de la Fn, al receptor celular integrina α5β1. Para verificar esta hipótesis, se realizaron ensayos de adhesión de EAEC a la integrina α5β1 y al complejo integrina α5β1/Fn. De estos experimentos, se obtuvo que EAEC es capaz de unirse a integrina α5β1 directamente, independiente de la fimbria AAF/II, sugiriendo la participación de otros factores de adhesión en esta unión. Además, se observó que EAEC es capaz de unirse al complejo integrina α5β1/Fn. Paralelamente, se demostró la formación del complejo integrina α5β1/Fn/AafA mediante ensayos de inmunoprecipitación. Para determinar la implicancia de estas observaciones, se evaluó la adhesión de EAEC a células epiteliales intestinales. Las células T84 se incubaron con anticuerpos contra esta integrina que bloquean el sitio de reconocimiento a la Fn. Este bloqueo disminuye la cantidad de bacteria adherida, sugiriendo que EAEC se une al receptor integrina α5β1 en un proceso mediado por Fn, situación que facilita la adhesión de EAEC a las células epiteliales intestinales.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt Regular 1120809.**

PBA-5

**Análisis de expresión de genes contenidos en islas de patogenicidad de cepas de *piscirickettsia salmonis.***

**Lagos, Fernando**[2].,Isla, Adolfo[2,1].,Vera, Tamara[2].,Cartes, Carlos[2].,Figueroa, Jaime[2,1].

[1]Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR) Centro Fondap.

[2]Laboratorio de Biología Molecular de Peces, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile. , Universidad Austral De Chile. (Sponsored by Jaime Eugenio Figueroa Valverde).

*Piscirickettsia salmonis,* bacteria Gram Negativa, inmóvil, pleomorfica e intracelular-facultativa, agente del Síndrome Rickettsial Salmonideo (SRS), provoca grandes pérdidas anuales en la industria. Por tanto, identificar posibles genes involucrados en su patogenicidad y virulencia, es esencial para su control. La cepa de referencia LF-89 con el transcurso de los años ha perdido capacidad infectiva en comparación a nuevas cepas aisladas recientemente.

Un concepto importante en evolución bacteriana son las islas de patogenicidad, por lo que su estudio y análisis puede ser útil para determinar los distintos grados de virulencia de cepas de este patógeno.

Se identificó, caracterizó y analizó bioinformaticamente islas de patogenicidad presentes en genomas de distintas cepas de *P. salmonis;* para ello, se utilizó el software PIPS, que permitió identificar islas en varios genomas parciales del patógeno. Para la caracterización bioinformática de los genes contenidos, se utilizó BLAST y bases de datos de NCBI. Se analizó 9 genomas y se observó diferencias en el número de islas y genes presentes en las mismas. Se encontró patrones de deleción compartidas por ciertos grupos de cepas. Experimentalmente, se infectó la línea celular SHK-1 con distintas cepas para analizar la expresión por RT-qPCR, de 5 genes comunes encontrados en algunas islas de patogenicidad. Por ensayos cinéticos durante las primeras 72 horas-post-infección, se detectó expresión diferencial de los genes en estudio, lo que puede ser indicio de la virulencia y patogenicidad de las diferentes cepas analizadas.

**Financiamiento: Fondecyt 1130069, Fondap 15110027.**

PBA-6

**Desarrollo de un método de detección, aislamiento e identificación de E*scherichia coli* shigatoxigénica no-0157 en muestras de carne picada.**

**Development of a method for detection, isolation and identification of shigatoxigenic *Escherichia coli* non-0157 in beef samples.**

**Migliore, Leonel**[1].,González, Agustina[1].,Subils, Tomás[1].,Dusso, Diego[1].,Casabonne, Cecilia[1].,Caprile, Luis[2].,Balagué, Claudia[1].,Aquili, Virginia[1].

[1]Bacteriologia, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmaceúticas , Universidad Nacional Rosario.

[2]Bacteriologia Hospital Provincial.

En Argentina, el Síndrome Urémico Hemolítico (SUH) asociado a *Escherichia coli* productora de toxinas Shiga (STEC) es endémico. La fuente de infección más importante para el hombre son los alimentos cárnicos, especialmente la carne molida. El serotipo O157:H7 es prevalente, pero existen otros como O26, O45, O103, O111, O121, y O145. El Código Alimentario Argentino contempla solo la detección de STEC O157:H7, dejando las STEC no-O157 fuera del marco regulatorio. El objetivo del trabajo fue desarrollar un protocolo que permita la detección, aislamiento y caracterización de cepas STEC no-O157 en muestras de carne picada. Para el desarrollo del protocolo, se utilizaron cepas STEC previamente aisladas y caracterizadas por el grupo de investigación y la cepa de referencia EDL933. Las etapas de la metodología propuesta involucran 1) enriquecimiento de la muestra en caldo EC modificado suplementado con novobiocina, 2) tamizaje por PCR para detección de genes *stx*1 y *stx*2, 3) aislamiento en medio selectivo CHROMagar STEC y 4) identificación y caracterización de los aislamientos. El aislamiento de STEC fue posible en el 70% de las muestras fortificadas y que presentaban un nivel de contaminación de un factor de $10^2$ UFC.25g$^{-1}$. Los datos obtenidos en este trabajo sugieren que la eficiencia de la metodología propuesta está sujeta a interferencias presentes en la matriz. Teniendo en cuenta que en Argentina la frecuencia de detección de STEC no-O157 en casos de SUH es aproximadamente del 30%, la metodología propuesta es una técnica apropiada para la detección de STEC no-O157 en muestras de alimentos cárnicos.

PBA-7

**Caracterización de los mecanismos moleculares involucrados en el incremento de la virulencia de Salmonella Typhimurium en respuesta a concentraciones subletales de cefotaxima.**

**Characterization of the molecular mechanisms involved in the enhancement of Salmonella Typhimurium virulence in response to sub-lethal cefotaxime concentrations.**

**Molina-Quiroz, R.C.**[1].,Silva, Cecilia[1].,Molina, Cristian[2].,Santiviago, Carlos[2].

[1]Bioquímica y Biología Molecular, Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad De Chile.

[2]AUSTRAL-omics, Facultad de Ciencias, Universidad Austral De Chile.

Recientemente se ha propuesto un rol dual para los antibióticos, los que actuarían como tóxicos o reguladores del "*fitness*" bacteriano. De hecho, se ha descrito que bacterias expuestas a dosis subletales de antibióticos muestran una inducción de genes relacionados con virulencia y movilidad. Basándonos en estas observaciones, decidimos evaluar el efecto causado por una concentración subletal (1/2 de la CIM) de la cefalosporina cefotaxima (CTX) en la virulencia de *S*. Typhimurium. Para ello, se realizaron ensayos de competencia *in vivo* inoculando ratones BALB/c con una mezcla 1:1 de la cepa virulenta 14028s crecida en presencia o ausencia de CTX. Luego de 48 horas de infección, se observó un incremento en la colonización sistémica de las bacterias crecidas en presencia del antibiótico. Para comprender las bases genéticas de este fenómeno, evaluamos los cambios transcripcionales globales de *S*. Typhimurium 14028s expuesta a CTX mediante hibridaciones en microarreglos de DNA. Resultados preliminares muestran la inducción de genes relacionados con la respuesta SOS y la reparación del DNA, genes relacionados con recambio de peptidoglicán, genes de virulencia y del gen *aroE*, relacionado con la biosíntesis de metabolitos aromáticos y la mantención de la integridad de la envoltura celular. Por otra parte, se incubó una librería de ~60.000 mutantes de *S*. Typhimurium 14028s en presencia de CTX para identificar genes relacionados con la sobrevivencia *in vitro* a concentraciones subletales del antibiótico mediante un "*screening*" genético de alto rendimiento. Estos experimentos están siendo desarrollados actualmente en nuestro laboratorio.

Sponsored by Universidad De Chile.

**Financiamiento: Fondecyt 1110172 y 3130739.**

PBA-8

**Estudios de virulencia y letalidad en el pez cebra (*Danio rerio*) en cepas evolucionadas de un mutante Δ*phoU* de *Pseudomonas aeruginosa* PA14.**

**Virulence and lethality studies in zebrafish of evolved Δ*phoU* mutant strains from *Pseudomonas aeruginosa* PA**14.

**Lecaros, Constanza**[1].,Ortiz-Severin, Javiera[1].,Spira, Beny[2].,Allende, Miguel A[2].,Chávez, Francisco P.[1].,[1]Departamento de Biologia, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Microbiologia Sao Paulo. (Sponsored by Francisco Chavez).

*Pseudomonas aeruginosa* es un patógeno oportunista que crece en una amplia variedad de ambientes. Su virulencia depende tanto de las condiciones de crecimiento de la bacteria como del estado de salud del hospedero. Teniendo en cuenta que la disponibilidad de fosfato inorgánico (Pi) en el medio afecta su capacidad infectiva realizamos estudios comparativos de la virulencia en condiciones de alto y bajo Pi del aislado clínico PA14, un mutante por deleción del gen *phoU* (regulador del transporte de fosfato), y unas cepas evolucionadas derivadas del mutante Δ*phoU* (E4, E9 y C3). Las cepas evolucionadas se obtuvieron a partir del crecimiento continuo en quimiostato por 13 días en condiciones de bajo fosfato (30 μM) y seleccionadas por sus mayores niveles de incorporación de fosfato, y acumulación de PPi. Para evaluar la virulencia de todas las cepas, se estudió la producción de algunos factores de virulencia característicos de *P. aeruginosa* como elastasa, hemolisina, proteasas y ramnolípidos. Además, utilizamos el pez cebra (*Danio rerio*) como modelo animal para evaluar la sobrevivencia de las larvas del pez cebra luego de ensayos de infección por inmersión con todas las cepas. Se observó que en bajos niveles de Pi sólo la cepa silvestre causó letalidad en los peces. Curiosamente una de las mutantes evolucionadas (E4) mostró un fenotipo muy diferente a su parental y el resto de las cepas evolucionadas ya que fue significativamente menos letal en los ensayos con peces en alto Pi y mostró una menor producción de algunos factores de virulencia.

PBA-9

**Participación de los sistemas de secreción tipo VI en la virulencia de *Salmonella enterica*.**

**Participation of type six secretion systems to *Salmonella enterica* virulence.**

**Pezoa, D**[1].,Leiva, Lorenzo[1].,Pinto, Bernardo[1].,Blondel, Carlos[1].,Mardones, Paula[1].,Alvarez, Sergio[1].,Andrews-Polymenis, Helene[2].,Santiviago, Carlos[2].,Contreras, Inés[2].

[1]Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad De Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad De Chile.

[2]Microbial and Molecular Pathogenesis Department, College of Medicine, Texas A&M University.

Los Sistemas de secreción tipo VI (T6SS) están presentes en diversos patógenos bacterianos, sin embargo su relevancia en la patogenicidad de *Salmonella* ha sido poco estudiada. En *Salmonella enterica* existen cuatro T6SSs codificados en islas genómicas distribuidas diferencialmente en los distintos serovares. *S*. Dublin posee 2 T6SS codificados en las islas SPI-6 y SPI-19, mientras que *S*. Typhimurium posee sólo el T6SS de SPI-6.

Para determinar si estos T6SS se expresan *in vivo* y contribuyen a la patogenicidad de ambos serovares, se cuantificó la fluorescencia de fusiones transcripcionales al reportero GFP del componente VgrG de cada T6SS durante la infección, y se realizaron ensayos de competencia entre mutantes en uno o ambos T6SS y la cepa silvestre de cada serovar en ratones BALB/c y en pollos White Leghorn a distintos días post-infección.

Los resultados indican que ambos T6SS se expresan en aves al tercer día y que sólo el $T6SS_{SPI-6}$ contribuye a la colonización de ambos hospederos, ya que mutantes en ambos T6SS y en el $T6SS_{SPI-6}$, respectivamente, muestran un defecto en la colonización de ratones y aves por *S*. Dublin y *S*. Typhimurium. Interesantemente, este defecto es revertido al complementar *in trans* las cepas $\Delta T6SS_{SPI-6}/\Delta T6SS_{SPI-19}$ y $\Delta T6SS_{SPI-6}$ tanto con su propio $T6SS_{SPI-6}$ como con el $T6SS_{SPI-6}$ del otro serovar, no así con el $T6SS_{SPI-19}$. Los resultados sugieren que el $T6SS_{SPI-6}$ corresponde a un mecanismo común utilizado por *S. enterica* para colonizar distintos hospederos.

**Financiamiento: Fondecyt 1100092. Beca Doctorado CONICYT (N°21090041, N° AT-21121297, N°75110062 BCH-3) y The FULBRIGHT program.**

PBA-10

**Mutantes en *waaC* producen mayor liberación de HlyE en *Salmonella enterica* serovar Typhi.**

***WaaC* mutants have increased HlyE release in *Salmonella enterica* serovar Typhi.**

**Rodríguez, L.M.**[1].,Jofré, M.R.[1].,Hidalgo, A.A[1].,Fuentes, J.A.[1].,[1]Ciencias Biológicas, Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

*Salmonella* Typhi, agente causal de fiebre tifoidea, es un patógeno de hospedero restringido que infecta exclusivamente al humano. Uno de los genes que le permite llevar a cabo su proceso infectivo es *hlyE*, que codifica para una citolisina formadora de poros, que se acumula en el periplasma y cuya secreción se realiza a través de un sistema de vesículas de membrana externa. A pesar de la presencia de *hlyE*, *S*. Typhi no tiene un fenotipo hemolítico al cultivarla en placas de agar sangre; este fenotipo sólo se obtiene al desestabilizar la membrana. Si bien la regulación de la producción de HlyE ha sido bastante estudiada, muy poco se sabe acerca de la regulación de su exportación. Para encontrar genes implicados en la exportación de HlyE usamos mutagénesis aleatoria por transposición para obtener mutantes con fenotipo hemolítico. Con esta técnica, encontramos 3 mutantes con fenotipo hemolítico fuerte, y 4 mutantes con fenotipo hemolítico suave. Una de las cepas con fenotipo fuerte se debió a la mutación del gen *waaC*, que codifica para una enzima que participa en la biosíntesis del lipopolisacárido (LPS), específicamente en la síntesis del oligosácarido central interior y cuya modificación produce cambios en la estabilidad de la membrana. Este resultado sugiere que en *S.* Typhi la integridad del LPS afecta la estabilidad de la membrana y, eventualmente, la exportación de HlyE.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 11121506.**

PBA-11

**Regulación de OmpA y su rol en la exportación de HlyE de *Salmonella enterica* serovar Typhi.**

**OmpA regulation and its role in HlyE export in *Salmonella enterica* serovar Typhi.**

**Rodríguez, L.M.**[1].,Jofré, M.R.[1].,Mora, G.C[1,2].,Fuentes, J.A.[1].

[1]Ciencias Biológicas, Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

[2]Unidad de Microbiología, Medicina, Universidad Andrés Bello.

