



Sociedad de Microbiología de Chile

Congreso Digital **SOMICH**

2, 3 y 4 de Diciembre 2020

Libro de resúmenes

① MÁS INFORMACIÓN EN SOMICH.CL



CONGRESO DIGITAL
Somich 2020
**XLII Reunión Anual de la Sociedad
de Microbiología de Chile**
2, 3 y 4 de Diciembre

DIRECTIVA / COMITÉ ORGANIZADOR



Presidenta

Dra. Claudia Saavedra

Profesora Titular
Facultad de Ciencias Biológicas
Universidad Andrés Bello



Vicepresidente

Dr. Fernando Valiente-Echeverría

Profesor Asociado
Programa de Virología
ICBM, Facultad de Medicina
Universidad de Chile



Tesorero

Dr. Luis Castillo

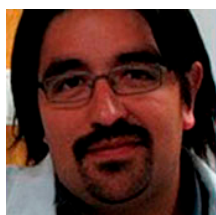
Profesor Asociado
Departamento de Biología
Facultad de Ciencias
Universidad de La Serena



Secretaria

Dra. Susan Marcela Bueno Ramírez

Profesor Asociado
Departamento de Genética Molecular
y Microbiología, Facultad de Ciencias
Biológicas, Pontificia Universidad
Católica de Chile



Director

Dr. Francisco Remonsellez

Profesor Asociado
Departamento de Ingeniería
Química
Facultad de Ingeniería y Ciencias
Geológicas
Universidad Católica del Norte



Director

Dr. Juan Carlos Salazar

Profesor Asociado
Programa de Microbiología y
Micología
ICBM, Facultad de Medicina
Universidad de Chile



Director

Dr. Mario Tello

Profesor Asistente
Centro de Biotecnología Acuicola,
Facultad de Química y Biología,
Universidad de Santiago de Chile



Director

Dr. Renato Chavéz

Profesor Asociado
Facultad de Química y Biología
Universidad de Santiago de Chile

COMITÉ EDITOR

- Renato Chavéz
- Juan Carlos Salazar
- Fernando Valiente

COMITÉ EVALUADOR

- Cecilia Toro
- Claudia Lefmil
- Felipe Del Canto
- Francisco Remonsellez
- Juan C. Salazar
- Luis Castillo
- Mario Tello
- Renato Chávez

CONFERENCIAS



Infection biology in the era of microbiomes: the *Listeria* paradigm

Pascale Cossart¹.

(1) Institut Pasteur, 25 rue du docteur Roux, Paris 75015

During more than three decades, the intracellular bacterium *Listeria monocytogenes* has been our tool to investigate the molecular and cellular basis of infections by intracellular bacteria. This food-borne pathogen disseminates from the gut to the brain and the placenta providing an interesting way to address several questions such as how bacteria cross host barriers, and survive in different niches of the body and how cells react when invaded by a bacterium. These investigations have led to general concepts not only in infection biology but also in cell biology, epigenetics and fundamental microbiology. Some of our recent studies have shed light on fundamental aspects of bacterial physiology such as novel RNA-mediated regulations/mechanisms, the first bacterial RNA-binding secreted protein, a never described mechanism of antibiotic resistance, a new component involved in mitochondrial fission and the targeting of specific bacteria in gut microbiotas by bacteriocins, revealing for example the intriguing role of *Prevotella copri*.



How co-morbidities affect disseminated infection with non-Typhi *Salmonella*

Renée Tsohis¹.

(1) Professor, Medical Microbiology and Immunology, University of California

In the developed world, infection with non-Typhi *Salmonella* comes mostly from food, and infected individuals, for the most part, develop diarrheal disease. Usually, the immune system contains these infections to the intestinal tract and the infection is self-limiting. However, in children in sub-Saharan Africa, *Salmonella* more frequently is able to spread from the intestine to the bloodstream, causing life-threatening disease. To understand why these children are less able to control *Salmonella* infection, we developed mouse models to study how epidemiologic risk factors for bloodstream infection such as malaria and malnutrition affect immunity to infection. Our results are showing that malaria and malnutrition suppress multiple host defenses at different body sites that are needed to resist or control infection with *Salmonella*. By understanding how pre-existing health conditions or infections compromise resistance to *Salmonella*, we hope to gain new insights into host defense against infection.



How has African *Salmonella* become so dangerous?

Jay Hinton¹.

(1) University of Liverpool, Institute of Infection, Veterinary and Ecological Sciences, Crown Street, Liverpool, United Kingdom

With 535,000 infections each year, invasive non-Typhoidal Salmonellosis (iNTS) has become a serious disease worldwide. In Sub-Saharan Africa, iNTS bloodstream infections with *Salmonella enterica* serovar Typhimurium are causing ~50,000 deaths annually. Co-infection with HIV or malaria in adults, and a young age (<5 years) are known risk factors. Using a combination of comparative genomics and comparative transcriptomics, we discovered phenotypic differences that distinguish African from global *Salmonella* pathovariants. All of the *Salmonella* transcriptomic data we have generated are now available online in a user-friendly website, allowing intra-strain and inter-strain comparisons of gene expression: http://bioinf.gen.tcd.ie/cgi-bin/salcom_v2.pl. Our analysis led us to identify a single core genome nucleotide responsible for the up-regulation of a single promoter in strain D23580 that controlled the expression of a *Salmonella* virulence factor, and offers part of the explanation of the pan-African epidemic of bloodstream infection. To broaden our understanding of the evolutionary dynamics of African *Salmonella*, we have just completed the 10,000 *Salmonella* genomes project involving 10,419 clinical and environmental isolates from low- and middle-income countries. This included the genome sequencing of the most comprehensive collection of blood-cultured *Salmonella* from Africa studied to date, spanning 1966 to 2018. Using these data, I will explain the crucial genetic events that occurred on the evolutionary pathway of invasive S. Typhimurium in Africa.

Jay Hinton is funded by a Senior Investigator Award from the UK's Wellcome Trust (106914/Z/15/Z).



COVID-19 therapies and vaccines

Adolfo García-Sastre¹.

(1) Professor of Medicine and Microbiology and co-director of the Global Health & Emerging Pathogens Institute at The Icahn School of Medicine at Mount Sinai in New York City

The COVID-19 pandemic caused by SARS-CoV-2 has triggered an unprecedented speed of research towards the development of new therapies and vaccines. I will discuss our approaches and advances for the rational discovery of novel antivirals against SARS-CoV-2, and for the advancement of a Newcastle disease virus based vaccine.

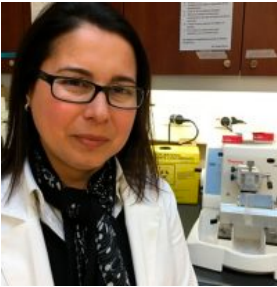


Extremófilos de Los Andes de Argentina a Chile. No todos los extremos son malos

Maria Eugenia Farías¹.

(1) Laboratorio de Investigaciones Microbiológicas de Lagunas Andinas (LIMLA), Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CCT, CONICET, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

En nuestro grupo de investigación LIMLA-PROIMI-CONICET con base en Tucuman, Argentina, llevamos 18 años explorando, relevando, estudiando y poniendo en valor la microbiología de los extremófilos de los salares andinos en Argentina Chile y Bolivia. Hemos llevado a cabo ciencia básica que ayudó a comprender, entre otras cosas, cómo se abrió camino la vida en el planeta primitivo respirando As hace más de 2000 millones de años. Hemos hecho de la ciencia una herramienta para la preservación de invaluables ecosistemas apenas conocidos hasta ahora. Hemos trabajado con las comunidades originarias de los Andes de Argentina y Chile para proponer un desarrollo sustentable de la biodiversidad enlazada a la preservación del medio ambiente, los desarrollos turísticos, el involucramiento en proyectos mineros y la educación ambiental. Hemos formado parte de una patente en biotecnología a partir de los extremófilos aplicada a detección de COVID19 y durante la pandemia hemos fundado la Start Up CKAPUR aplicada a desarrollos para el agro basada en los extremófilos de los salares. En esta conferencia pandémica voy a compartir mi experiencia científica y personal detrás de todos estos desarrollos. Porque si, de cambiar paradigmas se trata, déjenme contarles por qué NO TODOS LOS EXTREMOS SON MALOS.



Rol de células innatas anti-inflamatorias durante la neumonía bacteriana

Susan Bueno¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Av Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

La neumonía es una enfermedad infecciosa que se caracteriza por el rápido reclutamiento de células inflamatorias al pulmón. Este evento se considera clave para la eliminación del patógeno, sin embargo genera inflamación excesiva que puede resultar en un impacto negativo en el tejido pulmonar. Para contrarrestar la excesiva inflamación, existen diversas reacciones que se gatillan en el hospedero, dentro de las cuales se destaca la producción de Interleuquina-10 (IL-10). Esta citoquina de tipo anti-inflamatorio es producida por leucocitos y ha demostrado poseer un rol dual, dado que al contrarrestar la inflamación también puede interferir con la eliminación del patógeno. Dentro de las células capaces de producir esta citoquina en respuesta a procesos infecciosos están las células mieloides supresoras (MDSC), las que han sido ampliamente descritas en neumonía viral y más recientemente en neumonía de etiología bacteriana, donde demuestran un rol protector cuando son reclutadas de manera temprana. Otro tipo celular que produce niveles importantes de IL-10 durante la neumonía son los neutrófilos. Estas células han sido históricamente descritas como efectoras e inflamatorias en el contexto de infecciones bacterianas. Sin embargo, nuestros hallazgos recientes describen su capacidad de modular la respuesta inmune del hospedero en neumonía, mediante una producción temprana de IL-10. Esta versatilidad de los neutrófilos resulta paradójica, dado que en su rol efector favorece el daño al tejido del hospedero, pero en su rol regulador favorecen el crecimiento y diseminación del patógeno. Entender la forma de modular de estos tipos celulares para producir IL-10 en el momento y en cantidad correcta podría tener importantes implicancias terapéuticas durante la neumonía bacteriana.

Fondecyt 1170964, Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia Pog/016-F

SIMPOSIOS

M1 - Development of new diagnostic tools for enteric pathogens through genome and microbiota analysis



Gut microbiota-metabolome changes in enteric infections

Mauricio J. Farfan¹.

(1)Universidad de Chile, Pediatrics, Medicine, Antonio Varas 360, Santiago, Chile.

Diarrheagenic *Escherichia coli* (DEC) strains are a main cause of diarrhea worldwide in children under 5 years old. DEC virulence is strongly regulated by environmental conditions and metabolites produced by the gut microbiota in the intestinal tract. In this study, we determine gut microbiota composition and metabolome in stool samples obtained from healthy children and children with diarrhea positive for DEC pathotypes. To identify the microbiota composition, we sequenced the V3-V4 region of the 16S rRNA and determined operational phylogenetic units (OPU). The presence of metabolites in stool samples was determined by LC-MS. DEC and healthy groups showed a statistically different microbiota composition. A decrease in Firmicutes together with an increase in Bacteroidetes and Proteobacteria was found in the DEC group compared to the healthy group. Metabolic pathway predictions based on microbiota diversity showed that pathways involved in histidine and L-ornithine metabolism were significantly different between groups. A total of 88 metabolites detected by LC-MS were included in the metabolome analysis. We found higher levels of histamine and lower levels of ornithine in DEC samples than in the healthy group. Histamine and L-ornithine were associated with a specific microbiota species and the corresponding metabolic pathways. Stool samples from healthy children and children positive for DEC displayed a differential metabolome and microbiota composition. A strong correlation between a gut microbiota species and certain metabolites, such as histamine and L-ornithine, was found in the DEC group. This information might be useful to identify mechanisms and signaling molecules involved in the crosstalk between microbiota and DEC pathotypes.

FONDECYT grants 1160426 and 1200994. EraNet grant ERANet17/HLH-0145

M1 - Development of new diagnostic tools for enteric pathogens through genome and microbiota analysis



Antibodies for diagnosis of *Escherichia coli* pathotypes

Roxane M. F. Piazza¹.

(1) Butantan Institute, Bacteriology Laboratory, São Paulo, Brazil.

Albeit the current efforts in the development of reliable and low-cost diagnostic assays, diarrheagenic *E. coli* (DEC) detection assays are currently unavailable in most developing countries, except for STEC in certain countries where the other pathotypes are frequently disregarded as important causes of diarrheal disease in all age groups. PCR assay is employed in some reference laboratories, but gene presence does not assure expression of the corresponding virulence factor, therefore immunoassays can be considered the first alternative. In this sense, we have generated pAbs and mAbs against virulence factors and developed immunoassays for detecting those epidemiologically DEC pathotypes. EPEC/EHEC have been defined usually with a serogroup agglutination-based test, as LEE-encoded virulence factors are common to these strains; the targets for their diagnosis are the LEE secreted proteins. Therefore, EspB was defined as a biomarker and its corresponding mAb as the tool for their diagnosis, and a rapid agglutination latex test for detection presented 97% sensitivity, 98% specificity and 97% efficiency for EspB detection. For ETEC diagnosis, cELISA showed a sensitivity of 97.87% and specificity was 99.05%. Also, an immunochromatographic test using the same antibodies detected as little as 62.5 ng/mL of purified LT and presented 91% sensitivity, 99.5% specificity and 96.0% accuracy when tested with culture supernatants of ETEC-LT-positive strains. For STEC, the diagnosis basically focuses on the screening of O157:H7 serotype, the most outbreak-related serotype, even though lately, other serotypes are emerging as food poisoning agents. Employing Stx1 or Stx2 pAb and mAb we evaluate the sensitivity and specificity of three methods. The latex agglutination test (mAb-Stx1 plus mAb-stx2) showed 99% sensitivity and 97% specificity. Individually, Stx1 antibodies showed 95.5% and 94% sensitivity and a specificity of 97% and 99% in the cEIA and in the lateral flow assay, respectively. Stx2 antibodies showed a sensitivity of 92% in both assays and a specificity of 100% and 98% in the cEIA and LFA assay, respectively. Together, these results allow us to conclude that we have robust tools for the diagnosis of these pathotypes infections in order to implement routine diagnosis of low-income countries.

M1 - Development of new diagnostic tools for enteric pathogens through genome and microbiota analysis



Metagenomic analysis of the fecal microbiota in patients with inflammatory bowel disease - from new insights to new diagnostics

Uri Gophna¹.

(1) Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel.

Inflammatory bowel diseases (IBDs) such as Crohn's disease, ulcerative colitis, and pouchitis are now affecting nearly 1% of individuals in some Western countries. These chronic conditions represent a large burden on patient lives and national healthcare systems, especially given the high costs of biological therapies, and thus require better diagnostics and patient management. Here we will present several metagenomics-based studies that suggest that while it is challenging to identify opportunistic enteric pathogens that may drive inflammation in IBD patients, it is nevertheless possible to monitor the microbiomes of such patients for key bacterial features. Notably, once the relevant biomarkers are identified they can be detected or measured using sequencing-independent lower-cost approaches such as enzymatic assays or PCR.

M1 - Development of new diagnostic tools for enteric pathogens through genome and microbiota analysis



Comparative and functional genomics to search for characteristic traits of individual *E. coli* pathotypes

Ulrich Dobrindt¹.