HlyE es una citolisina de *S*. Typhi. Se ha reportado que ésta se acumula en el periplasma y que puede ser liberada al desestabilizar la envoltura bacteriana por medio de fagos, ampicilina o en mutantes Δ*ompA* (una proteína de membrana externa). Hasta ahora, se han identificado distintos reguladores de la expresión de *hlyE*. Entre los activadores se encuentran RpoS y PhoPQ. Entre los represores encontramos a Crp y Fis. Sin embargo, la exportación de HlyE no está del todo clara y se ha postulado que se realizaría mediante vesículas de membrana externa. Nuestra hipótesis es que los mismos reguladores implicados en la producción de HlyE también regulan la expresión de *ompA* para favorecer su exportación. Para esto, correlacionamos la participación de *rpoS*, *phoPQ*, *crp* y *fis* en la acumulación de OmpA en la membrana externa y en la liberación de β-lactamasa, una proteína periplasmática. Encontramos que la cepa Δ*rpoS* libera menos proteínas periplásmicas y acumula más OmpA en comparación con la WT. Por el contrario, Δ*crp* libera más proteínas periplásmicas y acumula menos OmpA. Por otra parte, Δ*phoPQ* libera más proteínas periplásmicas aunque los niveles de OmpA no se ven afectados, sugiriendo que la liberación se debe a un mecanismo alternativo. La mutación Δ*fis* no afectó la exportación de proteínas periplasmáticas ni los niveles de OmpA. Los resultados muestran que los mismos reguladores que activan o reprimen la producción de HlyE están relacionados con la exportación de proteínas periplásmicas, lo que sugiere fuertemente que a su vez estarían relacionados con la exportación de HlyE.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 11121506.**

PBA-12

**Desarrollo y aplicación del modelo de loop intestinales en bagre para estudiar modificaciones del lipopolisacárido de *Edwardsiella ictaluri.***

**Development and application of a catfish intestinal loop model to study effect of *Edwardsiella ictaluri* Lypopolysaccharide Modifications.**

**Santander, Javier**[1,2].,Kilbourne, Jacquelyn [3].,Park, Jie-Yeun [3].,Martin, Taylor[3].,Diaz, Ignacia[4].,DeNardo, Dale[2].,Curtiss III, Roy[3].

[1]Centro de Genomica y Bioinformatica, Instituto de Biotecnologia, Universidad Mayor.

[2]School of Life Sciences Arizona State University.

[3]Biodesign Institute Arizona State University.

[4]Department of Physics Arizona State University. (Sponsored by Universidad Mayor).

*Edwardsiella ictaluri* is a primitive representant of the Enterobacteriaceae family member that causes enteric septicemia in channel catfish (*Ictalurus punctatus*). *E. ictaluri* infects and colonizes lymphoid tissues upon oral or immersion infection. *E. ictaluri* crosses the intestinal mucosa shortly after infection. Both gut and olfactory organs are the primary sites of invasion. At the systemic level *E. ictaluri* pathogenesis is relatively well characterized, but little it is know about *E. ictaluri* catfish intestinal interaction. Intestinal and ileal loops models have been extensively use to study pathogen mammalian intestinal interaction. Here a catfish ligated intestinal loop model was developed to study bacterial fish gut interaction. Bacterial lipopolysaccharides (LPS) are structural components of the outer membranes of Gram-negative bacteria and also potent inducers of inflammation in mammals. Higher vertebrates are extremely sensitive to LPS but lower vertebrates like fish are resistant to their systemic toxic effects. However, LPS effects in the fish intestinal mucosal immunity are unknown. Here we evaluate the effects of *E. ictaluri* LPS mutants and purified LPS using the catfish intestinal loop model and compared it to the rabbit ileal loop model. We found evident differences in rabbit ileal loops and catfish ileal loop reaction to *E. ictaluri* LPS and *S*. Typhimurim LPS. Using the catfish fish intestinal loop model we found that *E. ictaluri* wild type inhibits cytokine production and disrupt epithelial mucosa to infect the sub-mucosal epithelia. In contrast to Δ*gne* vaccine strain that enhance cytokine production without tissue damage. Similar results were found with purified LPS, suggesting that LPS play a mayor role during bacterial fish intestinal colonization and that fish recognize and response to LPS species at the intestinal level.

PBA-13

**Virulencia Bacteriana y Diseño de Vacunas Orales Contra Múltiples Patógenos de Peces, Ejemplo en el Bagre.**

**Bacterial Virulence and Oral-Bath Vaccine Design Against Multiple Fish Pathogens, the Catfish Example.**

**Santander, Javier**[1,2].

[1]Centro de Genomica y Bioinformatica, Instituto de Biotecnologia, Universidad Mayor.

[2]School of Life Sciences Arizona State University.

Los teleósteos son los vertebrados que poseen el sistema inmune adaptativo más primitivo. Sin embargo, en términos de funcionalidad el sistema inmune adaptativo de peces es similar a mamíferos. Por otro lado, patógenos bacterianos poseen mecanismos de patogenicidad conservados. En este contexto, modificación de genes concervados que controlan la virulencia podrían ser exitosamente utilizados en la construcción de vacunas vivas atenuadas. El género *Edwardsiella* es uno de los representantes más ancientes de la familia Enterobacteriaceae. *E. ictaluri*, un patógeno restringido al bagre, es el agente causal de la septicemia enterica y el patógeno más frecuente de esta acuicultura. Vacunas vivas efectivas que protejan contra este y otros patógenos aún no han sido diseñadas para la acuicultura. *E. ictaluri,* un patógeno facultativo intracelular, es un excelente candidato para el desarrollo de vacunas vivas administradas vía oral o por baño para la industria del bagre. Aquí evaluamos la atenuación e inmuno protección de mutantes del receptor del AMP cíclico, de la regulación en la adquisición de fierro y de la síntesis del O-polisacárido. Se determino que modificaciones en la regulación del catabolismo de azúcares y de la adquisición de $Fe^{+}$ causan atenuación y diferentes niveles de inmuno protección en el pez, incluyendo a nivel de la piel. De igual modo, se determinado que ciertos mutantes del LPS actúan como inmuno estimulantes desencadenado un respuesta inmuno protectora. También aquí se describe el desarrollo de un sistema de balanceo-letal, la llave para el desarrollo de vacunas recombinantes como plataformas para múltiples patógenos de peces. Concluimos que deleción de genes conservados pueden ser utilizados universalmente en el desarrollo de vacunas recombinantes.

**Sponsored by Universidad Mayor.**

PBA-14

**Evaluación de la actividad lítica de fagos de *Escherichia coli* frente a condiciones fisicoquímicas encontradas en alimentos.**

**Evaluation of phages lytic activity of *Escherichia coli* against chemical and physical conditions found in food.**

**Tomat, David**[1].,Migliore, Leonel[1].,Subils, Tomás[1].,Aquili, Virginia[1].,Quiberoni, Andrea[2].,Balagué., Claudia[1].

[1]Bacteriologia, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmaceúticas , Universidad Nacional Rosario.

[2]Instituto de Lactología Industrial Universidad Nacional del Litoral.

Las cepas de *Escherichia coli* enteropatógenas (EPEC) y Shigatoxigénicas (STEC), responsables de enfermedades trasmitidas por alimentos, son un problema creciente en Argentina. Los fagos puede ser una herramienta interesante de biocontrol tanto en alimentos como en ambientes de procesado de los mismos. Con el objetivo de determinar la actividad lítica de fagos aislados por nuestro equipo (DT1, DT5 y DT6) en cepas patógenas de *E. coli* se realizaron ensayos a distintos valores de pH, concentraciones de NaCl y temperaturas. Además, se evaluó la naturaleza de los receptores fágicos presentes en cepas EPEC y STEC. La actividad lítica de los fagos evaluados fue significativamente menor tanto a pH 5,7 como 4,5, respecto de condiciones control (pH 7,5), con excepción del sistema DT5/STEC no-O157 a pH=5,7. Frente a concentraciones de 2% de NaCl, los fagos presentaron un valor promedio de actividad del 85,9%; a 4% de NaCl, los fagos exhibieron un recuento del 50%. Respecto de la temperatura, los fagos mostraron una actividad lítica reducida a 4ºC mientras que a 50ºC la reducción observada fue moderada. Los receptores evidenciaron una naturaleza hidrocarbonada, la adsorción sobre las cepas de *E. coli* fue influenciada por la acción del peryodato, mientras que el tratamiento con proteinasa K no redujo la capacidad de adsorción de los bacteriofagos. Los estudios evidenciaron una menor actividad de los fagos a pH y temperaturas bajas mientras que presentaron una actividad de moderada a buena en las restantes condiciones fisicoquímicas evaluadas, observándose receptores que poseen hidratos de carbono en su estructura.

PBA-15

**Caracterización de la isla de patogenicidad SRL en cepas chilenas de *Shigella* spp.**

**Characterization of SRL pathogenicity island of *Shigella* spp. isolated from Chile.**

Miranda, Alfonso[3].,Henríquez, Tania[3].,Escobar, Gisselle[3].,Rossetti, Alessandra[3].,Silva, Juan[1].,Camponovo, Rossana[2].,Campos, Verónica[2].,Ulloa, María Teresa[3].,**Toro, Cecilia[3]**.

[1]Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad De Antofagasta.

[2]Laboratorio de Microbiología Integramédica.

[3]PROGRAMA DE MICROBIOLOGÍA Y MICOLOGÍA, FACULTAD DE MEDICINA, Universidad De Chile.

La shigelosis es una infección intestinal aguda que recibe tratamiento antibiótico en los casos más severos. La bacteria causal de esta enfermedad, *Shigella* spp., es endémica en nuestro país, siendo *Shigella sonnei* la especie más prevalente. En los últimos años, se han aislado cepas de *S. sonnei* multirresistentes que portan el integrón clase I y genes de resistencia a antimicrobianos (estreptomicina, ampicilina, cloranfenicol y tetraciclina), marcadores que han sido asociados a la presencia de la isla de patogenicidad SRL, descrita en *Shigella flexneri* 2a.

El objetivo de este trabajo fue caracterizar la isla de patogenicidad SRL en cepas de *S. sonnei* multirresistentes a antimicrobianos aisladas de pacientes chilenos en la Región Metropolitana y Antofagasta, en el periodo 2008-2009. Para esto, se analizó mediante PCR la presencia de marcadores de la isla SRL (*orf9* , $bla_{oxa}$, *aad*, *int1*, *cam*, *tetA*, *int*SRL) y el sitio de inserción de la isla en el tRNA *serX* (*serX* y extremos 5' y 3'), en 50 cepas clínicas de *S. sonnei*.

Los resultados muestran que 48 de las cepas presentan todos los marcadores de la isla estudiados y sólo 2 cepas amplifican de forma parcial. Por otro lado, el 100% de las cepas investigadas posee la isla SRL al interior del gen *serX*. Estos datos sugieren que el fenotipo multirresistente de *S. sonnei* en Chile se encuentra asociado a la presencia de la isla SRL y que las cepas portadoras de la isla SRL derivan de un único evento de inserción.

**Financiado por Fondecyt 1130394.**

PBA-16

**Influencia del grado de polimerización de procianidinas tipo-B aisladas de cáscara de manzana (*Malus domestica*) sobre la actividad ureásica de *Helicobacter pylori.***

**Influence of the degree of polymerization of B-type procyanidins isolated from apple peel (*Malus domestica*) on the urease activity of *Helicobacter pylori.***

**Torres Vallejos, Eillen** [1].,Pastene Navarrete, Edgar[2].,García Cancino, Apolinaria[3].

[1]departamento de Farmacia Universidad De Concepción.

[2]Farmacia, Química y Farmacia, Universidad De Concepción.

[3]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad De Concepción.

La infección con *Helicobacter pylori* (*Hp*) tiene prevalencia cercana al 50% en la población mundial. Un principal factores de virulencia es la enzima ureasa, esta es esencial en las primeras etapas de colonización gástrica porque neutraliza la acidez del estómago, permitiendole su supervivencia. Se ha encontrado que compuestos polifenólicos de la cáscara de manzana (*Malus domestica*) podrían mejorar afecciones gastrointestinales inducidas por *Hp.* Dentro de estos polifenoles,se identificó a las procianidinas como inhibidores de la ureasa. Hasta ahora no se había evaluado las relaciones de estructura-actividad asociados a estos compuestos. Se evaluó el efecto de las procianidinas tipo B de cáscara de manzana con diferente grado de polimerización, sobre la actividad ureasa de *Hp.* Mediante diferentes técnicas cromatográficas preparativas seaisló diferentes grupos (Clusters) de procianidinas con grados crecientes de polimerización desde los monómeros a tetrámeros (Dpm = 1-4). Se encontró que la actividad inhibitoria de las fracciones de procianidinas de cáscara de manzana contra ureasa comercial (Jack bean) es dependiente del peso molecular, y de la concentración de procianidinas, por lo que a mayor grado de polimerización de las fracciones de procianidinas existió un aumento en el porcentaje de inhibición contra la ureasa, y a mayor concentración de procianidinas se encontró mayor actividad anti-ureasa. Para la ureasa de *Helicobacter pylori* se logró encontrar inhibición de la ureasa, solo en las fracciones de mayor peso molecular de procianidinas.

**Este trabajo se Realizó gracias al financiamiento de Proyecto Fondecyt 11110442.**

PBA-17

**Comparación a escala genómica de los genes requeridos para la colonización sistémica por cuatro serovares de *Salmonella enterica* en un modelo murino de salmonelosis.**

**Genome-wide comparison of genes required for systemic colonization by four different serovars of *Salmonella enterica* in a murine model of salmonellosis.**

**Valenzuela, Camila[1]**.,Mardones, Paula[1].,Silva, Cecilia A[1].,Sabag, Andrea[1].,Miranda, Alfonso[1].,Castillo, Rodrigo[1].,Alvéstegui, Alejandra[1].,Espinoza, Rodrigo[1].,Blondel, Carlos J[1].,Andrews-Polymenis, Helene [2].,Porwollik, Steffen [3].,McClelland, Michael[3].,Mora, Guido C[4].,Álvarez, Sergio A[1].,Contreras, Inés[1].,Santiviago, Carlos A[1].

[1]Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad De Chile.

[2]Microbial Pathogenesis and Immunology, College of Medicine, Texas A&M University.

[3]Dept. of Microbiology and Molecular Genetics, School of Medicine, University of California Irvine.

[4]Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Andrés Bello.

En este trabajo realizamos un análisis global de mutantes bajo selección negativa *in vivo* para identificar los genes de *S*. Typhi, *S*. Typhimurium, *S*. Enteritidis y *S*. Gallinarum requeridos para la colonización sistémica de un hospedero murino. Construimos genotecas de mutantes por inserción del transposón EZ-Tn*5*<T7/KAN-2> en cepas representativas de los 4 serovares y las inoculamos en ratones BALB/c por vía intraperitoneal. Luego de 48 horas de infección, recuperamos las mutantes que colonizaban el bazo. Analizamos las muestras inoculadas y las recuperadas desde los órganos mediante hibridaciones competitivas en *microarrays* genómicos de *Salmonella* para identificar mutantes que se perdieron de la población, las cuales contendrían inserciones en genes necesarios para la colonización sistémica. Identificamos 115 genes comunes a los cuatro serovares que pertenecen a esta categoría, entre los que destacan aquellos codificados en islas de patogenicidad conservadas de *Salmonella* (SPI-1, SPI-2, SPI-4), genes que codifican reguladores globales (*phoP*, *envZ*, *arcA*, *dam*, *basS*), genes relacionados con la envoltura celular (*rfa*, *rfb*, *nag*, *wecC*, *mdoH*, *tolC*, *ompA*), la biosíntesis de compuestos aromáticos (*aro*, *pur*, *gua*) y el metabolismo (*nuo*, *sdh*, *pyk*, *ndh*, *ackA*, *pfkA*) y genes relacionados con el transporte de péptidos y solutos (*tatBC*, *trkA*, *trkH*, *sapAD*, *fruA*, *nupC*, *feoB*, *cycA*). Además, identificamos genes requeridos sólo por algunos de los serovares estudiados para la colonización sistémica, como aquellos codificados en las islas SPI-13, SPI-14 y SPI-16. Finalmente, se confirmó la participación de algunos de los genes identificados mediante ensayos de competencia *in vivo*.

**Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1110172.**

PBA-18

**Participación de la fibronectina en la adhesión y respuesta inflamatoria inducida por *Escherichia coli* diarreogénicas sobre células en cultivo.**

**Involvement of fibronectin in adhesion and inflammatory response induced by *Escherichia coli* diarrheagenic on cells in culture.**

**Yáñez, Dominique**[1].,Farfán, Mauricio[2].

[1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile.

[2]Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

La adherencia de cepas de *E. coli* diarreogénicas (ECD)al epitelio intestinal es un proceso clave para el inicio de la colonización. Sin embargo, los receptores celulares que permiten su reconocimiento no han sido caracterizados. Por otra parte, las cascadas de señalización que son activadas por la infección con ECD, como parte de la respuesta inflamatoria generada, tampoco han sido establecidas. Hasta la fecha se ha señalado como marcador pro-inflamatorio en la infección con las distintas cepas ECD, el aumento en la secreción de la citoquina IL-8. Resultados preliminares han señalado a fibronectina como un nuevo receptor celular para algunas cepas de ECD. De acuerdo a esto, se evaluó la participación de fibronectina en un modelo celular, y con ello su posterior participación en la respuesta inflamatoria. Se determinó que la fibronectina aumenta la adherencia de *Escherichia coli* enteroagregativa (EAEC) a células HEp-2. Por otra parte, se obtuvo que al incubar las células con anticuerpo anti-fibronectina disminuye significativamente la cantidad de bacteria adherida. Dado este aumento en la adhesión logrado por fibronectina, se pretende determinar las cascadas de señalización que sean reguladas en presencia y ausencia de esta proteína durante la respuesta inflamatoria y sus posibles marcadores pro-inflamatorios.

**Financiamiento: proyecto Fondecyt regular 1120809.**

**Modulación de la expresión de receptores tipo toll de trucha aroiris por el patógeno *piscirickettsia salmonis.***

**Haussmann, Denise**[1].,Peña, Barbara[1].,Figueroa, Jaime[2].

[1]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Universidad Austral De Chile.

[2]Instituto de Bioquímica y Microbiología y Centro FONDAP (INCAR), Ciencias, Universidad Austral De Chile. (Sponsored by Jaime Eugenio Figueroa Valverde)

La producción salmonera nacional, enfrenta diversas problemáticas de salud animal, donde el entendimiento de la interacción patógeno-hospedero, especialmente de *Piscirickettsia salmonis,* es clave para disminuir pérdidas económicas. Los receptores tipo Toll (TLRs) forman parte importante del Sistema Inmune Innato de peces, por ser los encargados de reconocer patrones moleculares asociados a patógenos (PAMPs) y desencadenar la respuesta inmune del hospedero. En el presente trabajo, se propuso estudiar los mecanismos de acción de algunos TLR involucrados en respuesta inmune de trucha arcoíris frente a la infección in vitro con *P. salmonis* para entender elproceso infeccioso-defensivo. Para ello, se realizó cultivo primario de riñón anterior, que se infectó con diferentes cepas del patógeno y diferentes presentaciones de esta (bacteria viva, atenuada y extractos proteicos), y se analizó a través de un estudio cinético de expresión mediante RT-qPCR de varios TLRs, Myd88 como mediador intracelular e IL-1β como efector. Con los resultados obtenidos se puede concluir que *O. mykiss* expresa los receptores TLR1, TLR22 y MyD88 en distintos órganos y estos modulan su expresión dependiendo de la forma de exposición del patógeno sugiriendo que reconocen diferentes PAMPs. El entendimiento de la función de los TLRs y sus especificidades frente a patógenos, pueden guiar al desarrollo de inmunoestimulantes de uso acuícola, así como agonistas para el control y prevención de enfermedades provocadas por patógenos recurrentes en la industria acuícola salmonera.

**Fondecyt 1130069, Fondap 15110027**

**Rol de la producción de IL-10 en la severidad de una infección por *Streptococcus pneumoniae* en ratones***

**Role of IL-10 production in the severity of *Streptococcus pneumoniae*infection in mice***

**Peñaloza, H**[1].,Salazar, Francisco[1].,Nieto, Pamela[1].,Kalergis, Alexis[1].,Bueno, Susan[1].

[1]Genética Molecular y Microbiología, Ciencias biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile. (Sponsored by Susan Marcela Bueno Ramírez)

*Streptococcus pneumoniae* (*S. pneumoniae*) es una bacteria Gram positivo de gran importancia clínica a nivel mundial, especialmente en niños menores de 5 años y en la población de la tercera edad. *S. pneumoniae* es el agente etiológico de la neumonía, otitis media, sinusitis y septicemia. El sistema inmunitario es capaz de neutralizar y eliminar a *S. pneumoniae*, sin embargo en grupos de riesgo no es suficiente su acción para la eliminación de la bacteria y de esta forma la prevención de enfermedades potencialmente mortales. En este estudio se evaluó el rol desempeñado por citoquinas antiinflamatorias en una infección causada por *S. pneumoniae*, usando como modelo ratones C56BL/6 incapaces de producir la citoquina antiinflamatoria IL-10 (ratones IL-10 $^{-/-}$). Ratones wild type e IL-10 $^{-/-}$ fueron infectados vía intra-nasal con *S. pneumoniae* y se evaluó la severidad de la enfermedad. Se observó que los animales wild type mostraron menor inflamación a nivel pulmonar, a pesar de una mayor diseminación al cerebro y bazo en comparación a los ratones infectados IL-10 $^{-/-}$. Los ratones incapaces de producir IL-10 mostraron una menor carga bacteriana en órganos, pero una mayor inflamación en pulmones y una menor tasa de supervivencia. En conclusión, nuestros resultados sugieren que la presencia de IL-10 previene una excesiva inflamación después de una infección son *S. pneumoniae* y reduce la severidad de la enfermedad.

***This study was supported by grants Fondecyt 1110604 and Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy P09/016-F.**

**Rol de la citoquina antiinflamatoria IL-10 en la habilidad de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium para causar infección sistémica en ratones.**

**Role of the Antinflammatory Cytokine IL-10 in the ability of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium to cause systemic infections in mice.**

**Pizarro, D[2].**,Salazar, Francisco[2].,Manuel, Álvarez Lobos[1].,Kalergis, Alexis M[2].,Bueno, Susan M[2].

[1]Gastroenteroligía, Medicina, Pontificia Universidad Católica De Chile.

[2]Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile. (Sponsored by Susan Marcela Bueno Ramírez)

*Salmonella enterica* is a Gram-negative facultative anaerobic bacterium commonly associated with acute gut-associated and non-systemic gastroenteritis in human and a systemic infection in mice. Interleukin 10 (IL-10) is an anti-inflammatory cytokine secreted by innate and adaptive immune cells during infections, with a crucial role in the prevention of host damage due to autoimmune pathologies. Using an IL-10$^{-/-}$ mouse, we have addressed the role of this cytokine during the *S. Typhimurium* infection. We performed oral or intraperitoneal infections of C57BL/6 IL-10$^{-/-}$ and C57BL/6 wild type mice with *S.* TyphimuriumSTM14028 and after 30 days the survival rate was evaluated. We observed that both intragastrically or intraperitonally infected IL-10$^{-/-}$ mice survived significantly more than wild type mice. When bacterial loads was detected in organ, we observed significantly lower amount of S. Typhimurium colonizing internal organs of IL-10$^{-/-}$ mice, as compared to WT mice. Together, these results suggest that IL-10 plays a key role in the ability of Salmonella to cause systemic infections.

**This study was supported by grants Fondecyt 1110604, Fondecyt 1100971 and Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy P09/016-F.**

**Wild birds are reservoirs of zoonotic *Salmonella enterica* strains in Chile.**

**Wild birds are reservoirs of zoonotic *Salmonella enterica* strains in Chile.**

**Retamal, P**[1].,Fresno, M[2].,Gutierrez, S[1].,Vicencio, P[1].,Gornall, V[1].,Barrera, V[1].,Lillo, P[1].,Pardo, C[3].,Dougnac, C[2].,Abalos, P[1].,Fredes, F[1].

[1]Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

[2]Programa de Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

[3]Programa de Magister en Ciencias Animales y Veterinarias, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

*Salmonella enterica* is a zoonotic pathogen of worldwide distribution and wide host range, whose transmission to humans occurs mainly through food, being commercial poultry products and byproducts the main source of infection. Despite all sanitary efforts to control the infection, the incidence of Salmonella in poultry flocks remains and cases of disease in people are gradually increasing in Chile, constituting an epidemiological scenario that should involve the participation of other factors in the transmission of *S. enterica*. The aim of this paper is to show phenotypic and genotypic evidence suggesting the role of waterfowl as reservoirs of *S. enterica* strains with infectious potential for poultry and humans in Chile. Using strains from different hosts, serotyping, antimicrobial resistance, survival stress conditions, virulotyping, PFGE and MLST assays were performed. All together, these techniques determine the infection of waterfowl with *S. enterica* strains virtually indistinguishable from those isolated in poultry and humans. In conclusion, our results suggest that wild birds in Chile are natural reservoirs of infection, and that sanitary strategies for controlling the transmission to humans should consider monitoring these animals to prevent the emergence of new *S. enterica* strains.

**Sponsored by Proyectos Fondecyt 11110398 Y 1110255.**

VIR-1

**Secuenciación Masiva de Andes Virus en Reservorio y Pacientes.**

**Next-Generation Sequencing of Andes Virus in Reservoir and Patients.**

**Pérez, Ruth**[1].,Vial , Cecilia[1].,Cuiza, Analía[1].,Palma, Eduardo[2].,Torres, Fernando[3].,Calvo, Mario[4].,Mertz, Gregory[5].,Valdivieso , Francisca[1].

[1]Programa Hantavirus UDD.

[2]Depto-Ecología PUC.[3]Instituto de Biología PUCV.

[4]Depto-Infectología Hospital Base Valdivia.

[5]Depto-Medicina Interna Universidad de Nuevo México.

Andes virus (ANDV), del género Hantavirus, es el agente del síndrome cardiopulmonar por hantavirus en Chile y Argentina. Su RNA genómico trisegmentado, L, M y S, tiene alta tasa de mutaciones, determinando una población de cuasiespecies en individuos infectados. El roedor *Oligoryzomys longicaudatus* es el principal reservorio de ANDV y la transmisión roedor-humano es por inhalación de virus presentes en las excretas del ratón. La incidencia en humanos es baja pese al amplio contacto con roedores en zonas rurales lo que planteó la hipótesis de que existen secuencias específicas que permiten la transmisión del roedor al humano, produciéndose un cuello de botella genético en la transmisión inter-especies. Para identificar estos cuellos de botella, se está secuenciando de forma masiva ANDV de pacientes y roedores infectados. Utilizando RT-PCR se amplificó el segmento S y M de ANDV de un roedor y un humano. Se secuenció el segmento S completo y parcialmente el M en una plataforma Illumina con una profundidad de 63x. Se identificaron 120 polimorfismos de nucleótido único en el segmento S y 40 en la zona terminal del segmento M. La información a obtener con mayor numero se individuos puede contribuir a entender los mecanismos de transmisión inter-especies.

**Financiado (NIH) U01AI045452-12.**

VIR-2

**La proteína de tegumento VP11/12 del herpes simplex virus tipo 1 altera la distribución y morfología del aparato de Golgi.**

**Herpes Simplex Virus type 1 tegument protein VP11/12 causes disruption of the Golgi apparatus in neurons.**

**Arancibia, Yennyfer**[1].,Martin, Carolina[1].,Mardones, Gonzalo[2].,Otth, Carola[1].

[1]Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral De Chile.

[2]Instituto de Fisiología, Facultad de Medicina, Universidad Austral De Chile.

Tegument proteins are layered between the capsid and the envelope of herpesviruses, and they are delivered into the cytoplasm during viral infection to manipulate host cell functions. VP11/12 is one of the most abundant tegument proteins of Herpes Simplex Virus type 1 (HSV-1), but its function during infection is not well established. During infection VP11/12 activates the lymphocyte-specific Src family kinase (SFK) Lck, and is tyrosine phosphorylated in an Lck-dependent manner; however the downstream effects are poorly understood. Recently, it has been shown that HSV-1 has an effect on the dynamics of the Golgi, but it is unknown whether tegument proteins are involved. Considering that VP11/12 has been found associated to the trans-Golgi network (TGN), we hypothesized that this protein plays a role in Golgi fragmentation. The aim of this study was to evaluate both morphological changes and the distribution of Golgi proteins during either infection or overexpression of VP11/12 in neurons in primary culture. We found that infection with HSV-1 induces Golgi fragmentation and redistribution of Golgi proteins. These changes were also induced by overexpression of VP11/12. Our results suggest that during HSV-1 infection VP11/12 induces changes in the structure and function of the Golgi apparatus, which may have consequences for neuronal survival and functionality.

**Fondecyt 1120464 and CONICYT 24121539.**

VIR-3

**Inactivacion del virus de influenza A en un modelo murino.**

**Inactivation of influenza A virus in a murine model.**

Cabello , Carlos[1].,Manjarrez , Maria Eugenia[2].,Rosete, Dora[1].,Paramo , Ignacio[1].,Galvan, Miguel Angel[1].

[1]Virologia y micologia instituto nacional de enfermedades respiratorias.

[2]Virologia y micologia instituto nacional de enfermedades respiartorias.

**Introducción.** El virus el de influenza causa altas tasas de morbi/mortalidad. Hay pocas alternativas para su eliminación y su prevención. Es necesario explorar nuevas opciones. En trabajos previos probamos una solución electrolizada supe oxidada (SES) en ensayos *in vitro,* ahora decidimos valorar su efecto en ratones infectados con los virus de influenza: se valoró si la SES disminuye la replicación viral y el efecto histológico en vías respiratorias de ratones infectados. **Materiales y métodos.** El virus fue propagado en células MDCK y se infectaron ratones intranasalmente con 50 µl en cada narina (dosis 100 $TCID_{50}$), la detección del virus se realizó por RT-PCR. **Resultados.** En parénquima se observó daño al 100% (p=0.0001con respecto a los no infectados y a los tratados con SES), con diversas manifestaciones, la inflamación fue la predominante (90%), hubo una reducción al 60% en el primer día de aplicada la SES. En tráquea el daño se presentó con menor porcentaje 21% pero significativo en relación a los controles (P=0.004) causando principalmente necrosis y disminuyó al 10% al usar la SES. En bronquios el 100% de los ratones infectados presentaron daños (P=0.0001). En bronquiolo el 85% (P=0.0003) de los ratones presentaron daño, que fue inflamación, al usar la SES se vio disminución al 50% y 45% respectivamente. **Conclusiones.** Los resultados de PCR-TR mostraron disminución notable del virus al tratar con la SES. Por lo que los resultados nos sugieren que la SES puede ser una buena alternativa para la disminución y eliminación del virus en vías respiratorias.

VIR-4

**Detección de Genotipos de Norovirus NoV de muestras de agua asociado a gastroenteritis de la ciudad de Ovalle, Chile 2013.**

**Genotype detection of Norovirus from water samples related to gastroenteritis in city of Ovalle, Chile 2013.**

**Cachicas, V**[1].,Ramirez , M[2].,Jara, M[1].,Farias , L[1].,Morales , O[1].,Rojas-Aedo, JF[1].,Soto, M[1].,Vega, G[3].,Gonzalez , F[3].,Martinez, MC[1].

[1]Microbiología de Alimentos, Salud Ambiental, Instituto de Salud Pública de Chile.

[2]Área de Saneamiento básico Seremi de Salud Región de Coquimbo.

[3]Oficina Comunal de Ovalle Seremi de Salud Región de Coquimbo.