(1) University of Münster, Institute of Hygiene, Germany

Detection of foodborne as well as enteric pathogens by molecular methods is, despite recent advances, still challenging. We use *Escherichia coli* as a model to analyze the genetic and phenotypic diversity between different pathotypes as well as within closely related *E. coli* lineages. To improve risk assessment of clinically relevant *E. coli* variants, we aim at the (i) assessment of the genetic diversity of different intestinal and extraintestinal *E. coli* pathotypes, and (ii) identification of novel markers, which allow the discrimination of isolates with high potential to cause disease. For this purpose, we compared representative sets of complete genome sequences of Shiga toxin-expressing *E. coli* (STEC) and extraintestinal pathogenic *E. coli* (ExPEC) and selected phenotypes of these isolates. Genome comparison of STEC isolates confirmed a high genomic diversity among STEC strains, leading to no extended specific biomarker set for all EHEC strains. Nevertheless, further subdividing of the genome sequences according to their clonal types led to the discovery of several putative STEC subgroup-specific biomarkers. Geno- and phenotypic comparison of the O₁₀₄:H₄ *E. coli* EAEC-STEC outbreak strain and closely related EAEC strains helped us to identify candidate virulence traits which contribute to the exceptional pathogenicity of the O₁₀₄:H₄ outbreak strain. Our comparative genomic analysis of uropathogenic *E. coli* (UPEC) isolates from patients with or without kidney transplantation corroborated the idea that UPEC strains with higher virulence potential carry/express more virulence and fitness determinants, which distinguish them from some commensals and from *E. coli* variants which are able to cause urinary tract infection in immunocompromised patients. Nevertheless, based on genome sequence analysis alone, an unambiguous risk assessment of ExPEC is hardly possible. Host susceptibility and individual bacterium-host interaction determine the “pathogenic potential” of ExPEC. Against the background of the *E. coli* genome plasticity, the identification of suitable discriminative markers is an important step towards improved diagnostics of *E. coli* pathotypes, but improved integrative strategies, incl. genomic and phenotypic analyses are required to define the virulence potential of individual clones.

M2 - Evolution, pathogenesis and immune responses to SARS-CoV-2



Epidemiology and evolution of SARS-CoV-2

Martha Nelson¹.

(1) Fogarty International Center, National Institutes of Health, Division of International Epidemiology and Population Studies, Bethesda, USA.

The pace and scale of virus genome sequencing during the COVID-19 pandemic has been unprecedented, with >100,000 SARS-CoV-2 genomes shared online by 1 October 2020. Genomic data has been highly valuable in uncovering how the SARS-CoV-2 virus rapidly disseminated from China to invade other countries in the opening months of 2020, providing insights into the epidemiology and spatial transmission of the pandemic virus. For example, early interventions were successful in preventing initial introductions of the virus into Germany and the US from taking hold? How have superspreading events contributed to epidemics in certain cities and countries? Have certain mutations contributed to SARS-CoV-2 spread and transmission? Were travel bans targeting the right countries at the right time, or relatively ineffective? Were lockdowns well timed? Although genomic data provides important insights into the transmission and control of the COVID-19 pandemic, the relatively low genetic diversity of a novel virus that has accrued since the virus was recently introduced into humans presents substantial methodological challenges. Novel phylogenetic approaches incorporating individual travel history metadata and simulating data from under sampled locations can improve inferences. Overall, this talk will address both the power and potential pitfalls of real-time genomic analysis of SARS-CoV-2 viruses.

M2 - Evolution, pathogenesis and immune responses to SARS-CoV-2



Antibody responses to SARS-CoV-2

Florian Krammer¹.

(1) Icahn School of Medicine at Mount Sinai, Department of Microbiology, New York, NY 10029, USA.

SARS-CoV-2 has emerged in late 2019 in China and has since then caused a severe pandemic. Early on in the outbreak we have developed serological assays to explore the antibody response to the virus and specifically against its spike protein. So far we have shown that the vast majority of infected individuals, even if only suffering from mild infection, induces robust antibody titers. Titers measured in these binding assays against the spike protein correlate well with neutralizing activity against authentic SARS-CoV-2. While we expect moderate waning of antibodies over time, we have shown that antibody levels are relatively stable over at least 5 months. Studies to characterize long-term antibody kinetics and correlates of protection have been initiated in April of 2020 and are expected to continue for at least 12 months.

M2 - Evolution, pathogenesis and immune responses to SARS-CoV-2



Integrated longitudinal analyses identify early response signatures that differentiate mild from moderate and severe COVID-19 outcomes

Tamara García-Salum¹, Gonzalo Valenzuela¹, Slim Fourati², Jorge Levican¹, Eileen Serrano¹, Leonardo I. Almonacid¹, Shirin Strohmeier³, María José Avendaño¹, Catalina Pardo-Roa¹, Erick Salinas¹, Adriana Toro⁴, Luis Lizama⁵, Claudia González⁶, Luis Antonio Diaz⁷, Marcos Ortega⁸, Sebastián Valderrama⁸, Florian Krammer³, Arnoldo Riquelme^{7,9}, Rafick-Pierre Sekaly², Rafael A. Medina^{1,10}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Pediatric Infectious Diseases and Immunology, School of Medicine, Santiago, Chile. (2) Case Western Reserve University, Department of Pathology, 2103 Cornell Road, Cleveland, Ohio 44106, USA. (3) Icahn School of Medicine at Mount Sinai, Department of Microbiology, New York, USA. (4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Pediatric Service, Clínica UC San Carlos, Red Salud UC Christus, Faculty of Medicine, Santiago, Chile. (5) Universidad de Chile, Programa de Virología, ICBM, Facultad de Medicina, Santiago, Chile. (6) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Otorhinolaryngology, School of Medicine, Santiago, Chile. (7) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Gastroenterology, School of Medicine, Santiago, Chile. (8) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Internal Medicine, School of Medicine, Santiago, Chile. (9) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Health Sciences, Faculty of Medicine, Santiago, Chile. (10) Icahn School of Medicine at Mount Sinai, Department of Medicine, New York, USA.

Frequently, individuals infected by SARS-CoV-2 develop a mild disease; however, the underlying molecular responses leading to better outcomes are unknown. We assessed longitudinally and integrated clinical and molecular parameters using high dimensional tools to elucidate key signatures that discriminate mild from moderate and severe outcomes. Mild patients showed very distinct features, as early as week one since symptom onset, including higher antibody titers and lower viral load that were associated with allergic diseases and increased expression of the Th2 cytokines IL-4 and IL-13. In contrast, moderate or severe individuals had marked signatures including higher viral loads, lower antibody responses, increased IL-6, IL-8 and IP10 inflammatory cytokines and high levels of IL-10. These response signatures were increased and sustained in severe individuals, suggesting that disease progression could be evaluated within the first 14 days of infection, providing a valuable tool to guide management and treatment strategies.

The FLUOMICS Consortium (NIH-NIAID grant U19AI135972). CRIP, an NIH funded Center of Excellence for Influenza Research and Surveillance (CEIRS #HHSN272201400008C). FONDECYT 1161971-PIA ACT 1408 grants from the Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo of Chile.

M3 - (Mesa Redonda) Microorganismos en el Mapa: Soluciones y respuestas para los nuevos desafíos de la sociedad



Microorganismos en el Mapa: Soluciones y respuestas para los nuevos desafíos de la sociedad. Mesa de conversación de la RECHEM

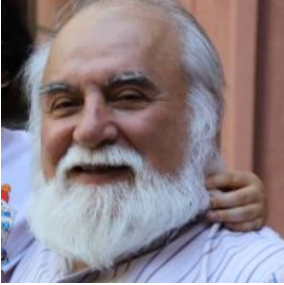
Paula S.M. Celis-Plá¹, Sara Cuadros-Orellana², Yoanna Eissler³, Martha Brigitte Hengst López⁴, Celine Lavergne⁵, Veronica Andrea Molina Trincado⁶, **Julieta Orlando**⁷.