Norovirus (NoV) es un virus RNA de hebra simple de la familia *Caliciviridae* que causa el mayor número de gastroenteritis de origen no bacteriano en el mundo. Es transmitido principalmente vía oral-fecal y de persona a persona con dosis infectantes baja. El genotipo predominante es GII. Este año en la ciudad de Ovalle (100.000 habitantes), se produjo un brote de gastroenteritis donde al tercer día ya se registraba un centenar de casos. La confirmación clínica fue ausencia de patógenos bacterianos y presencia de genotipo II de NoV. Con el objetivo de identificar el origen ambiental, en el día cuatro se analizaron siete muestras de aguas potables y de riego de 2 a 40 L. Las muestras fueron concentradas en terreno por filtración tangencial a 300 mL y analizadas por dos metodologías: ultracentrifugación a 37 000 x g y directamente sometidas a extracción de RNA. Para estudiar el porcentaje de recuperación de carga viral del proceso de extracción se utilizó el Virus Mengo a una concentración de $1{,}16 \times 10^6$ virus/muestra recuperándose un 3,18%. .La extracción de RNA se utilizó el sistema comercial easyMAG BioMerieux. La detección se realizó utilizando una retro transcripción múltiple en PCR tiempo real (qRT-PCR). Los resultados permitieron aislar el Genotipo GII y evaluar el porcentaje de similitud con los aislados clínicos y de referencia. Las muestras positivas correspondieron principalmente a aguas utilizadas para el riego de hortalizas. Estos resultados resaltan la importancia de contar con metodologías que permitan concentrar partículas virales desde grandes volúmenes de muestra.

**Sponsored by Corfo 09CN14-5951.**

VIR-5

**EFECTO DEL VIRUS IPN EN LA EXPRESIÓN DE MEDIADORES DE LA RESPUESTA INMUNE INNATA EN *SALMO SALAR.***

**Cardenas, Felipe**[1].,Morales, Paulina[1].,Soto, Maria Lorenza[1].,Figueroa, Jaime[2].,Yañez, Alejandro[2].,Haussmann, Denise[1].

[1]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Universidad Austral De Chile.

[2]Instituto de Bioquímica y Microbiología y Centro FONDAP (INCAR), Ciencias, Universidad Austral De Chile. (Sponsored by Jaime Eugenio Figueroa Valverde).

La Necrosis pancreática infecciosa es una patología viral, provocada por IPNv, infecta a especies de salmónidos (*S. salar*) causando altas tasas de mortalidad, la segunda luego del ISAv y genera importantes pérdidas económicas a la industria salmonera. La caracterización de la respuesta inmune innata del huésped (*Salmo salar*), nos permitirá comprender el comportamiento de los distintos mediadores de esta respuesta frente a la infección, entregando directrices que permitan encontrar blancos terapéuticos para tratar esta patología viral. En este estudio se comparó por RT-qPCR los niveles de expresión de diferentes componentes de la respuesta inmune innata en *S. salar* tanto en peces sanos comoinfectados con IPNv (con y sin sintomatología clínica) a partir de muestras de cDNA de bazo. Además se realizó ensayos de estallido respitario en cultivo primario de linfocitos de riñón anterior Resultados preliminares indican que los distintos mediadores muestran expresión diferencial, al comparar individuos sanos y enfermos (IPN+). Esto hace pensar que la respuesta inmune de estos peces podría actuar en diferentes niveles, aumentando la expresión de algunos mediadores, y disminuyendo la de otros. Lo cual se podría enmarcar en un tipo de respuesta inmune innata (temprana/tardía) o un tipo de respuesta (estimulada/inhibida). Estos antecedentes podrían dar señales para el diagnostico temprano de esta infección viral, estableciendo un momento en el que se podría aplicar un tratamiento efectivo.

**Financiamiento: Fondecyt 3130348, FONDAP 15110027 y Marine Harvest.**

VIR-6

**Extracción y purificación de proteína recombinante E6 de Virus Papiloma Humano tipo 16 desde *E.coli* BL21-DE3 y *E.coli* BL21-DE3 codon plus para la producción de un anticuerpo policlonal anti E6.**

**Extraction and purification of E6 recombinant protein of Human Papilloma virus type 16 from E.coli BL21-DE3 and E.coli BL21-DE3 codon plus for the production of a polyclonal antibody anti E6.**

**Carrillo, D**[1].,Peña, Nelson[1].,Jorge, Soto[2].,Muñoz, Juan Pablo[1].,Soto, Daniel[2].,Barrientos, Magaly[2].,León, Oscar[1].,Vásquez , Abel [2].,Aguayo, Fransisco[1].

[1]Programa de Virología, Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Medicina, Universidad De Chile.

[2]salud ambiental, Sección de Biotecnología, Plataforma Biotecnológica, Instituto de Salud Pública Chile.

La oncoproteína E6 del virus papiloma humano tipo 16 (VPH16) de alto riesgo, es la principal responsable del bloqueo de la apoptosis mediante la inducción de degradación de la proteína p53. Por tanto, es de importancia reconocer y caracterizar la proteína E6, mediadora fundamental de la patogenia y capacidad tumoral de VPH. Los anticuerpos mono o policlonales disponibles en el mercado no siempre permiten obtener una buena sensibilidad en el proceso de detección, probablemente por la presencia de variantes de E6 que pueden alterar su reactividad inmunológica. Hemos expresado la proteína recombinante E6 (18 kDa) en *E.coli* BL21-DE3 y *E.coli* BL21-DE3-codon plus, las cuales fueron trasformadas previamente con el vector de expresión pET-15b; este vector contiene el inserto del gen E6 de VPH16. La purificación se realizó con el kit HisPur Ni-NTA Resin, para luego realizar la cuantificación de la proteína obtenida con el Kit Micro BCA Protein Assay, obteniendo 0,8 mg/mL de E6 recombinante. La proteína obtenida desde *E.coli* BL21-DE3 fue usada como antígeno en conjunto con el adyuvante ABISCO® para la primera inoculación en modelo murino C57-BL6. Luego, se realizaron tres inmunizaciones, una cada 7 días. En los días 28 y 49 post-inmunización se determinaron los títulos de IgG en el suero mediante un ensayo Elisa indirecto. Los resultados mostraron diferencias entre el suero pre-inmune y el suero inmune en ambas mediciones, lo cual sugiere que el anticuerpo policlonal anti E6 desarrollado puede ser útil en la determinación de la reactividad inmunológica de la proteína E6. Estos datos deben ser confirmados mediante Western Blotting.

VIR-7

**Caracterización de las regiones no-codificantes de ISAV: identificación de sitios de unión a RNA polimerasa y modelo de regulación de la expresión génica.**

**Characterization of non-coding regions of ISAV: identification of binding sites for RNA polymerase and model of gene expression regulation.**

**Diaz, A**[1].,García , K[1].,Navarrete, A[1].,Higuera, G[1].,Romero, J[1].

[1]Laboratorio de Biotecnología, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad De Chile.

El virus de la anemia infecciosa del salmón (ISAV) pertenece a la familia *Orthomyxoviridae*. Posee un genoma de ocho segmentos de RNA de hebra simple y polaridad negativa, cada uno de los cuales se encuentra flanqueado por regiones no-codificantes (NRC). La secuencia de estas regiones en los extremos terminales es altamente conservada y parcialmente complementaria, lo que genera estructuras secundarias estables. En Influenza, otro orthomyxovirus, estas estructuras funcionan como reguladores de la replicación/transcripción, ya que contienen los sitios de unión con la RNA-polimerasa viral y la señal de poliadenilación (U-stretch). A pesar que en ISAV están disponibles las secuencias completas de aislados que varían en virulencia, las NCR aún no han sido caracterizadas ni se les ha propuesto un rol biológico. Utilizando una aproximación comparativa con Influenzavirus se propuso un modelo de la arquitectura molecular de las NCR, donde se identificó nucleótidos conservados responsables de la unión con la RNA-polimerasa viral y la señal U-*stretch*. A nivel traduccional, se estudió el contexto Kozak de los codones AUG de todos los segmentos, encontrándose que algunos aislados (los más virulentos) presentan un contexto menos favorable sólo para la expresión del primer marco de lectura (ORF) del segmento 8, el cual regularía la expresión del segundo ORF, que codifica para una proteína involucrada en la modulación de la respuesta anti-interferón. Estos resultados permitieron generar un modelo de estudio para la caracterización funcional de las NCR de ISAV y proponer un posible mecanismo de regulación génica.

**Proyecto Fondecyt 3120081; Fondef D10I1056, Programa De Doctorado En Acuicultura, Universidad De Chile.**

VIR-8

**Comparación de métodos de diagnóstico para la detección e identificación del virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) en salmonidos.**

**Comparison of diagnostic methods to detection and identification of infectious pancreatic necrosis virus (IPNV) in salmonids.**

**Eissler, Yoanna**[1].,Tapia, David[1].,Torres, Pamela[1].,Espinoza, Juan Carlos[1].,Conejeros, Pablo[1].,Kuznar, Juan[1].

[1]Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales, Facultad de Ciencias, Universidad De Valparaíso.

La industria del salmón se ha desarrollado notablemente en Chile en un período breve de tiempo. Con ello, además, se ha incrementado la importancia del control de las enfermedades infecciosas que afectan a los salmónidos, especialmente en la sensibilidad de los métodos de diagnostico utilizados. En esta comunicación, se muestra la comparación de cinco metodologías utilizadas para la detección del virus IPN y su identificación por medio de secuenciación genética. Las metodologías comparadas fueron: aislamiento en células, inmunofluorescencia indirecta (IFAT), y tres ensayos en PCR tiempo real (qRT-PCR). Se analizaron 46 muestras de órganos de peces, provenientes de pisciculturas y centros de mar del sur de Chile. Se obtuvo ADNc de una porción del segmento A del virus y se secuenció para posteriormente determinar su genogrupo.

Los resultados muestran que la adecuada selección de partidores permite una buena correlación entre técnicas de qRT-PCR. Un 50 y 63% de las muestras positivas por PCR también resultaron positivas por IFAT y aislamiento del virus, respectivamente. Un 80% de las muestras se identificaron dentro del genogrupo 5 (Europeo) y el resto se encontró en el genogrupo 1 (Americano), indicando un predominio del primer genogrupo sobre el segundo, presentándose leves diferencias en relación a la sensibilidad de las técnicas de diagnóstico utilizadas. En principio, los resultados indican que determinar la presencia del virus IPN por técnicas de qRT-PCR y de inmunofluorescencia, es adecuado, preciso y complementario para realizar un buen diagnostico de la enfermedad y obtener información adicional para incrementar las medidas de control.

VIR-9

**Residuos particulares de la región troncal de la proteína Gc determinan la actividad fusogénica del Hantavirus Andes**

**Particular residues in the stem region of the Gc protein determine the fusogenic activity of Hantavirus Andes**

**Elola, A**[1].,Villalón, Fernando[1].,Carrasco, Margarita[1].,Tischler, Nicole[1,2].

[1]Laboratorio de Virología Molecular Fundación Ciencia & Vida.

[2]Facultad de Ciencias Biológicas Universidad Andrés Bello.

El hantavirus Andes (ANDV) es un virus envuelto, cuya entrada a la célula se produce mediante la fusión entre membranas virus-célula. Este proceso es gatillado por la proteína de fusión Gc, que abarca varias regiones funcionales, una de ellas es la región troncal. Esta región está descrita para proteínas de fusión de diversas familias virales, entre las cuales cumple características diferidas. El objetivo de este trabajo es determinar cuál es la característica particular de la región troncal de ANDV Gc. Para ello, se realizaron estudios con 16 mutantes sitio-dirigidas de esta región, que afectan estructura, carga o residuos apolares. Se evaluó cada una de estas mutantes, tanto respecto su expresión, plegamiento y actividad fusogénica. Los resultados de biotinilación de proteínas de superficie mostraron que ninguna mutación dentro de la región troncal afecta la localización de las mutantes en la membrana plasmática. Además, ensayos de fusión entre células, indican que todas las mutaciones disminuyen o suprimen la actividad fusogénica de Gc. Para comparar en forma cuantitativa la actividad residual de las mutantes, se encuentra en desarrollo un ensayo de fusión entre células que utiliza expresión de luciferasa como gen reportero, bajo el promotor de la T7 polimerasa. Los resultados obtenidos indican que la región troncal de Gc posee propiedades que dependen de residuos específicos y que son cruciales para el proceso de fusión de membranas durante la entrada de hantavirus Andes a la célula.

Sponsored by FONDECYT 1100756 Y CONICYT PFB- 16.

VIR-10

**El Virus Parainfluenza tipo 1 induce la producción de IL-8 epitelial a través de la señalización en p38-MAPK.**

**Parainfluenza Virus Type 1 Induces Epithelial IL-8 Production via p38-MAPK Signalling.**

**Galvan, Miguel A**[1].,Cabello, Carlos[1].,Mejia, Fidencio[1].,Valle, Leticia[1].,Valencia, Elba[1].,Manjarrez, Ma Eugenia[1].

[1]Investigación en Virología y Micología Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias Ismael Cosio Villegas.

**Introducción**. El virus parainfluenza humano tipo 1 (VPIH-1) es la causa más común de croup en niños. La mayoría de los virus que infectan las vías respiratorias inducen una respuesta inflamatoria que implica a IL-8, con infiltrado de neutrófilos que cierra totalmente la vía aérea. **Los objetivos** de este estudio fueron determinar si las vía de MAPK's se activa directamente en la producción de IL- 8 durante la infección de HPIV-1 y determinar si se requiere la replicación viral. **Métodos**. Se utilizó un modelo in vitro de infección por HPIV-1 en células HEp-2 y A549; IL-8 se detectó en una cinética por ELISA, la fosforilación de las proteínas cinasas activadas por mitógenos (MAPKs) se identificó por Western. Y con inhibidores específicos para cada quinasa se identificó la MAPK's involucrada. El requerimiento de la replicación viral se evaluó utilizando el VPIH-1 inactivado. **Resultados**. Se observó un aumento gradual de la producción de IL-8 en los tiempos analizados, y se verificó la fosforilación de las MAPK. Se identificó que es p38 la que participa **Conclusiones**. La producción de IL-8 en líneas celulares infectadas está relacionada con la fosforilación de p38 que se activa durante las primeras etapas de la infección; y la replicación viral se requiere para la secreción de IL-8. Al disminuir los niveles de IL-8 con el inhibidor de p38 sugiere su participación directa. Estos resultados son significativos para entender la patogénesis del HPIV-1 y desarrollar terapias para reducir el proceso inflamatorio no controlado.

VIR-11

**Identificación de las proteínas del complejo de pre-integración del virus de la leucemia murina en modelo de células humanas**

**Identifying proteins of the Pre-integration complex of Murine Leukemia Virus on a Human cell model**

**García, Francisco**[1].,León, O[1].,Acevedo, Mónica L.[1].

[1]Programa de Virología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

The Moloney Murine Leukemia Virus (MoMLV) is a ssRNA (+) genome retrovirus whose early steps of infection are mediated by two nucleoprotein complexes, the reverse transcriptase (RTC) and the pre-integration Complex (PIC). The PIC composition is only partially known. It contains integrase, which is responsible of the viral DNA (vDNA) integration into the host cell genome. It has been suggested that cellular proteins which are part of the PIC could be involved in the selection of the integration site in others retroviruses. Murine MoMLV-based viral vectors have been used in gene therapy. The composition of MoMLV PIC in human cells has not been determined. In order to identify the PIC components we constructed a pseudotype MoMLV using vectors expressing envelope glycoprotein of vesicular stomatitis virus (VSV-G) and MoMLV proteins (Gag and Pol) capable to infect and integrate the DNA sequence of GFP in 293T cells. Then we analyzed the formation of cytoplasmic PIC in 293T cells by qPCR for vDNA quantification at the late steps of reverse transcription (LRT) using specific primers. Then, according to the LRT results we proceeded to carry out *in vivo* chemical crosslinking and immnunoprecipitation of the PIC. Finally Mass Spectroscopy is currently being used to identify the proteins crosslinked to capsid or integrase.

**Funded by Fondecyt 11121411 and U-Inicia VID 2011, grant U-Inicia 11/08, University of Chile.**

VIR-12

**Modulación del eje AMPK/Sirtuin1 durante infección neuronal con Virus del Herpes Simplex tipo 1.**

**The AMPK/Sirtuin1 axis modulation during neuronal infection with Herpes Simplex Virus type 1.**

**Leyton, Luis**[1].,Martin, Carolina[1].,Arancibia, Yennyfer[1].,Hott, Melissa[1].,Otth, Carola[1].,Concha, Margarita[2].

[1]Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral De Chile.

[2]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral De Chile.

The pathogenic mechanisms of Herpes Simplex Virus type 1 (HSV-1) are not well known. Data suggest that it is able to establish latency and in the CNS, and this condition would not be harmless. Currently, it is unclear whether a neuron, that undergoes viral reactivation, survives or is killed. Taking in consideration that the stress sensor AMP-dependent kinase (AMPK) and Sirtuin-1 (Sirt1) are involved in neuroprotection we hypothesized that HSV-1 could modulate AMPK/Sirt1 pathways as a strategy to establish latency in neurons through inhibition of apoptosis and stimulation of mitochondrial biogenesis. Therefore we evaluated AMPK, Sirt1, and its downstream targets PGC-1α and p53, in neuronal cultures infected with HSV-1 through western blot, RT-qPCR and immunofluorescence analyses. During early infection, active AMPK (p-AMPK) decreased significantly as well as its phosphorylation target PGC-1α. However at 18 hpi, coinciding with the expression of the early viral protein ICP8, p-AMPK recovered its baseline levels and simultaneously, PGC1α and TFAM transcript reached their maximal levels. Similarly, at early infection times (2hpi) acetylated-p53 peaked, decreasing thereafter in parallel with an increase of Sirt1. However a new rise in acetylated-p53 was observed at 18hpi. These results suggest that at different times, HSV-1 could interfere with the pro-apoptotic response, modulating the AMPK/Sirt1 axis in neurons.

**Funding Fondecyt 1120464.**

VIR-13

**Diagnóstico de enfermedad por Citomegalovirus (Cmv) en adultos portadores del Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH).**

**Cytomegalovirus disease diagnosis in human immunodeficiency virus infected adults.**

**Luchsinger, V**[1].,Larrañaga, Carmen[1].,Vásquez, Patricia[2].,Silva , Matias[1].,Bruno, Maria Jose[1].,Siches, Izkia[2].,Villarroel, Javier[3].,Garmendia , M Luisa[4].

[1]VIROLOGIA, DE MEDICINA, Universidad De Chile.

[2]San Juan de Dios Hospital .

[3]Arriarán Fundación .

[4]INTA Universidad de Chile.

**Introducción**: CMV es agente frecuente de enfermedad en portadores del VIH. El antiviral específico disponible es tóxico por lo que su administración requiere el diagnóstico de enfermedad por CMV, para lo cual se dispone de técnicas de laboratorio de rendimiento desconocido en nuestro país. **Objetivo:** Validar la antigenemia y la reacción en cadena de la polimerasa (RCP) en tiempo real cuantitativa para el diagnóstico de enfermedad por CMV en adultos portadores del VIH. **Metodología:** En adultos VIH positivos (2012-2013), se detectó CMV en sangre mediante antigenemia y RCP, estableciéndose la sensibilidad (S), especificidad (E) y valores predictivos (VPP, VPN) respecto al estándar dorado (cuadro clínico + aislamiento viral, AV). **Resultados**: En 161 casos, 66 (41%) asintomáticos y 79 (49%) con sospecha clínica de enfermedad por CMV, la antigenemia fue positiva en 35/79 (44%) de los sintomáticos y en 5/66 (7,5%) asintomáticos ($p<0.001$, prueba Z) y la RCP en 33/69 (48%) y 6/36 (17%)($p=0,003$, Z), respectivamente. La S, E, VPP y VPN de la antigenemia fue 86%, 75%, 14% y 99%, y de la RCP 83%, 68%, 12% y 99%, respecto al estándar dorado. La concordancia entre las 2 técnicas fue considerable (Kappa>0,625) en ambos grupos. **Conclusiones**:Para el diagnóstico de CMV en adultos VIH, la sensibilidad de la antigenemiay la RCP en tiempo real es alta, la especificidad baja, la concordancia considerable y el rendimiento significativamente superior en pacientes sintomáticos. El bajo rendimiento del AV limita su utilización como técnica de referencia.

**Sponsored by Proyecto FONIS SA11I2227.**

VIR-14

**Irrelevancia del procesamiento de la muestra de sangre en la detección de citomegalovirus (cmv) por reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real.**

**Irrelevance of blood processing for detecting CMV by real time polymerase chain reaction.**

**Luchsinger, V**[1].,Silva, M[1].,Siches, I[2].,Vásquez, P[2].,Villarroel, J[3].,Larrañaga, C[1].

[1]Virología, de Medicina, Universidad de Chile.

[2]Hospital San Juan de Dios.

[3] Fundacion Arriaran.

La reacción en cadena de la polimerasa (RCP) es una de las técnicas de mayor sensibilidad para diagnosticar enfermedad por CMV. El tipo de muestra y el método de extracción de ácidos nucleicos (AN) influyen en la detección del DNA viral.Con el fin de optimizar la detección de DNA de CMV mediante RCP en adultos VIH(+), se detectó el gen de la gpB de CMV mediante RCP en tiempo real cuantitativa en extractos de AN obtenidos por 2 mètodos: proteinasa K y por columnas (Roche®), a partir de leucocitos y de sangre total de adultos VIH positivos, con y sin síntomas (2012-2013). La RCP fue positiva en 38/131 (29%) muestras de leucocitos y en 30/128 (23%) de sangre (p=0.3). En los extractos obtenidos por proteinasa K, se detectó CMV en 22/65 (33%) casos; en 19/42 (45%) sintomáticos y en 0/14 asintomáticos; en 20/22 (91%) muestras de leucocitos y en 13/54 (24%) muestras de sangre. Entre los AN extraidos por columnas, la PCR fue positiva en 19/70 (27%) casos; en 14/27 (52%) sintomáticos y 5/34 (15%) asintomáticos; en 16/17 (94%) muestras de leucocitos y en 15/65 (23%) muestras de sangre (p≥0,3). En 67 muestras de sangre, se analizó en paralelo 40 ul y 200 ul, detectando CMV en 14 (21%) y 17 (25%), respectivamente (p=0.6). El método de extracción de AN, la muestra y el volumen de sangre utilizado no influyen en la detección de CMV por RCP en adultos VIH (+).

**Sponsored by Proyecto FONIS SA11I2227.**

VIR-15

**El Herpes Simplex Virus Tipo 1 induce fragmentación del aparato de golgi neuronal via activación de la Quinasa SRC.**

**Herpres Simplex Virus Type 1 induced fragmentation golgi apparatus neuronal activation via SRC kinase.**

**Martin, Carolina**[1].,Arancibia, Yennyfer[1].,Hott, Melissa[1].,Mardones, Gonzalo[2].,Otth, Carola[1].

[1]Instituto de Microbiologia Clinica, Medicina, Universidad Austral De Chile.

[2]Instituto de Fisiologia, Medicina, Universidad Austral De Chile. (Sponsored by Carola Otth).

El herpes simplex virus tipo 1 (HSV1) es un agente de carácter ubicuo, neurotrópico, capaz de establecer una infección persistente latente y causa común de Encefalitis aguda no epidémica. En los últimos años, se ha propuesto como posible factor de riesgo en el desarrollo de enfermedades neurológicas, ya que afecta estructuras límbicas y podría estar implicado en la inducción de eventos neuropatológicos reiterados que afecten la memoria y procesos cognitivos. En este sentido, estudios evidencian activación de quinasas localizadas en la cara citoplasmática del Complejo de Golgi (CG) - implicadas en procesos de vesiculación dependiente de la proteína dinamina - y alteración de la dinámica del CG durante infección epitelial con HSV1. Sin embargo, se desconoce el efecto que pueda tener el virus sobre complejo de Golgi neuronal y en particular sobre el transporte vesicular axonal. El objetivo de este estudio fue determinar si el HSV1 activa vía de señalización dependiente de la proteína quinasa Src, afectando la estructura y dinámica del CG. Mediante Western blot e Inmunofluorescencia observamos que la infección neuronal por HSV1 gatilla la activación de la quinasa Src al fosforilar su residuo Tyr 416 en etapas tempranas de infección y posteriormente ocurre fragmentación y dispersión de las pilas del Complejo de Golgi a las 8 h.p.i . Nuestros hallazgos, sugieren que durante la infección neuronal por HSV1 se desencadenan eventos de señalización intracelular que logran afectar la estructura e integridad del CG, pudiendo incidir en el transporte exocítico y funcionalidad neuronal.

**Agradecimientos: FONDECYT 1120464, CONICYT 24121539.**

VIR-16

**Evaluación de la virulencia de dos aislados del virus de la Anemia Infecciosa del Salmón (ISAv) que difieren en su región HPR.**

**Evaluation of virulence of two isolates of the Infectious Salmon Anemia virus (ISAv) that differ in their HPR region.**

**Navarrete, A**[1].,García, K[2].,Díaz, A[2].,Pérez , S[2].,Romero, J[2].

[1]Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos Universidad De Chile.[2]Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimento Universidad de Chile .

El genoma de ISAV posee una alta tasa de mutación, lo que origina variantes que difieren en virulencia. Para evaluar estas diferencias, se estudió la capacidad de dos aislados para producir efecto citopático en SHK-1. En base a estos resultados, uno de los aislados fue relacionado con mayor daño celular (A) y el otro a menor daño (B). Para asociar estos resultados con las diferencias en el genoma de ISAV, se analizaron sus determinantes de virulencia. El aislado A mostró una inserción (IN4) y una región HPR7b, ambas correlacionadas con aislados altamente virulentos. El aislado B por su parte posee un residuo de Leucina que se asocia a aislados altamente virulentos, lo que indicó que la virulencia no depende de un sólo determinante. Luego se estudió la secuencia de todos los segmentos génicos de ambos aislados y se comparó con aislados patogénicos previamente secuenciados. Se encontró 24 posiciones aminoacídicas presentes sólo en los aislados patogénicos. Una de estas, corresponde a serina (Ser) (posición 156, segmento 6) y en el aislado de baja virulencia se encuentra una prolina (Pro). Este cambio de un aminoácido polar (Ser) por uno apolar (Pro) podría interferir en el plegamiento de la proteína y en su actividad en el ciclo viral. En consecuencia la virulencia no depende de un sólo determinante. Además, utilizando como patrón de comparación la secuencia de aislados altamente patogénicos, es posible proponer nuevos candidatos a determinante de virulencia.

**Financiamiento: Beca CONICYT 21100134, Fondef D10I1056, Fondecyt 3120081, Doctorado En Acuicultura, Universidad De Chile.**

VIR-17

**Detección de virus respiratorios en adultos con neumonía adquirida en la comunidad mediante inmunofluorescencia, reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real multiplex y luminex®.**

**Detection of respiratory viruses in adults with community acquired pneumonia by immunofluorescence, multiplex real time polymerase chain reaction and luminex®.**

**Prades, Y[1].**,Larrañaga , C[1].,Avendaño, LF[1].,Pizarro, R[2].,Ruiz , M[3].,Luchsinger, V.[1].

[1]Programa de Virología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad De Chile.

[2]Hospital Lucio Córdova.

[3]Hospital Clínico U. Chile.

La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es una patología, de origen bacteriano o viral, frecuente en la población adulta y puede conducir a la muerte. Las técnicas disponibles para el diagnóstico viral de la NAC varían en sensibilidad, debido a la baja excreción viral en adultos. Con el fin de comparar el rendimiento de las técnicas disponibles para diagnóstico viral en adultos con NAC se analizaron muestras respiratorias (aspirado y/o torulado nasofaríngeo)de hospitalizados por NAC (2012-2013), mediante inmunofluorescencia (IF) clásica (anticuerpos monoclonales y conjugados Sigma®); IF rápida con kit D[3]-FastPoint™ (HybridDiagnostics®); IF con kit SOFIA® Influenza A/B y VRS (Quidel™); RT-RCPtr para Adenovirus, Bocavirus, VRS, Metapneumovirus, Parainfluenza, Rinovirus, Coronavirus e Influenza A/B (Sacace®) y kit xTAG® *Respiratory Virus Panel* para Luminex®. Se analizaron 70 pacientes con una mediana de edad de 67 años. La IF detectó 4/21 (19%) casos por SOFIA® y 0/63 por IF clásica y rápida (p=0.003). La RT-RCP detectó 28/70 (40%) casos y Luminex® 38/70 (54%) (p=0.1); ambas técnicas superiores a la IF, pero significativamente sólo Luminex® (p=0.01). La sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y negativo para Luminex® respecto a la RT-RCP, fue 93%, 75%, 74% y 94%, respectivamente, y la concordancia (kappa) fue 0,66. Por virus, la detección por Luminex® y RT-RCP fue similar (p>0,05). Existe correlación inversa entre el número de ciclos (Ct) de RT-RCP y la fluorescencia (MFI) del Luminex® (p<0,01). Las nuevas técnicas tienen un mayor rendimiento en la detección viral en adultos con NAC lo que permitirá optimizar el diagnóstico etiológico de esta patología.

Sponsored by FONDECYT 1121025.

VIR-18

**Efecto de proteínas de matriz retrovirales en la formación de VLPs de hantavirus.**

**Effect of retroviral matrix proteins in hantavirus VLPs formation.**

**Salazar-Quiroz, N**[1]., Tischler, N[1,2].

[1]Laboratorio de Virología Molecular Fundación Ciencia & Vida.

[2]Facultad de Ciencias Biológicas Universidad Andrés Bello.

Los hantavirus son virus de RNA pleomórficos envueltos, que poseen 4 proteínas estructurales, sin embargo carecen de una proteína matriz. Recientemente hemos observado que la expresión de las glicoproteínas de superficie Gn y Gc del hantavirus Andes (ANDV) es suficiente para el ensamblaje de partículas semejantes a virus (VLPs). Por otra parte, las proteínas de matriz de los virus envueltos de RNA son responsables del ensamblaje viral y su sobre-expresión conlleva a la liberación de VLPs por sí solas. En conocimiento de esto, se quiso estudiar si la presencia de proteínas de matriz heterólogas coopera en el ensamblaje y la salida de VLPs de ANDV. Con este objetivo, se co-expresaron las glicoproteínas Gn y Gc de ANDV junto con la proteína de matriz del virus de la inmunodeficiencia simia (SIV) y del virus de la leucemia murina (MLV). Se evaluaron los niveles de VLPs producidos en sobrenadantes concentrados mediante *Western blots*, y la expresión celular de las proteínas mediante *Western blots* y citometría de flujo. De las muestras analizadas, se observó que al co-expresar Gn y Gc con la proteína matriz de SIV se produjo una mayor cantidad de VLPs de ANDV, pero un efecto contrario se encontró con la proteína matriz de MLV. Esto permitiría plantear la hipótesis de que los efectos de las proteínas de matriz pueden ser cooperativos o de competencia. Actualmente se está analizando la co-expresión de proteínas de matriz retrovirales adicionales para responder esta hipótesis.

Sponsored by FONDECYT 1100756, FONDEF CA12|10367 Y CONICYT PFB-16.

**Financiamiento: FONDEF CA12|10367, Fondecyt 1100756 y CONICYT PFB-16.**

VIR-19

**Desestabilización de membranas producida por la región troncal de Gc del hantavirus Andes**.

**Membrane destabilization produced by Andes hantavirus Gc stem region.**

**Villalón, Fernando**[1].,Montecinos, Felipe[2].,Monasterio, Octavio[2].,Tischler, Nicole[1,3].

[1]Laboratorio de Virología Molecular Fundación Ciencia & Vida.