(1) Universidad de Playa Ancha, Centro de Estudios Avanzados, Laboratorio de Investigación Ambiental Acuático. (2) Universidad Católica del Maule, Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales, Laboratorio de Microbiología Aplicada.

(3) Universidad de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Instituto de Química y Bioquímica, Laboratorio de Bioquímica y Ecología Microbiana. (4) Universidad Católica del Norte (Antofagasta), Departamento de Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Ciencias, Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada. (5) Universidad de Playa Ancha, Centro de Estudios Avanzados, Laboratorio de investigación ambiental acuático (LACER) - HUB Ambiental UPLA. (6) Universidad de Playa Ancha, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Departamento de Biología, Laboratorio Observatorio de Ecología Microbiana - HUB Ambiental UPLA. (7) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Laboratorio de Ecología Microbiana, Santiago, Chile.

Los microorganismos son cruciales para los ecosistemas, ya que realizan numerosas funciones a diferentes escalas, como el reciclaje de nutrientes, la transferencia de genes y hasta la regulación del clima en el planeta. La diversidad microbiana, que incluye virus, bacterias, arqueas, eucariotas y sus interacciones simbióticas, ha permitido la evolución de la vida en la tierra hasta como la conocemos hoy. Los microorganismos son, además, una fuente de soluciones, destacándose recursos genéticos, compuestos bioactivos y de biorremediación que se utilizan con fines alimentarios, en el ámbito de la salud, y para la restauración ambiental. La ecología microbiana es un área multidisciplinaria, que abarca el conocimiento de los microorganismos, su diversidad, sus interacciones y su rol en los ecosistemas. En Chile, la ecología microbiana se ha robustecido gracias al esfuerzo de investigadores de áreas como microbiología, ecología, limnología, oceanografía y geología, entre otras. Así surge la iniciativa RECHEM (Red Chilena de Ecología Microbiana), cuyo propósito es relevar el estudio de los microorganismos y su función en los ecosistemas, con el sentido de dar urgencia en su conservación desde una perspectiva multidisciplinaria y colaborativa. Uno de los objetivos principales de la RECHEM es incluir a los microorganismos en el ámbito de la toma de decisiones en el contexto ambiental debido a su relevancia a nivel ecosistémico. En esta mesa de conversación, proponemos discutir estos temas a partir de una iniciativa de divulgación científica: "El mapa microbiano", para re-conocer nuestro país y su historia desde la perspectiva de estos seres microscópicos de metabolismo versátil que han colonizado hasta los más extremos y únicos ecosistemas que caracterizan a Chile. Los microorganismos son parte del patrimonio biológico de cada lugar, son característicos de las áreas que habitan y confieren a los ecosistemas propiedades especiales que de otra forma no estarían presentes. Estos aspectos nos invitan a reflexionar sobre nuestra propia adaptación y nuestra forma de convivir con la naturaleza. Desde esta perspectiva invitamos a todos a ser parte de esta iniciativa, en la búsqueda de generar mayor conciencia sobre la importancia de los microorganismos y su inclusión en la toma de decisiones a nivel país.

M4 - Desafíos y oportunidades en el desarrollo de vacunas en tiempos de COVID-19

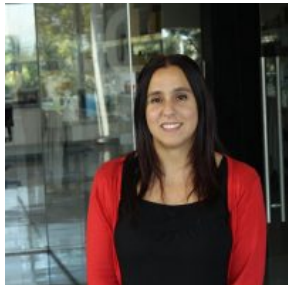


Vacunas para quienes más las necesitan

Jorge Flores¹.
(1) PATH – CVIA

Durante más de 20 años, PATH ha desarrollado y hecho accesible vacunas de alto impacto para las poblaciones más vulnerables del mundo. El Centro de Innovación y Acceso a Vacunas (CVIA) se enfoca en vacunas para: neumonía, diarreas, malaria, meningitis, influenza, poliomielitis y COVID-19. CVIA cubre el ciclo de vida de las vacunas que desarrolla: supervisión de la fabricación, análisis de productos, desarrollo clínico, licencia y precalificación por la Organización Mundial de la Salud (OMS), recomendaciones de políticas sanitarias, introducción y posterior evaluación para su uso óptimo. Algunos logros de CVIA incluyen: 1) desarrollo e introducción de vacuna contra la meningitis A (MenAfriVac®) 2) precalificación e introducción de vacuna contra la encefalitis japonesa (CD-JEVAX®); 3) desarrollo de la vacuna contra la malaria con GlaxoSmithKline (MosquiRix®); 4) desarrollo de vacunas contra rotavirus (Rotavac® y Rotasiil®); 5) Desarrollo y precalificación de una vacuna neumococos (Pneumosil®); 6) desarrollo de una nueva vacuna oral de polio virus de tipo 2, aprobada por la OMS para uso de emergencia. Actualmente el foco principal de CVIA es el desarrollo para vacunas para COVID-19 en asociación con múltiples organizaciones en Brasil, Chile, China, India y Estados Unidos.

M4 - Desafíos y oportunidades en el desarrollo de vacunas en tiempos de COVID-19



Desarrollo de nuevos adyuvantes para vacunas contra enfermedades infecciosas

Juliana Cassataro¹.

(1) Instituto de Investigaciones Biotecnológicas "Dr. Rodolfo A. Ugalde" UNSAM-CONICET.

En nuestro laboratorio estamos trabajando en el desarrollo de nuevos adyuvantes para vacunas. Hemos demostrado que una proteína de *Brucella abortus* llamada U-Omp19 puede ser un componente importante en nuevas formulaciones de vacunas contra enfermedades infecciosas. Cuando se administra por vía oral con un antígeno -Ag-, U-Omp19: i) puede evitar el ambiente hostil del tracto gastrointestinal inhibiendo parcialmente a las proteasas del estómago e intestino y, en consecuencia, aumenta la vida media del Ag coadministrado en sitios inductivos inmunes, mientras que ii) induce el reclutamiento y la activación de las células dendríticas (DCs) y aumenta la cantidad de Ag intracelular dentro de las mismas. Hemos demostrado que las respuestas inmunes específicas contra el Ag en mucosas, así como sistémicas, mejoran cuando U-Omp19 se coadministra con el Ag oralmente en ratones. Finalmente, este inhibidor de proteasas bacteriano en formulaciones de vacunas orales incrementa la protección contra la diarrea inducida por las toxinas de *E. coli* enterotoxigénica (LT) o de *Vibrio cholera* (CT) y reduce las cargas bacterianas o parasitarias luego del desafío oral con *Salmonella* virulenta, *Escherichia coli* O157:H7 o *Toxoplasma gondii*. Recientemente hemos demostrado que la administración oral de U-Omp19 con un Ag por vía oral induce protección frente al virus de la bursa aviar en pollos. Por lo tanto, U-Omp19 podría ser un componente importante de las formulaciones de vacunas contra enfermedades infecciosas.

Este trabajo fue financiado por la Fundación Bill y Melinda Gates y por la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (ANPCyT-Argentina).

M4 - Desafíos y oportunidades en el desarrollo de vacunas en tiempos de COVID-19



Caracterización de bacterias aisladas desde ambientes extremos de Chile con potencial benéfico en plantas

Alexis Kalergis¹.

(1) Full Professor, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

El aislamiento de bacterias del suelo de ambientes extremos representa un gran desafío, y también una oportunidad para caracterizar el potencial biotecnológico de bacterias que podrían promover el crecimiento de plantas que se cultivan en climas hostiles. En este trabajo se aislaron cepas de bacterias de dos entornos desérticos de Chile: Península Coppermine, Antártica (n=32) y Laguna Lejía, Desierto de Atacama (n=39). Se realizó la identificación taxonómica utilizando la secuencia del gen 16S y se caracterizaron rasgos benéficos para las plantas (fijación de Nitrógeno, solubilización de Fosfato, producción de sideróforos, ACC desaminasa y producción de ácido indolacético) mediante ensayos bioquímicos. Además, se analizó la temperatura óptima de proliferación, evaluando un rango de 16°C a 30°C. Los resultados obtenidos a través de la clasificación taxonómica indicaron que los aislados pertenecían a cuatro phylum (Proteobacterias, Actinobacterias, Firmicutes y Bacteroidetes), y que el género más representado en ambos sitios corresponde a *Pseudomonas*. En cuanto a la caracterización bioquímica de atributos benéficos en plantas, todas las cepas mostraban al menos uno de los rasgos examinados. El patrón de presencia/ausencia de estos rasgos, según índice de Jaccard, agrupa a los aislados según sitio de muestreo y no por taxonomía. Esto sugiere que condiciones ambientales específicas determinan propiedades metabólicas asociadas a la interacción de bacterias del suelo con las plantas, tanto en la Antártica como en el Desierto de Atacama. Este estudio contribuye con aislamientos microbianos de entornos naturales extremos con potencial biotecnológico para mejorar el crecimiento de las plantas en condiciones de estrés térmico.

M5 - Proxies in Geomicrobiology



The role of biogenic clay in driving carbonate mineralogy

Erica Suosaari², A.M. Oehlert¹, Pamela Reid¹, I Lascu², A.M. Piggot³.

(1) University of Miami, Rosenstiel School of Marine and Atmospheric Science, Miami, Florida 33149, USA.

(2) Smithsonian Institution, Department of Mineral Sciences, National Museum of Natural History, avda angamos, Washington DC, US.

(3) Bahamas Marine EcoCentre, Miami, USA.

Here, we explore relationships between minerals, microbes, organic matrices, and environmental gradients in brine chemistry. Our study focuses on small lagoons known as Puquios, within the Salar de Llamara, in the Atacama Desert of northern Chile, where calcite (CaCO_3) and kutnohorite (CaMnCO_3) have been observed forming in association with Mg-clay. In other studies, biologically influenced Mg-clays have been recorded in environments associated with microbial communities, where photosynthesis increases the pH, subsequently dissolving diatom frustules, providing the necessary ingredients for clay formation. Investigation of samples from the Puquios, using scanning electron microscopy and FIB tomography, has revealed Mg-clay forming along cyanobacterial sheaths and bundles of coccoid cells, around dense alveolar networks of exopolymeric substances (EPS), as well as in the pore spaces of carbonate grain aggregates. Our results suggest that the microbially induced formation of Mg-clays by photosynthetic communities may influence the deposition and type of carbonates precipitated in continental brines. We suggest that Mg-clays modify brine chemistry in their immediate microenvironment through sequestration of Mg^{2+} cations. In the Puquios, calcite was observed in lower salinity waters (~16 psu), forming agglutinated, irregularly shaped grains up to $200\mu\text{m}$ in diameter, composed of smaller ($< 10\mu\text{m}$) precipitates with intercrystalline Mg-clays. Kutnohorite was observed in lagoons with relatively higher salinities (~25-65 psu), forming as agglutinated, irregularly shaped grains and/or accumulations, hundreds of microns in diameter, forming an advancing front around the outer margin of dense Mg-clay accumulations. In addition, 3D reconstructions showed an intimate intergrowth between kutnohorite and porous Mg-clay accumulations. Based on these observations in the Puquios, and similarities with Mg-clay-carbonate associations in other settings, it appears that carbonate formation via a clay precursor is an important precipitation pathway. Further high-resolution investigation into the chemistry of source brine and the biochemical changes in the micropores of the biofilms is warranted to determine if biosignatures can be discerned.

M5 - Proxies in Geomicrobiology



Are the microbes important? Indicators of soil development during mine waste reclamation

Julia Neilson¹.

(1) University of Arizona Tucson, Center for Environmentally Sustainable Mining, Department of Soil Water and Environmental Science, Tucson, US.

Hardrock mining operations radically disturb natural ecosystems through mineral excavation and the generation of massive amounts of waste material. Storage and stabilization of this waste material and return of the disturbed land to productive use is a defining challenge for the mining industry. Mine waste includes waste rock rejected because ore concentrations are too low for economic extraction; and mine tailings that are the by-product of mineral extraction. Both materials represent rock substrates, low in fertility and moisture holding capacity, rendering them unfavorable to plant establishment during mine site reclamation efforts. Reclamation efforts frequently produce inconsistent vegetation establishment because land preparation and seeding strategies do not drive below ground fertility development to support resilient plant establishment. Microbes are key drivers of incipient soil formation on such materials through their capacity for nutrient cycling and solubilization. Thus, we hypothesize that the identification of microbial proxies as metrics of incipient soil development during mine site reclamation can facilitate quantification of soil development progress. A five-year study conducted at a copper mine in a semiarid region revealed significant temporal differences between microbial biomass associated with seeded waste-rock material (WR) and unseeded waste rock (UWR). WR associated with shrub and grass root-zones had significantly higher bacterial abundance, bacterial, archaeal and fungal richness and functional nitrogen-cycling gene abundance than the associated UWR. In addition, the composition of microbial communities associated with UWR was distinct from those of the seeded areas. Root-zone associated microbial communities were characterized by greater relative abundances of nitrogen-cycling bacterial phylotypes. The results identified multiple microbial proxies with potential as quantitative indicators of soil development. Quantification of soil development rates can inform mine reclamation management practices and convert mine waste management into a data driven science.

University of Arizona Center for Environmentally Sustainable Mining Academic-Industry Research Cooperative US National Institutes of Environmental Health Sciences Superfund grant P42ES004940 Water, Environment, and Energy Solutions Technology Research and Initiative Fund

M5 - Proxies in Geomicrobiology



Major modelling approaches that are useful to environmental microbiology: their applicability and limitations

Takeshi Miki¹.

(1) Ryukoku University, Faculty of Advanced Science and Technology, Otsu, Japan.

Modeling in ecology and environmental microbiology is the series of processes of developing and using a dynamic or static model, which is a set of equations describing temporal/spatial dynamics and/or states of each component at a level of individual, population, community, or ecosystem. There are diverse opinions on this approach among ecologists. Some ecologists expect that a model is (should be) able to quantitatively reproduce empirical data, to forecast the future dynamics, or to “find treasures” in an ocean of data. In contrast, others might not believe any models at all due to their unrealistic simplicity or lack of support from empirical data. However, such statements do not fully capture the “mind” of modeling; modeling approaches are neither perfect nor nonsense. In this talk, I will first define two contrasting roles of general modeling approaches. The first role is to integrate empirical achievement, even including inconsistent empirical results, for obtaining a general (i.e., species and/or system-independent) perspective. The second role is to challenge the existing theories, through proposing a new hypothesis, for making our ecological understanding of the world more diverse and exciting. Counterintuitively, a (theoretical) modeling is more effective to challenge a theory than other approaches, because of its greater independence from the existing theory than empirical approaches. Based on these philosophical arguments, I will then more specifically summarize the following major modeling approaches: a dynamic model that includes Theoretical Dynamic Model (TDM) and Empirical Dynamic Model (EDM), a static model that includes Steady-State Model (SSM) and Species Distribution Model (SDM), and bioinformatic model that includes both dynamic and static models. I will share some illustrative examples of each modeling approach and discuss their applicability and limitations in the field of environmental microbiology.