[2]Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile.

[3]Facultad de Ciencias Biológicas Universidad Andrés Bello.

El hantavirus Andes (ANDV) posee una envoltura lipídica en la cual se encuentran ancladas las glicoproteínas Gn y Gc. Esta última es la responsable de llevar a cabo el proceso de fusión de membranas, que es crítico para la entrada del virus a la célula. Este proceso es energéticamente desfavorable y requiere la desestabilización de la membrana celular y la membrana viral. La región troncal es una de las regiones claves de la proteína Gc que podría cumplir este rol. Con este propósito, se caracterizó la estructura y función de la región troncal a través del uso de péptidos sintéticos. Los resultados obtenidos de las mediciones de dicroísmo circular indican que esta región posee estructura secundaria de tipo hoja β, corroborando las predicciones *in sílico*. Para analizar si esta región desestabiliza membranas se estableció un ensayo de fuga del contenido de liposomas y un ensayo de fusión de liposomas basado en FRET o dispersión de luz dinámica. Los resultados de estos ensayos indican que la mayor actividad de desestabilización se produjo por aquellos péptidos que abarcan el extremo carboxilo-terminal de esta región y que además este efecto es dependiente de la composición lipídica de los liposomas utilizados, siendo mayor con lípidos aniónicos. En resumen, estos resultados demuestran que la región troncal de ANDV Gc produce estrés elástico en la membrana, comprometiendo probablemente la estabilidad de la membrana viral para favorecer el proceso fusogénico.

Sponsored by FONDECYT 1100756 Y CONICYT PFB-16.

**Financiamiento: Fondecyt 1100756 Y CONICYT PFB-16.**

# COLOQUIOS

II COLOQUIOS
DE MICROBIOLOGÍA
SOCIEDAD DE MICROBIOLOGÍA DE CHILE
Concepción 2013
29 de Abril Dr. Osvaldo Ulloa | Dpto. de Oceanografía (UdeC)
"Cuando los océanos se sofocan, los microbios están de fiesta"
31 de Julio Dr. Juan Pablo Staforelli | Centro de Óptica y Fotónica (UdeC)
"Cómo fuerzas ópticas capturan y estudian microorganismos únicos"
Auditorio Alamiro Robledo, Facultad Ciencias Físicas y Matemáticas | 17:00 a 18:30 hrs.
27 de Mayo Dr. Luis Antonio Cuevas | Centro de Ciencias Ambientales EULA-Chile (UdeC)
"Patrones macroecológicos asociados a microorganismos en ecosistemas marinos"
24 de Junio Dr. Gino Corsini | Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina (UDP)
"Compuestos bioactivos con propiedades antimicrobianas, desde la molécula hasta el mecanismo"
26 de Agosto Dr. Carlos González | Dpto. de Microbiología (UdeC)
"Bacterias patagónicas y antárticas como fuente de crio-protectores proteícos"
30 de Septiembre Dr. Francisco Chávez | Dpto. de Biología (UCH)
"Modelos animales simples para el estudio de patógenos bacterianos"
21 de Octubre Dr. Rodrigo de la Iglesia | Dpto. de Microbiología (PUC)
"Dinámicas Microbianas en Sistemas Costeros: descubriendo respuestas frente a cambios ambientales"
25 de Noviembre Dra. Verónica Madrid | Dpto. de Microbiología (UdeC)
"Vibrio parahæmolyticus y ETAs en la Región del Bío-Bío"
Centro de Microscopía Avanzada. Sala M7, Edificio Ennio Vivaldi - 2° piso | 17:00 a 18:30 hrs.
www.somich.cl/coloquios /ColoquioSomich @ColoquioSomich
SoMCh
Sociedad de Microbiología de Chile
DEPARTAMENTO OCEANOGRAFÍA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLOGICAS
Universidad de Concepción
Centro de Óptica y Fotónica

Levaduras Antárticas; gentileza Dr. Renato Chávez

# XXIII Coloquios de Microbiología 2013
## Sociedad de Microbiología de Chile

**28 de Marzo**
**Dr. Michael Seeger.** Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile. michael.seeger@usm.cl
"Un viaje desde el genoma al metabolismo microbiano y sus aplicaciones biotecnólogicas".

**25 de Abril**
**Dr. Patricio Godoy.** Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. pgodoymartinez@gmail.com
"Principales agentes fúngicos produciendo cuadros clínicos en Chile y América Latina".

**30 de Mayo**
**Dra. Rebekka Biedendieck.** Technical University of Braunschweig, Braunschweig, Alemania.
r.biedendieck@tu-braunschweig.de
"Applications of *Bacillus megaterium* in microbiology and biotechnology".

**27 de Junio**
**Dr. Martin Gotteland.** Departamento de Nutrición, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile. mgottela@med.uchile.cl
"Pre- y probióticos moduladores dietarios de la microbiota intestinal y de su impacto sobre la salud en el ser humano".

**25 de Julio**
**Dr. Edmundo Calva.** Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, México.
"Las porinas OmpS1 y OmpS2 como antígenos protectores contra la fiebre tifoidea".

**29 de Agosto**
**Dr. Miguel O´Ryan.** Facultad de Medicina. Universidad de Chile. Santiago, Chile. oryanmiguell@gmail.com
"Comprensión e implicancias de la interacción entre rotavirus, norovirus, y *Helicobacter pylori* y el hospedero durante la niñez: la relevancia de estudios de cohorte".

**26 de Septiembre**
**Dr. Jaime Tobar.** Gerente Investigación y Desarrollo Biológico, Centrovet. jtobar@centrovet.com
"*Piscirickettsia salmonis*: variabilidad, especificidad y herramientas para el desarrollo de vacunas efectivas".

**24 de Octubre**
**Dr. Miguel Martínez Poblete.** Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. mimartin@udec.cl
"Entre lagos y hielos: La Patagonia y la antártica un fascinante hábitat bacteriano".

**21 de Noviembre**
**Dr. Franck Molina.** SysDiag UMR3145 CNRS/Bio-Rad, Montpellier, Francia. franck.molina@sysdiag.cnrs.fr
"Synthetic biology: challenge and hope of bacterial engineering".

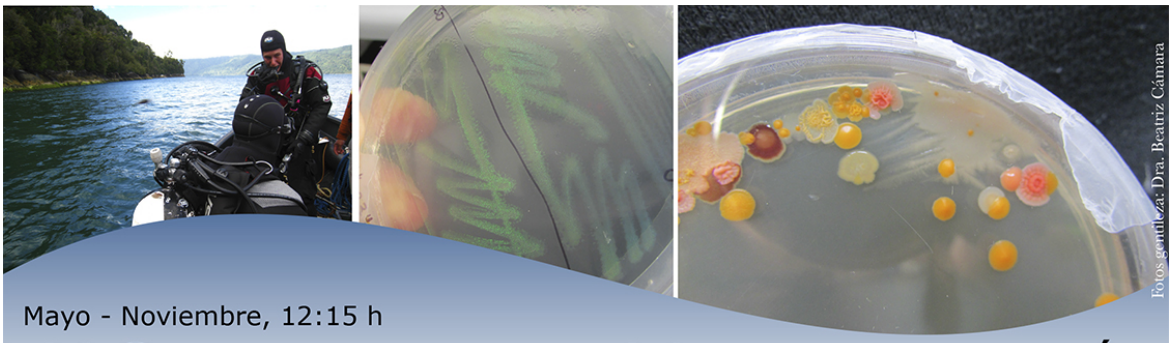
Sala B201, Edificio 210
Facultad de Ciencias Biológicas, PUC
Av. Portugal 49, Santiago
(18:30 hrs.)

Contacto
http://coloquios.somich.cl
coloquios@somich.cl

Organiza: SoMCh Sociedad de Microbiología de Chile

Auspicia: Roche

Agradecimientos: CAMPUS FRANCE campusfrance.org CHILE; UdeSantiago; VRIDEI Vicerrectoría de Investigación, Desarrollo e Innovación; Pontificia Universidad Católica de Chile



Fotos gentileza: Dra. Beatriz Cámara

Mayo - Noviembre, 12:15 h

# X Coloquios de Microbiología Valparaíso 2013

**Jue 23 de mayo** Auditorio Principal, Casa Central, UTFSM
*A short history about a big amazing bug*
**Dra. REBEKKA BIEDENDIECK,** Technical University of Braunschweig, Braunschweig, Alemania

**Jue 4 de Julio** Auditorio Principal, Casa Central, UTFSM
*Aplicaciones de la proteómica para el estudio de los microorganismos*
**Dr. GABRIEL PADRÓN**, Centro de Ingeniería Genética y Biotecnología, La Habana, Cuba

**Jue 12 de Septiembre** Auditorio B, Facultad de Farmacia, UV
*Piscirickettsia salmonis: variabilidad, especificidad y herramientas para el desarrollo de vacunas efectivas*
**Dr. JAIME TOBAR,** Gerente Investigación y Desarrollo Biológico, Centrovet, Santiago

**Vie 22 de Noviembre** Auditorio V Centenario, Casa Central, PUCV
*Biología Sintética: Desafíos y proyecciones de la ingeniería bacteriana*
**Dr. FRANCK MOLINA,** CNRS/Bio-Rad, Montpellier, Francia

**Jue 13 de Junio** Auditorio Principal, Casa Central, UTFSM
*Hantavirus en Chile: Unificando genoma, epidemiologia y evolución*
**Dr. FERNANDO TORRES,** Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso

**Jue 8 de Agosto** Auditorio Principal, Casa Central, UTFSM
*Dinámica de comunidades microbianas en salares andinos con énfasis en el ciclo de nitrógeno*
**Dra. VERONICA MOLINA,** Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello, Santiago

**Jue 24 de Octubre** Auditorio Principal, Casa Central, UTFSM
*Biopelículas y biolixiviación: El desafío de caracterizar los mecanismos moleculares involucrados en la colonización de los minerales*
**Dr. NICOLAS GUILIANI,** Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago

**Patrocinio**

Diseño:VMC/MSP

**Auspicio:**
Sociedad de Microbiología de Chile
Centro de Nanotecnología y Biología de Sistemas-UTFSM
Perkin-Elmer Chile Ltda.

**Organizan:**
Dr. Michael Seeger Pfeiffer
Dr. Juan Kuznar Hammarstrand
Dr. James Robeson Camus

# III Workshop

## "Ecología microbiana: interacciones y complejidad funcional"

"Microbial Ecology: interactions and functional complexity"

**Antofagasta, Martes 12 de Noviembre de 2013**

**15:00 – 19:00**

**Lugar: Auditorio Biblioteca Central, Universidad de Antofagasta**

Organiza: Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta & Centro de Bioinnovación, Universidad de Antofagasta

**15:00-15:10** Palabras de Bienvenida "Impacto de la Ecología Microbiana en el entendimiento de los ecosistemas". Dra. Cristina Dorador, Universidad de Antofagasta.

**15:10-15:30** "Complex interactions of ultraviolet radiation and environmental parameters on microbial production". Dr. Wade Jeffrey, University of West Florida, Estados Unidos

**15:30-15:50** "Análisis y reflexiones sobre el destino del amonio en humedales altiplánicos; el rol de comunidades microbianas diversas". Dra. Verónica Molina, Universidad de Playa Ancha.

**15:50-16:10** "La Ecología de las enfermedades". Dr. Francisco Chávez, Universidad de Chile.

**16:10-16:30** "¡Vota por la Integración! Interacciones Tritróficas entre Microorganismos, Insectos y Plantas". Dr. Cristian Villagra, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.

**16:30-16:50** "Ensuciamiento microbiológico en membranas de Osmosis Reversa: Planta desaladora de San Pedro de Atacama como caso de estudio". Dr. Francisco Remonsellez, Universidad Católica del Norte.

**16:50-17:10** Pausa café

**17:00-18:45** Mesa redonda "Avances de la Ecología Microbiana en Chile: casos Altiplano Chileno y fiordos de la Patagonia". Klaudia Hernández, Universidad Austral de Chile; Cristina Dorador & Martha Hengst, Universidad de Antofagasta; Verónica Molina, Universidad de Playa Ancha; Yoanna Eissler, Universidad de Valparaíso; Lasse Olsen, NTNU, Noruega.

**18:45-19:00** Cierre

Auspicia: Fondecyt 1110953, 1110824, 11110190
MEC-PAI CONICYT 80100018; Proyecto Vinculación UA; FIC-R 31101243; SOMICH

LABORATORIO DE COMPLEJIDAD MICROBIANA Y ECOLOGIA FUNCIONAL

UA Universidad de Antofagasta

Centro de Bioinnovación Antofagasta CBIA

SOMICH Sociedad de Microbiología de Chile

CONICYT Ministerio de Educación Gobierno de Chile

LABORATORIO DE COMPLEJIDAD MICROBIANA Y ECOLOGIA FUNCIONAL
UA Universidad de Antofagasta
Centro de Bioinnovación Antofagasta CBIA
SoMCh
Sociedad de Microbiología de Chile
CONICYT
III Workshop
"Ecología Microbiana: Interacciones y complejidad funcional"
"Microbial Ecology: interactions and functional complexity"
Antofagasta, Martes 12 de Noviembre de 2013
15:00 – 19:00
Lugar: Auditorio Biblioteca Central, Universidad de Antofagasta
Organiza: Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta & Centro de Bioinnovación, Universidad de Antofagasta

# ÍNDICE DE AUTORES

Abalos P 346
Abarzúa Leslie 171
Aburto Carla 149
Acevedo A 150
Acevedo Francisca 174
Acevedo Mónica L. 357
Acosta E 202
Acosta Mauricio 165
Acuña Caludio 107
Acuña L. G. 111
Acuña Lillian Gabriela 91
Acuña Marco 298
Acuña Rodrigo 58
Aguayo C. 241
Aguayo Daniel 192, 287
Aguayo Elizabeth 151
Aguayo F 114
Aguayo Fransisco 352
Aguayo P 117
Aguayo Paulina 222
Águila Patricia 209
Aguilar Pablo 173, 249, 250, 251, 270
Aguilera O 121, 143
Aguilera P 99, 203, 204
Aguilera Paulina 271
Aguirre Carolina 304
Albers Sonja 66
Alcaino J 65, 148
Alcaino Jeniffer 305
Alcamán M. Estrella 102
Alcayaga Valezka 205
Aldea Patricia 224
Alkema M 62
Allen Eric E. 266
Allende Miguel A 332
Almonacid L 152
Almonacid Leonardo 158
Altamirano C 153, 154
Altamirano Claudia 276
Álvarez Ricardo 95, 126
Alvarez Sergio 333
Álvarez Sergio A 341
Álvarez Sergio A. 325
Alvéstegui Alejandra 341
Alviz Pablo 162, 206
Amiard Véronique 174
Ampuero S 104
Andrews B 32
Andrews-polymenis H 116
Andrews-polymenis Helene 333, 341
Andriguetti C 104
Annette Trombert 194
Aquili V 311
Aquili Virginia 310, 312, 330, 338
Arán Pablo 188
Arancibia C 253
Arancibia M. 241
Arancibia WIlliams 155
Arancibia Yennyfer 348, 358, 361
Araneda C 147
Arango Arteaga Myrtha 303
Araos S 121
Areche Carlos 173
Arellano Carolina 326
Arenas F 156, 157
Arenas M 156, 157
Argandoña Yerko 109
Aroca Germán 150, 171
Aros Camila 153
Arriagada C 158
Arriagada Cesar 152
Arriagada G 41
Arriaza F 169
Asenjo J 32
Atria Ana María 142
Avello Lorca Marcia 129
Avendaño LF 291, 363
Avendaño-herrera Ruben 182
Avila Claudia 321
Badilla C. 307
Baez M 133
Baeza Alvaro 132, 319
Baeza C 307
Baeza M 148
Baeza Marcelo 305
Balagué C 311
Balagué Claudia 310, 312, 327, 330
Balagué. Claudia 338
Ballester-tomas Lidia 47
Bárbara Léniz 71
Barra Patricio 207
Barra Ricardo 222
Barrera Sebastian 153
Barrera V 346
Barrientos Magaly 352
Barrientos Monica 208
Barriga Gonzalo 58
Barros Javier 231
Beard Simon 266
Becerra Jose 222
Beiza A 230
Belezaca Carlos 208
Beltrán Claudia 164, 190
Beltran Gemma 45
Beltrán Sebastián 194, 322
Bergman Cristian 194, 322