M5 - Proxies in Geomicrobiology



Artificial intelligence for getting knowledge about microbial activity in bioleaching industrial processes

Cecilia Demergasso¹, Roberto Véliz¹, Sabrina Marín-Eliantonio¹, Mauricio Acosta-Grinok¹, Camila Escuti¹.

(1) Universidad Católica del Norte, Centro de Biotecnología, Profesor "Alberto Ruiz", Avda Angamos 0610, Antofagasta, Chile.

Chilean copper industry is increasingly based on the exploitation of sulfide ore reserves due to the exhaustion of oxide resources. Mineral concentration is the central process currently used for copper extraction from sulfide ores. In addition, leaching in concentrated chloride medium under environmental conditions is already applied for secondary sulfide ore beneficiation in Chilean operations. In that scenario, copper bioleaching, mainly Run-of-Mine (ROM) copper bioleaching, is the best alternative for the extraction of marginal resources that are not currently considered part of the profitable reserves because of the cost associated with the central technology. Then, bioleaching should play a complementary role both in concentration and in chloride leaching main plants. A decline in the productivity of the mining sector was observed in the last decades and one of the reasons identified is the increasing complexity of the exploitable ores. Industrial data recorded represents an opportunity to extract knowledge about complex bioleaching processes for the improvement of the technology. The bioleaching in extensive irrigated heap leach operations has several uncertainties because the heap environment is variable, not easily controlled, and able to be monitored only through measurements of leachates exiting the base of the heap. We are developing and participating in the detailed microbial monitoring performed at the heap ROM bioleaching process, which accounts for more than 60% of the copper cathodes produced in Minera Escondida Ltda. Leaching solutions are sampled monthly to study the composition of the microbial community by Quantitative Polymerase Chain Reaction (qPCR) and the kinetics of ferrous iron consumption in flask tests at different temperatures. RNA is extracted to determine the expression level of functional genes, selected by their industrial relevance, through RT-qPCR. Furthermore, the enterprise shares with us daily-recorded data from the plant. We developed a systematic approach -using machine learning (ML) tools- for the analysis of High Dimensional Feature Space to deliver experience-based learning as a benchmark for operational decision-making. I will summarize the strategy, the ML tools used and the explanation of ML models to understand the main parameters influencing the microbial activity responsible for copper extraction inside the system.

FONDEF projects IT13I20042 and IT16M10045 from ANID, Chile APTIC-Management and Engineering, Antofagasta, Chile Minera Escondida Ltda. Chile

M6 - Investigadores jóvenes: nuevas miradas para el estudio de patógenos antiguos



Survival of *V. cholerae* in the aquatic environment

Roberto Molina-Quiroz¹, Triana Dalia², Andrew Camilli³, Ankur Dalia², **Cecilia Alejandra Silva Valenzuela¹**.

(1) Centro de Estudios Científicos, Valdivia, Los Rios, Chile.

(2) Department of Biology, Indiana University, Bloomington, Indiana, USA.

(3) Department of Molecular Biology and Microbiology, Tufts University, School of Medicine, Boston, Massachusetts, USA.

Vibrio cholerae is a water-borne bacterium that causes cholera, an acute intestinal infection that produces secretory diarrhea and can quickly lead to severe dehydration and death if untreated. Toxicogenic strains of *V. cholerae* are able to persist by association with chitinous surfaces of phyto- and zooplankton in fresh and salt water establishing aquatic reservoirs in endemic regions. In the aquatic environment, this pathogen co-exists with lytic phages which are, in turn, in dynamic equilibrium with their hosts. It has been shown that lytic phages are frequently found in stools of cholera patients and that they represent a major negative selective pressure to *V. cholerae* transmission. However, little is known about the role of temperate phages. In this work, we used the endogenous K139 as a phage model to study phage-host interactions for *V. cholerae* in the aquatic environment. We demonstrate that chitin utilization in an estuary microcosm induces the excision of the endogenous prophage K139 in *V. cholerae*, which provides a fitness advantage over non-lysogenic strains and also promotes horizontal gene transfer (HGT) by neighbor predation and natural transformation. In addition, we show that the transfer of DNA is unidirectional from non-lysogens to lysogens. This suggests a novel mechanism by which prophages might benefit their hosts promoting DNA uptake from phage-susceptible strains. The ecological strategy revealed by our work provides a better understanding of the evolutionary mechanisms used by bacteria in their natural settings.

Pew Start up fund and Fondecyt Iniciación 11190049 (C.A.S.-V.) Fondecyt Iniciación 11190158 (R.C.M.-Q.) NIH R35GM128674 (A.B.D.) NIH A1055058 (A.C.) Centers of Excellence Basal Financing Program of CONICYT PB-01 (CECs)

M6 - Investigadores jóvenes: nuevas miradas para el estudio de patógenos antiguos



Desarrollo de vacunas quiméricas multiepítope contra *Escherichia coli* productor de Shiga toxina

David A. Montero¹, Felipe Del Canto², Juan Carlos Salazar², Sandra Céspedes², Leandro Cadiz², Mauricio Arenas-Salinas³, Ángel Oñate⁴, Leandro Carreño¹, Roberto Mauricio Vidal².

(1) Programa de Inmunología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

(2) Programa de Microbiología y Micología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

(3) Centro de Bioinformática y Simulación Molecular, Facultad de Ingeniería, Universidad de Talca, Talca, Chile.

(4) Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Escherichia coli productora de toxina Shiga (STEC) causa diarrea y disentería, que pueden progresar a Síndrome Hemolítico Urémico (SHU). Se ha propuesto la vacunación como método preventivo contra la infección por STEC; sin embargo, no existe una vacuna para humanos y las que se usan en animales reducen, pero no eliminan la colonización intestinal de STEC. En este estudio, desarrollamos y evaluamos formulaciones vacunales contra STEC que contienen epítopes de las proteínas OmpT, Cah, Hes, Tir, AggA, Int, EspA y Stx2B. En total, se desarrollaron 4 proteínas quiméricas conteniendo distintas combinaciones de epítopes (Quimera 1, epítopes de OmpT y Hes; Quimera 2, epítopes de OmpT, Cah y Hes; Quimera 3, epítopes de Tir, AggA, Int y Stx2B; Quimera 4, epítopes de Cah, EspA y OmpT). La inmunización intramuscular e intranasal de ratones con estos antígenos quiméricos provocó respuestas humorales sistémicas y locales de larga duración. Sin embargo, la clase de anticuerpos generados fue dependiente del adyuvante y de la vía de administración. Notablemente, mientras que la inmunización intramuscular con la combinación de antígenos quiméricos (Q1 + Q2 y Q2 + Q3) confirió protección contra la colonización por STEC O157:H7, la intranasal confirió protección contra el daño renal causado por STEC O91:H21. Este estudio preclínico respalda el uso potencial de estas formulaciones basadas en proteínas quiméricas multiepítope como estrategia preventiva contra las infecciones por STEC.

FONDEF ID16110140, FONDECYT 3190524

M6 - Investigadores jóvenes: nuevas miradas para el estudio de patógenos antiguos



Análisis de la vacuola contenedora de *Salmonella* en la ameba *Dictyostelium discoideum*

Camila Valenzuela^{1,2}, Magdalena Gil², Ítalo M. Urrutia¹, Andrea Sabag¹, Jost Enninga², Carlos Santiviago¹.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santiago, Chile.