Abalos P 346
Abarzúa Leslie 171
Aburto Carla 149
Acevedo A 150
Acevedo Francisca 174
Acevedo Mónica L. 357
Acosta E 202
Acosta Mauricio 165
Acuña Caludio 107
Acuña L. G. 111
Acuña Lillian Gabriela 91
Acuña Marco 298
Acuña Rodrigo 58
Aguayo C. 241
Aguayo Daniel 192, 287
Aguayo Elizabeth 151
Aguayo F 114
Aguayo Fransisco 352
Aguayo P 117
Aguayo Paulina 222
Águila Patricia 209
Aguilar Pablo 173, 249, 250, 251, 270
Aguilera O 121, 143
Aguilera P 99, 203, 204
Aguilera Paulina 271
Aguirre Carolina 304
Albers Sonja 66
Alcaino J 65, 148
Alcaino Jeniffer 305
Alcamán M. Estrella 102
Alcayaga Valezka 205
Aldea Patricia 224
Alkema M 62
Allen Eric E. 266
Allende Miguel A 332
Almonacid L 152
Almonacid Leonardo 158
Altamirano C 153, 154
Altamirano Claudia 276
Álvarez Ricardo 95, 126
Alvarez Sergio 333
Álvarez Sergio A 341
Álvarez Sergio A. 325
Alvéstegui Alejandra 341
Alviz Pablo 162, 206
Amiard Véronique 174
Ampuero S 104
Andrews B 32
Andrews-polymenis H 116
Andrews-polymenis Helene 333, 341
Andriguetti C 104
Annette Trombert 194
Aquili V 311
Aquili Virginia 310, 312, 330, 338
Arán Pablo 188
Arancibia C 253
Arancibia M. 241
Arancibia WIlliams 155
Arancibia Yennyfer 348, 358, 361
Araneda C 147
Arango Arteaga Myrtha 303
Araos S 121
Areche Carlos 173
Arellano Carolina 326
Arenas F 156, 157
Arenas M 156, 157
Argandoña Yerko 109
Aroca Germán 150, 171
Aros Camila 153
Arriagada C 158
Arriagada Cesar 152
Arriagada G 41
Arriaza F 169
Asenjo J 32
Atria Ana María 142
Avello Lorca Marcia 129
Avendaño LF 291, 363
Avendaño-herrera Ruben 182
Avila Claudia 321
Badilla C. 307
Baez M 133
Baeza Alvaro 132, 319
Baeza C 307
Baeza M 148
Baeza Marcelo 305
Balagué C 311
Balagué Claudia 310, 312, 327, 330
Balagué. Claudia 338
Ballester-tomas Lidia 47
Bárbara Léniz 71
Barra Patricio 207
Barra Ricardo 222
Barrera Sebastian 153
Barrera V 346
Barrientos Magaly 352
Barrientos Monica 208
Barriga Gonzalo 58
Barros Javier 231
Beard Simon 266
Becerra Jose 222
Beiza A 230
Belezaca Carlos 208
Beltrán Claudia 164, 190
Beltran Gemma 45
Beltrán Sebastián 194, 322
Bergman Cristian 194, 322

Berríos D 203, 204
Bijman Jonathan 219
Bittner Mauricio 187, 192
Björkström Niklas K. 59
Blondel Carlos 333
Blondel Carlos J 341
Blondel CJ 116
Bonnefoy Violaine 165
Borie C 177
Borie Consuelo 320
Borie F 203, 204
Bórquez Rodrigo 193
Bourdeu Ignacio 195
Braun Monika 59
Bravo Claudio 209
Bravo J 177
Bravo Jaime 124, 155, 170
Bravo Scarleth 265
Bravo-toncio Catalina 288, 295
Brevis Azócar Pedro 302
Brevis P 300, 309
Briceño G 240
Briones Alan 275, 280
Bruno Maria Jose 359
Bueno Susan 344
Bueno Susan M 108, 345
Bulling Manuela 58
Bustamante Luis 115
Bustamante M 159
Bustamante P 93, 272
Bustos Ingrid 317
Caamal-ley A 308, 323
Cabello CARLOS 349, 356
Cabezas Carolina 275, 280, 285
Cachicas V 81, 350
Calderón I. L. 92, 111
Calderón Iván L. 95, 126, 275, 280, 285
Calderón Iván Luis 111
Calderón P. F. 111
Calixto A 63
Calixto Andrea 118, 265, 293, 296
Calva Edmundo 280
Calvo M 57
Calvo Mario 298, 347
Camara B 98
Cámara Beatriz 141, 212
Camponovo Rosanna 283
Camponovo Rossana 339
Campos Daniela 174
Campos Verónica 339
Campos-vargas Reinaldo 139
Campusano A 201
Campusano Alexis 201
Caporaso Gregory 119
Caprile L 311
Caprile Luis 312, 330
Cárdenas F 160, 209
Cardenas Felipe 113
Cárdenas Franco 119
Cárdenas Juan Pablo 256
Cardona S 78
Cardoso Coimbra M 161
Carrasco Diana 299
Carrasco Margarita 355
Carriel A 57
Carrillo D 114, 352
Cartes C 127
Cartes Carlos 329
Carú Margarita 218
Carvajal Mauro 144, 146
Carvajal S 57
Casabonne C 311
Casabonne Cecilia 310, 312, 327, 330
Castillo A 138, 255
Castillo Antonio 105
Castillo E 254
Castillo Eduardo 132, 213, 319
Castillo F 210
Castillo Luis 144, 146, 155
Castillo Nara Antonio 145
Castillo P 300, 309
Castillo Rodrigo 341
Castro J 274
Castro Matias 162, 273
Castro Retamal Miguel Enrique 145
Cerda-leal Fabiola 163
Chain P 33, 54
Chamy Rolando 186
Chávez D 301
Chávez Daniel 151
Chavez Francisco P. 61, 288, 293, 295, 296, 332
Chávez R 230
Chávez Renato 105, 211, 306
Cheng P 116
Chiva Rosana 45
Cifuentes V 148
Cifuentes Víctor 279, 305
Cifuentes-muñoz Nicolás 58
Claverías Fernanda 141, 212
Cofre-araneda Glenda 289
Collado Luis 112, 264
Collao B 92
Collao B. 111
Collao Bernardo 95, 111, 126, 275, 280, 285
Colombo Laura 312
Comba Eduardo 310

Concha Margarita 358
Conejeros Pablo 101
Conejeros Raúl 150
Contreras A 48
Contreras Alejandra 163
Contreras I 31, 116
Contreras Inés 325, 333, 341
Contreras Mackarena 103
Contreras Oscar 128
Contreras Paulina 129
Córcoles-sáez Isaac 47
Cordero Ninoska 132, 213, 282, 319
Cornejo D 214, 215
Cornejo F 156
Cornejo P 203, 204
Cornejo Pablo 152
Correa P 291
Corsini G 133
Corsini Gino 134, 142
Cortés C 216
Cortes J 217
Cortés-cortés P 133
Costa Marcia 209
Cottet L 138
Cottet Luis 105
Cristian Venegas 71
Crowley David E. 239
Cubillos F 121
Cubillos FA 260
Cubillos Francisco A. 46
Cuellar Mauricio 137
Cuevas Alexei 106
Cuevas Raphael 164, 190
Cuiza A 57
Cuiza Analia 298, 347
Curtis R 29
Curtiss Iii Roy 336
De Armas Merly 218
De La Cruz Fernando 225
Del Canto Felipe 97, 326
Del Canto Gustavo 151
Demanet R 240
Demergasso Cecilia 165, 219
Denardo Dale 336
Desai P 116
Di Paolo Julia 327
Diaz A 179, 353, 362
Diaz Angelica 299
Díaz Diego 79
Diaz Ignacia 336
Diaz M 175
Diaz Marcela 164, 189, 190
Diaz P 110
Diaz W 156, 157
Diaz-garcía Javier 277
Díez B 102
Díez Beatriz 227
Diez Maria Cristina 189, 190
Ding Guochung 119
Donoso Raúl 64
Dorador C 52, 197, 214, 215, 216
Dorador C. 183, 243
Dorador Cristina 167, 199, 202, 221, 229, 238, 248, 249, 270
Dos Santos Rodrigues Da Silva Crislen Daniele 200
Dougnac C 346
Duarte S 253
Durán Claudia 326
Durán Yerson 225
Dusso D 311
Dusso Diego 312, 330
Echeverría Alex 219
Echiburu-chau Carlos 137
Eissler Yoanna 101
Elizondo M 220
Elola A 355
Elola Ana 58
Encalada-gomez R 323
Escobar Alejandro 107
Escobar B 177
Escobar Carolina 128
Escobar Gisselle 339
Escudero L 235
Escudero Lorena 219
Espejo R 79
Espinoza C 169, 302
Espinoza Juan Carlos 101
Espinoza Karena 298
Espinoza Marlen 275, 280, 285
Espinoza Rodrigo 341
Estay Francisco 168
Evert-arriagada Katherine 96
Evrard Oscar 182
Eyheramendy Susana 298
Farfan M 290
Farfan Mauricio 328, 342
Farfán Mauricio J 297
Farias L 130, 350
Farias L. 241
Fernández A 253
Fernandez Camila 90
Fernandez H. 246
Fernandez Heriberto 232
Fernández J. 241
Fernández Oyarzún Paulina 133
Férnandez Paulina 134
Fernández Sofía 304

Fernandez T 240
Ferreira Henrique B. 182
Ferreira L 35
Ferrer Alonso 135, 284
Ferrer Javier 180, 193
Ferres M 57
Figueroa A 254
Figueroa G 236, 254
Figueroa Guillermo 140, 184, 213, 226, 282, 319
Figueroa J 127
Figueroa Jaime 106, 113, 329, 343
Figueroa L 230
Flores M 230
Flores R 120
Flores S. 246
Flores Sandra 232
Fortt Jonathan 270
France A 274
Francois S.E. 310
Frávega Jorge 126
Fredes F 346
Fresno M 346
Fresno Marcela 263
Fuentealba Pablo 276
Fuentes A 118
Fuentes Alejandra 152, 158
Fuentes Arlene 301
Fuentes Gonzalo 221
Fuentes J 268, 324
Fuentes J. A. 258, 269
Fuentes J.A. 334, 335
Fuentes JA 262, 267
Fuentes Sebastian 119, 209
Fuentevilla Ignacio 192
Gadiel Alarcón 71
Gahona G 176
Galarce N 177
Gallardo C 89
Gallardo M 88
Gallardo Nelson María Jose 195
Gallardo Patricia 140
Galleguillos Pedro 165
Galvan Miguel A 356
Galvan MIGUEL ANGEL 349
Gálvez Nicolas 134
Gálvez R 55
Ganga A 259
Ganga M.A 147
Ganga M.A. 143
Ganga MA 48
Gangas Peña María Victoria 145
Garay G 34
García Apolinaria 115, 180, 181, 193, 316
García Cancino A 123
García Cancino Apolinaria 340
García Francisco 357
Garcia J 156, 176, 178
García Jonathan 217
García K 179, 353, 362
García Katherine 79
García María Pía 58
García V 48, 121, 143, 147, 259
Garcia-cruz Crispin Humberto 161, 200
García-gonzález Rodrigo 256
Garcia-gutierrez Karina 277
Garcia-marques Sara 47
García-rico Ramón-O 105
García-rico Ramón-O. 306
Garcias H 272
Garin A 197
Garmendia M Luisa 359
Garrido D 94
Gatica MA 130
Gianelli María-Pía 163
Gil F. 92, 111
Gil Fernando 95, 111, 126, 275, 280
Gil Fernardo 285
Gil-durán Carlos 105, 306
Godoy Roberto 208
Gomez Londono Luisa Fernanda 303
Gómez María Paz 250, 251
Gomez-de León Patricia 277
González A 311
González Agustina 312, 330
Gonzalez Bernardo 64
Gonzalez Carlos 222, 223
Gonzalez Carolina 53, 257
González Correa C 123
González D 48
Gonzalez F 350
Gonzalez Leonel 201
Gonzalez Mario 232
González Myriam 141, 160, 196, 198, 212
González P 67
Gonzalez Paulina 222
Gonzalez Susana 112
Gornall V 346
Gran A 89
Guamis Buenaventura 96
Guerra Matias 223
Guerrero Cecilia 149, 166
Guerrero Patricio 95, 126
Guevara Felipe 168
Guiliani Nicolas 162, 273
Guillamón J 45
Guiñez E 179

Gupta Shawon 59
Gutiérrez Alicia 45
Gutierrez C 86
Gutiérrez Daniela 326
Gutiérrez Díaz Jorge 302
Gutíerrez Javier 231
Gutierrez Luz Adriana 131
Gutierrez Ramirez Luz Adriana 313
Gutierrez S 346
Guzmán Darwin 257
Guzmán Fanny 128
Harth-chu E 314
Haussmann D 127
Haussmann Denise 113, 343
Hebel Sonja 115, 180
Hengst M 210, 214, 215
Hengst Martha 167, 205, 248, 249
Hengst Martha B 228
Henríquez M 230
Henriquez MJ 236
Henríquez P 224
Henríquez T 104
Henríquez Tania 339
Henríquez Vitalia 128
Hermosilla Germán 283
Hermoso M 291
Hernandez E 237
Hernandez Evelyn 117, 222
Hernández K 214, 215
Hernández Klaudia 220
Hernandez M.F. 258, 262
Hernández Manuela 96
Hernandez Rondon Klaudia 247
Herrera Carolina 181
Hidalgo A.A 334
Hidalgo C 315
Hidalgo Catalina 244
Hidalgo Christian 182
Higuera G 179, 353
Hincapié Juan Esteban 131, 313
Hittner James B 298
Hjelle Brian 298
Hoare A 31
Hofer Bernd 160
Hoffman R 116
Holmes David 165
Holmes David S. 53, 172, 256, 257
Hott Melissa 358, 361
Huanca P 183
Huber Karen 320
Huerta Jaime 192
Huiliñir C 138
Ibañez D 253
Ibarra- Rendon Jorge Eugenio 277
Icaza G 238
Illanes Andrés 149, 166
Imarai Monica 107
Imhoff J 30, 49
Infante C 210
Infante Claudia 205, 228
Inostroza J 316
Inostroza Nitza 174, 207
Inzunza Lissy 233
Isla A 127
Isla Adolfo 329
Iturriaga Carolina 298
Izquierdo Mariana 290, 328
Jachlewski Silke 66
Jara M 253, 350
Jara M. 130, 241
Jara Ronald 112
Jeison David 244
Jer Gamal 185
Jimenez Alzate Maria Del Pilar 303
Jofré M.R. 334, 335
Jones J 82
Jorge Soto 352
Jorquera M 240
Jorquera Milko 174, 207, 239
Josa Diego 317
Junier P 50
Kalergis Alexis 344
Kalergis Alexis M 108, 345
Karunasagar I 80
Kempaiah Prakasha 298
Kessi-pérez EI 260
Kilbourne Jacquelyn 336
Klingström Jonas 58, 59
Kreth Jens 279
Kuznar Juan 101
Lagos Claudio 152, 158
Lagos F 127
Lagos Fernando 329
Lagos Lorena 239
Lagos R 99
Lagos Rosalba 109, 261, 271
Lagües Yanssuy 144, 146
Laich Federico 211
Lanino P 57
Lapierre L 130
Lara Jonathan 231
Larini Silvia 312
Larrañaga C 104, 291, 360, 363
Larrañaga Carmen 359
Latorre Yesenia 154
Leal C 157