(2) Institut Pasteur, Dynamics of Host-Pathogen Interactions Unit, Paris, France.

La habilidad de *Salmonella* para sobrevivir y replicarse en el interior de células hospederas depende de la generación de un compartimento membranosos denominado vacuola contenedora de *Salmonella* (SCV: *Salmonella*-containing vacuole). Para la formación de este compartimento, *Salmonella* utiliza proteínas efectoras que son inyectadas a las células hospederas utilizando dos sistemas de secreción tipo III (T₃SS) codificados en las islas de patogenicidad SPI-1 y SPI-2. Recientemente, nuestro grupo reportó que *S. Typhimurium* requiere ambos sistemas de secreción para sobrevivir intracelularmente en la ameba fagocítica *Dictyostelium discoideum*. En consecuencia, en este trabajo evaluamos el rol de dos de los efectores más importantes de *Salmonella*, SopB y SifA, en la formación del nicho intracelular en el interior de *D. discoideum*. En primer lugar, establecimos que *S. Typhimurium* reside en un compartimento vacuolar en este organismo. Posteriormente, aislamos vacuolas provenientes de amebas infectadas con la cepa silvestre de *S. Typhimurium* o las mutantes por delección de los genes *sopB* o *sifA* y caracterizamos el proteoma de estos compartimentos. El posterior análisis comparativo de estos proteomas sugiere que *S. Typhimurium* requiere SopB y SifA para modificar la composición proteica de la SCV lo que le permite generar el nicho intracelular en *D. discoideum*. Finalmente, determinamos que estos efectores son requeridos para la supervivencia intracelular de *S. Typhimurium* en este modelo de ameba. Nuestros resultados proporcionan información sobre los mecanismos empleados por *Salmonella* para sobrevivir intracelularmente en amebas fagocíticas.

Este trabajo fue financiado por el proyecto FONDECYT 1171844 y las becas CONICYT 21140615 y 21150005.

M6 - Investigadores jóvenes: nuevas miradas para el estudio de patógenos antiguos



Descifrando como la bacteria marina *Vibrio parahaemolyticus* causa enfermedad

Carlos Blondel¹.

(1) Universidad Andres Bello, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Echaurren 183, Santiago, Chile.

Vibrio parahaemolyticus es actualmente la principal causa de gastroenteritis transmitida por mariscos en el mundo y evidencia sugiere que la adquisición de un sistema especializado de secreción de proteínas (T₃SS) conocido como T₃SS₂. Este sistema ha sido recientemente involucrado tanto en el potencial patogénico de *Vibrio parahaemolyticus* como en su supervivencia en el medio marino. El T₃SS₃ es una nanomáquina molecular que media la entrega de proteínas bacterianas (conocidas como efectores) al interior de células eucariontes de manera de manipular diversos procesos celulares. Para descifrar los factores humanos y bacterianos que median la compleja interacción entre *Vibrio parahaemolyticus* y las células intestinales humanas, hemos realizado ensayos de genómica funcional utilizando tecnologías de CRISPR-Cas y Tn-seq. Estudios de Tn-seq revelaron la importancia del T₃SS₂ para la infección y colonización intestinal de *Vibrio parahaemolyticus* en un modelo de infección animal, mientras que ensayos de genómica funcional utilizando la tecnología CRISPR-Cas9 reveló el requerimiento de fucosilación de proteínas de superficie en las células eucariontes para la correcta inserción del T₃SS₂ en células intestinales humanas. Finalmente, mediante análisis de la isla genómica que codifica para el T₃SS₂ hemos identificado nuevos efectores bacterianos que contribuirían a la manipulación de las células infectadas por *Vibro parahaemolyticus*.

Howard Hughes Medical Institute (HHMI)-Gulbenkian International Research Scholar #55008749, FONDECYT Grant 1201805 (ANID), RED1170269 (ANID).

J1 - Persistencia bacteriana y mecanismos para enfrentar la muerte celular



Herramientas bioinformáticas para la identificación de toxinas-antitoxinas usando *Burkholderia pseudomallei* como modelo

Alfredo Torres¹.

(1) University of Texas Medical Branch, Microbiology and Immunology, 301 University Blvd, Galveston, USA.

Burkholderia pseudomallei (Bpm) es un patógeno bacteriano que causa la enfermedad Melioidosis. Este padecimiento tiene una mortalidad por arriba del 40% y una probabilidad de reactivación de la infección del 15-23%, aun con tratamiento de antibióticos. La incapacidad para eliminar la infección después del tratamiento se asocia con la persistencia bacteriana, un mecanismo modulado en parte por los sistemas toxina-antitoxina (TAS). Se ha predicho que Bpm tiene un repertorio amplio y redundante de TAS del que no se conocen las señales del medio ambiente que inducen su expresión. Nosotros establecimos un análisis bioinformático que nos permitió identificar 103 proteínas en Bpm que comparten características encontradas en toxinas del sistema TAS y usamos datos transcripcionales que nos permitió identificar cuales tienen una función en la sobrevivencia bacteriana intracelular contra las defensas del hospedero. Encontramos que las toxinas putativas con respuestas transcripcionales significativas tenían baja conservación en cepas de Bpm, mientras que toxinas con expresión constitutiva estaban altamente conservadas.

NIH NIAID grant AI148913

J1 - Persistencia bacteriana y mecanismos para enfrentar la muerte celular



(p)ppGpp regulates availability of antibiotic-target molecules during persister cells generation

Roberto Molina-Quiroz¹, Andrew Camilli².

(1) Centro de Estudios Científicos, Arturo Prat 514, Valdivia, Chile

(2) Tufts University, School of Medicine, Department of Molecular Biology Microbiology, 136 Harrison Avenue, Boston, MA, United States

Bacterial persistence is a non-heritable phenotypic trait characterized by a dormant state that leads to tolerance to different antibiotics. Several mechanisms contributing to persister cell generation have been identified. Among these, is the signaling molecule (p)ppGpp, but knowledge of how this molecule regulates persister generation is incomplete. Here, we show an increase of the persister fraction of uropathogenic *Escherichia coli* (UPEC) that correlates with the time of protein synthesis inhibition and a decrease in the availability of antibiotic target. Specifically, the arrest of translation initiation induces bacterial survival to ampicillin and ciprofloxacin in a (p)ppGpp-dependent manner. These findings support a global mechanism of persistent cell generation and establish a regulatory role of the (p)ppGpp molecule in this phenomenon.

This work was supported by Fondecyt Iniciación en Investigación 11190158 (RCM-Q). Centro de Estudios Científicos (CECs) is funded by the Centers of Excellence Basal Financing Program of CONICYT PB-01.

J1 - Persistencia bacteriana y mecanismos para enfrentar la muerte celular



Sistemas toxina-antitoxina en plásmidos de resistencia a antibióticos y bacterias persistentes

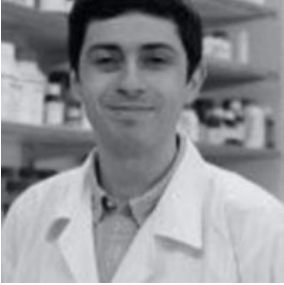
Paula Bustamante¹.

(1) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas (ICB), Facultad de Ciencias de la Salud, El Llano Subercaseaux 2801, San Miguel, Santiago, Chile.