Lecaros Constanza 332
Lecocq Claudio 321
Ledger Thomas 64
Lefimil C. 278
Lefimil Claudia 279
Leiva Lorenzo 333
Leiva-novoa Pablo 64
León Joice 250, 251
León O 357
León Oscar 352
Levicán Gloria 103, 135, 281, 284
Levipan Héctor 90, 234
Leyton Luis 358
Lillo P 346
Lissi E 74
Liti Gianni 46
Lizama L 104
Ljunggren Hans-Gustaf 59
Lody Mario 228
López Gabriela 163
López M 147
Lopez Mercedes 107
Lopez Paulina 299
Lowry Dave 137
Loyola David 79
Lozach Pierre-Yves 58
Lozano C. 278
Lozano Carla 279
Luchsinger V 291, 359, 360
Luchsinger V. 363
Lucy Belmar 71
Luraschi Roberto 275, 280, 285
Machuca Ángela 151, 301, 304
Maldonado S 124
Maldonado Stefanie 124, 155, 170
Mancilla R 186
Mancilla Rita 298
Manjarrez Ma Eugenia 356
Manjarrez MARIA EUGENIA 349
Mansilla Aquiles 326
Mansilla R 57
Manuel Álvarez Lobos 345
Marcela Ferres 298
Marchant Francisca 167
Marco C 57
Marco Claudia 298
Marcoleta A 99
Marcoleta Andrés 109, 261, 271
Mardones Gonzalo 348, 361
Mardones Paula 333, 341
Marileo L 240
Marin M 99
Marquez Barbara 282
Márquez Chantal 58
Marshall Sergio 276
Martin Carolina 348, 358, 361
Martin Taylor 336
Martinez C 48, 121, 143, 147, 259, 260
Martínez Claudio 143
Martinez Irene 153, 154, 168
Martínez MC 253, 350
Martínez MC. 130, 241
Martinez Miguel 222, 223, 231, 237
Martínez Rodrigo 326
Martínez-valdebenito C 57
Maruyama Fumito 239
Mattos-graner R 314
Mayol A 85
Mcclelland M 116
Mcclelland Michael 285, 341
Mcewen Ochoa Juan Guillermo 303
Mcmanus Marcela 187, 192
Medina Exequiel 105, 306
Medina G. 246
Medina Gustavo 232
Mejia Fidencio 356
Mejías F 88
Mellado Marco 137
Mendez-aragón P 308
Mendoza Leonora 135, 136
Mercado G 99
Mertz G 57
Mertz Greg 298
Mertz Gregory 347
Meza Camila 158
Meza Pablo 195
Michael Seeger 206
Migliore L 311
Migliore Leonel 312, 330, 338
Milla K 242
Miranda Alfonso 339, 341
Miranda Carol 201
Miranda-cardenas Camila 292
Molina Cristian 331
Molina F 28, 56
Molina Trincado Verónica 247
Molina V 51, 214, 215
Molina V. 243
Molina Verónica 90, 167, 220, 234, 245
Molina-quiroz R 116
Molina-quiroz R.C. 331
Molinet J 147
Monasterio O 99
Monasterio Octavio 109, 271, 365
Monrás J 89
Montecinos Felipe 365

Montero David 97
Montiel E 243
Mora G 268
Mora G. C. 269
Mora G.C 335
Mora G.C. 267
Mora GC 262, 267, 324
Mora Guido C 341
Mora Guido Carlos 269
Mora M,L 240
Mora M.Luz 239
Morales E. H. 92, 111
Morales Eduardo 174
Morales Eduardo H. 95, 275, 280, 285
Morales I. 278
Morales Irene 279
Morales O 253, 350
Morales O. 241
Morales Paulina 113
Morales W 156
Moreira Benjamín 122
Moreno Luis 163
Muñoz C 169
Muñoz Camilo 244
Muñoz Claudia 287
Muñoz J.P 114
Muñoz Juan Pablo 352
Murillo A 71
Nataro James 290
Navarrete A 179, 353, 362
Navarrete Paola 299
Navarro Cristell 79
Navarro F 39
Navarro Fernando 290
Navarro K 123
Nicolas Guliani 206
Nieto Pamela 344
Nishibuchi M 83
Norambuena J 230
Norambuena Javiera 284
Novoa Catalina 166, 168
Núñez Gonzalo 261
Núñez M 122
Núñez Mauricio 252
Ojeda Claudia 128
Olave A. 278
Olivares Gabriela 325
Olsen Lasse 220
Opazo Rafael 294
Opazo Rafel 191
Órdenes N 89
Orell A 66
Orell Alvaro 66
Orellana O 93, 255, 272
Orellana Omar 120, 284
Orellana P. 307
Orellana Paz 97, 326
Orlando Julieta 218
Ortega A 262
Ortega A. 258, 267
Ortiz Carolina 107
Ortiz Del Rio Carolina 131, 313
Ortiz Javier 152, 158, 245
Ortiz Joe Fernando 313
Ortiz-severin Javiera 332
Osorio Gonzalo 322
Ossandón Bárbara 188
Ostrowski M 44
Osvaldo Ulloa 71
Otth C 43
Otth Carola 348, 358, 361
Otth L 246
Otto Caitlin 137
Oyarzo J. 246
Padola N 37
Paillavil Braulio 281
Palfner Götz 301
Palma Alejandro 234
Palma Eduardo 347
Palma G 240
Palma Lorena 294
Palominos MFernanda 293, 296
Parada José 142
Paramo IGNACIO 349
Pardo C 346
Pardo M 307
Pardo M. 307
Pardo Mirka 97, 326
Paredes R 315
Paredes Rodolfo 182
Paredes-sabja D 318
Paredes-sabja Daniel 289, 292
Park Jie-Yeun 336
Parts Leopold 46
Pastene Edgar 115
Pastene Navarrete Edgar 340
Pavez Pamela 223
Peceros Mesalina 225
Peeters Eveline 66
Pelaez Jaramillo Carlos Alberto 303
Peña Barbara 106, 343
Peña N 114
Peña Nelson 352
Peña-florín Hermann 247
Peñailillo Johany 325
Peñaloza H 344

Peralta Maria Jose 132, 319
Perea Jacqueline 317
Pereyra N.B. 310
Pérez J 248
Perez Jhonattan 205
Pérez Jorgelina 312
Perez Ruth 298, 347
Pérez S 362
Pérez Vilma 248, 249
Pérez-donoso J 89
Perkins Douglas J 298
Pettinelli Natalia 117
Pezoa D 116, 333
Pidone C.L. 310
Pinto Bernardo 333
Pinto C 156, 157
Pinuer Luis 115, 180, 181
Pizarro D 345
Pizarro Marjorie 218
Pizarro R 291, 363
Plaza D 89
Plaza Verónica 144, 146
Plaza-garrido A 318
Polanco Rubén 139, 185, 187, 192
Polz Martin 227
Porwollik S 116
Porwollik Steffen 285, 341
Poupin María Josefina 64
Pozo F 157
Prades Y 291, 363
Prieto Jose A 47
Puente J 40
Quatrini Raquel 91, 103, 120, 165, 273, 281
Queneau Yves 162
Quezada Manuel 321
Quiberoni Andrea 338
Quispe Javier 250, 251
Raggi Patricia 299
Ramirez A. Luz Adriana 313
Ramirez Carolina 294
Ramirez Luz Adriana 131
Ramirez M 350
Ramirez Pablo 225
Randez-gil Francisca 47
Regodeceves F 242
Reinders Jörg 106
Reinoso Guzmán Claudia Andrea 145
Remonsellez F 77
Remonsellez Francisco 173, 250, 251, 270
Repetto Gabriela 298
Retamal P 346
Retamal Patricio 263
Retamales Julio 182
Reyes Angélica 140, 226
Reyes-jara Angélica 132, 184, 213, 282, 319
Rioseco Maria Luisa 298
Riquelme C 210
Riquelme Carlos 172, 201, 205, 228, 244
Riquelme Sebastián A 108
Rivas E 133, 134
Rivas Lina María 283
Rivas Mariella 172, 201, 244
Rivera Juan Carlos 298
Rivera-araya Javier 284
Roberts R 87
Robeson J 177, 320
Rodriguez A 170
Rodriguez Fernanda 287
Rodríguez L.M. 334, 335
Rodriguez Sebastian 250, 251
Rojas C 252
Rojas Luis 206, 209
Rojas M C 148
Rojas Verónica 128
Rojas-aedo JF 253, 350
Rojas-aedo JF. 241
Romero I 148
Romero J 179, 294, 353, 362
Romero Jaime 191
Romero Karina 189
Rosete DORA 349
Rossetti Alessandra 339
Rubilar Olga 164, 189, 190
Ruiz Fernando 290
Ruiz M 291, 363
Ruiz-tagle Nathaly 171
Saavedra C 75
Saavedra C. P. 111
Saavedra Claudia P. 95, 126, 275, 280, 285
Saavedra Claudia Paz 111
Saavedra R 316
Sabag Andrea 341
Sabbah Mohamad 162
Salas Cristian 137
Salas Joan 191
Salas Loreto 286
Salazar Francisco 344, 345
Salazar G 108
Salazar Javier 192, 287
Salazar Juan 97
Salazar O 272
Salazar-quiroz N 364
Salazar-quiroz Natalia 58
Salcedo C. A. 269
Saldias M 321
Salgado Oscar 264

Salinas Francisco 46
Salinas Hernán 95, 111
Salinas-grenet H. 111
Salinas-grenet Hernán 275, 280, 285
Saludes María José 226
Salvador Ramírrez-Flandes 71
Sánchez Manuel 187, 192
Sanchez P 254
Sandino AM 169
Sandoval Álvaro 284
Sanhueza Cynthia 227
Sanhueza Enrique 180, 193
Sanhueza L 135, 136
Sanhueza Loreto 136
Santander J 337
Santander Javier 118, 137, 336, 337
Santiago R 138
Santiviago C 116
Santiviago Carlos 331, 333
Santiviago Carlos A 341
Santiviago Carlos A. 325
Saona L 89
Saveedra C. P. 92
Schalles Sven 66
Seeger M 76
Seeger Michael 119, 141, 160, 196, 198, 209, 212
Segovia C 194, 322
Segovia María José 321
Segovia Natalia 124
Sepulveda Cristian 205, 228
Sepúlveda Felipe 139
Serrano M 229
Severino Esteban 173
Shene C 159
Siches I 360
Siches Izkia 359
Siebers Bettina 66
Silva CA 116
Silva Cecilia 325, 331
Silva Cecilia A 341
Silva Juan 283, 339
Silva M 360
Silva Matias 359
Smalla Kornelia 119
Smith P 114
Snoeijs Pauline 227
Solari V. 307
Soto Daniel 352
Soto L 89
Soto M 350
Soto Maria Lorenza 113
Soulère Laurent 162
Spira Beny 332
Spoleti M 311
Spoleti Maria Julia 312
Staforelli Juan 231
Staforelli Juan Pablo 195
Stipp N. R 314
Stoll A 124
Stoll Alexandra 155, 170
Stoltz Malin 59
Straub Y 89
Subils T 311
Subils Tomás 310, 312, 327, 330, 338
Sundström Karin B. 59
Tabilo-munizaga Gipsy 163
Taliercio F. 278
Tapia C 204
Tapia Constanza 203
Tapia David 101
Tapia Paz 257
Tártara G.P. 310
Taylor Maria Lucia 303
Teichmann Aline 182
Tello M 169
Tello Mario 120
Tempio Fabian 107
Timmermann Tania 64
Tischler N 364
Tischler Nicole 58, 59, 355, 364, 365
Tobar H 68
Toledo Adriana 304
Toledo V. 278
Toledo Viviana 97
Tomat David 327, 338
Toro Cecilia 110, 283, 339
Torres A 38
Torres A. 307
Torres Alfredo G 297
Torres Eillen 115
Torres Fernandp 347
Torres Gomez Isaura Patricia 303
Torres Pamela 101
Torres Vallejos Eillen 340
Tortella Gonzalo 164, 189
Trench Stephanie 205
Trench Stephanie 228
Trombert A. Nicole 265
Trombert Annette 224, 322
Troncoso M 236
Troncoso Miriam 140, 184, 213, 226, 282, 319
Trujillo Antonio 96
Turra G 177
Turra Gabriel 320
Ugalde Juan A. 72, 266
Ulloa J 57

Ulloa Maria Teresa 110, 283, 339
Ulloa O 69
Undabarrena Agustina 141, 212
Uribe Eduardo 191
Uribe Paulina 79
Urra Sylvana 275
Urrejola Catalina 286
Urrutia Homero 171
Urrutia I. M. 269
Urrutia IM 262, 267
Urtuvia Viviana 196, 198
Urzúa B. 278
Urzúa Blanca 279
Urzúa U 114
Urzúa Ulises 114
Urzua Victoria 294
Vaca I 230
Vaca Inmaculada 105, 211, 306
Valdebenito-rolack Emky 171
Valdes Jorge 53, 257
Valdes Natalia 79
Valdivia Mauricio 287
Valdivieso F 57
Valdivieso Francisca 60, 298, 347
Valencia Elba 356
Valenzuela B 176, 178, 242
Valenzuela Bernardita 217
Valenzuela Camila 325, 341
Valenzuela Eduardo 208
Valenzuela L 268
Valenzuela L. M. 269
Valenzuela LM 267
Valle Leticia 356
Valpuesta J.M. 99
Varas M 288
Varas Macarena 295
Vargas J 156
Vargas-gonzalez A 308, 323
Vásquez Abel 352
Vasquez C 73, 156, 157
Vásquez Claudio 287
Vásquez P 360
Vásquez Patricia 359
Vassen Victoria 66
Vega G 350
Velásquez D 300
Velásquez Felipe 325
Velásquez JC 324
Velez Antonio 191
Vera Carlos 166
Vera H 172
Vera Tamara 106, 329
Verdugo Lidia 293, 296
Vergara Alejandra 297
Vial C 298
Vial Cecilia 347
Vial PA 57
Vial Pablo 298
Vicencio P 346
Vicuña Rafael 286
Vidal Bianca 208
Vidal R. 307
Vidal Roberto 97, 297, 326
Villagrán Sergio 231
Villalobos A 197
Villalón Fernando 58, 355, 365
Villanueva Maria Paz 232
Villanueva R 42
Villarreal P 305
Villarroel J 360
Villarroel Javier 359
Villegas P 196, 198
Von Dassow Peter 70
Warringer Jonas 45
Wiese G 142
Wilhelm Jan 298
Wilkens Marcela 135, 136
Wilson Lorena 149
Wilson Myra 232
Wong Genezareth 128
Yanine Salvador Diana 302
Yañez Alejandro 113
Yáñez Carolina 122, 233, 252
Yáñez Dominique 342
Yañez Jorge 316
Yepsen Daniela 234
Zadjelovic Vinko 199
Zamorano P 176, 178, 242
Zamorano Pedro 217
Zapata Claudia 103, 284
Zapata Javier 245
Zapata Manuel 172, 201, 244
Zapata Robin 284
Zapata Robinson 135
Zenis Camilo 219
Zhang Y 116
Zhao M 116
Zúniga Ana 64