La resistencia a los antibióticos (AbR) está afectando la capacidad para tratar enfermedades infecciosas comunes. Pero también el uso irracional de antibióticos está modificando la microbiota humana, incidiendo en la aparición y desarrollo de enfermedades crónicas e infecciones persistentes. Los principales vectores de transmisión de AbR son elementos genéticos móviles, cuya mantención estable en las poblaciones bacterianas se debe, en parte, a la presencia de sistemas Toxina-Antitoxina (TA). En patógenos bacterianos los sistemas TA contribuyen también a la respuesta a condiciones de estrés encontradas en el hospedador, así como a la replicación y persistencia intracelular, entre otros. Nuestros análisis bioinformáticos revelaron que plásmidos de la familia IncX₄, relevantes en la propagación de resistencia a colistina, codifican para el sistema TA HicBA y un posible nuevo sistema no clásico denominado TsxAB. A diferencia del primero, TsxAB es esencial para la mantención estable de un plásmido IncX₄ en la población bacteriana, su sobreexpresión es tóxica para las bacterias e induce elongación celular. Por otro lado, nuestros resultados experimentales demostraron que bacterias *E. coli* asociadas a la enfermedad de Crohn (AIEC), a diferencia de UPEC o ETEC, presentan una elevada capacidad de formación de células persistentes en respuesta al tratamiento con antibióticos, pudiendo ser una característica que puede favorecer la contribución de AIEC a la cronicidad de la enfermedad. Resultados de infecciones en cultivos celulares *in vitro*, así como *in vivo* utilizando *Galleria mellonella*, indican que algunos sistemas TA afectan la capacidad de adhesión e invasión a células epiteliales y contribuyen a la virulencia de AIEC. Sin embargo no afectan la formación de células persistentes *in vitro*, aunque no descartamos que puedan contribuir a la persistencia al interior del macrófago, como ha sido demostrado en otros patógenos. Estos y otros antecedentes, revelan la importancia del entendimiento de las trayectorias evolutivas que lideran el esparcimiento y persistencia de plásmidos u otros elementos genéticos móviles en las comunidades bacterianas, lo cual es indispensable para el desarrollo de estrategias alternativas para luchar contra la AbR, así como para comprender mejor los mecanismos de persistencia bacterianos que contribuyen a la aparición y desarrollo de enfermedades crónicas.

ANID-PAI/CONVOCATORIA NACIONAL SUBVENCIÓN A LA INSTALACIÓN EN LA ACADEMIA, CONVOCATORIA 2019, PAI77190004

J1 - Persistencia bacteriana y mecanismos para enfrentar la muerte celular



Possible role of *Clostridioides difficile* persister cells in colonization and persistence

Ricardo Álvarez¹, Fernando Díaz-Yáñez^{1,2}, Constanza Ortega-Fuentes¹, Camila Queralto¹, Osvaldo Inostroza¹, Ruth González¹, **Fernando Gil**^{1,2}.

(1) Universidad Andrés Bello, Microbiota-Host Interactions & Clostridia Research Group, Ciencias De la Vida, República 330, Santiago, Chile.

(2) Universidad Andrés Bello, ANID-Millennium Science Initiative Program-Millennium Nucleus in the Biology of the Intestinal Microbiota, Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile.

Clostridioides difficile is a nosocomial, Gram-positive, strictly anaerobic, spore-forming pathogen capable of colonizing and proliferating in the human intestine. In bacteria, it has been shown that the Toxin-Antitoxin systems mediate the cellular response to external stress by initiating processes such as biofilm formation, programmed cell death and persister cells formation. In this work we evaluate the functionality of four type II TA modules of *Clostridioides difficile* R20291. We performed bioinformatic analysis to search for putative TA systems using the TADB platform. Then we performed a heterologous expression assay to evaluate the functionality of these systems. Our results showed that the MazEF and RelBE systems were functional, suggesting that their corresponding toxins possess an endoribonuclease activity. In conclusion, MazEF and RelBE systems of *C. difficile* R20291 are functional in a heterologous expression system. On the other hand, despite their relevance, the existence of persister cells has not been demonstrated in *C. difficile*; however, a recent study showed a persister-like behavior of *C. difficile* exposed to different antibiotics. In several microorganisms it has been shown that proteases of the Clp family participate both in the formation of persistent cells and in various phenotypes associated with virulence. In the case of *C. difficile*, there are two isotypes of these proteases, ClpP1 and ClpP2, as well as many chaperones, including ClpC, have been related with the hypervirulence properties of some strains. This evidence suggests that these proteases, along with their chaperones, could be involved in the formation of persister type cells and virulence-related traits. We analyzed some virulence traits of the mutant $\Delta clpC$ in the hypervirulent strain R20291 background. We performed analyzes of biofilm formation, motility, sporulation and cytotoxicity, observing significant differences between the mutant and wild type strain. On the other hand, persistence assays were carried out and the mutant strain showed less persistent cell formation. With these results we obtained new information on the virulence properties of *C. difficile*, noting that not only the spores are responsible for the resistance to current treatments and the persistent cells could be the focus of attention for new therapies.

This work was funded by grant from ANID (FONDECYT Grant 1171397) and by ANID – Millennium Science Initiative Program –NCN17_093.

J2 - Investigación colaborativa en MICROB-R: 2 años después



Resistencia antimicrobiana en alimentos: ¿cuál es el riesgo?

Andrea Moreno Switt¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Santiago, Chile.

La resistencia antimicrobiana (RAM) es uno de los problemas más graves de salud pública que enfrenta la humanidad. El hecho de que los antibióticos han sido una herramienta terapéutica contra infecciones bacterianas ha permitido avances en medicina y en veterinaria, como es la intensificación de la producción animal. El estudio de la RAM es un fenómeno que requiere el enfoque de Una Salud, en que la salud de las personas está relacionada con la salud animal y en ambiente. En Chile, MICROB-R ha estudiado la presencia de bacterias clínicamente relevantes, como son *E. coli* y *K. pneumoniae* resistentes a cefalosporinas de tercera generación. En este estudio se utilizó un pueblo de la VII región como sitio para entender la diseminación de bacterias clínicamente relevantes en aguas y hortalizas. Durante 4 temporadas se muestrearon 478 muestras de vegetales y 32 de aguas de dos ríos que recorren el sitio de estudio. Se aislaron bacterias Gram negativas con resistencia a ceftazidima (CAZ) y ciprofloxacina (CIP), se confirmaron con MALDI-TOF, se estudió la susceptibilidad antimicrobiana y se detectaron los genes para las beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) y para la resistencia a colistina. Se observaron Enterobacterias resistentes en cilantros, perejil y apios con prevalencias de 41,9% para CIP y 18,5% para CAZ. En *E. coli* se observó la presencia de BLEE en 37% de los aislados y en *mrc-1* en dos aislados. Se analizó por temporada y por matriz y se observó que durante la temporada de primavera y verano la probabilidad de encontrar bacterias resistentes aumentó. Este estudio observó bacterias clínicamente relevantes en alimentos que son consumidos sin un proceso de cocción lo que sugiere un rol de salud pública que necesita más estudios.

ANID Millennium Science Initiative/ Millennium Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance, MICROB-R, NCN17_081

J2 - Investigación colaborativa en MICROB-R: 2 años después



Creación de una red de laboratorios y del primer biorepositorio nacional de bacterias multirresistentes

Patricia García¹.

(1) Profesora Titular, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile. Investigadora Adjunta del Núcleo Milenio para la Investigación Colaborativa en Resistencia Antimicrobiana (MICROB-R).

Introducción: La comprensión de la emergencia de la multirresistencia requiere la obtención de datos locales y de material disponibles para estudios genéticos (cepas). **Objetivos:** Recolectar bacterias multirresistentes de importancia clínica de zonas representativas del país para estudiar sus mecanismos de resistencia y crear un biorepositorio nacional disponible para la comunidad científica. **Material y método:** Entre marzo 2019 y septiembre 2020 se han ido incorporando centros recolectando cepas de Enterobacterales no susceptible a cefalosporinas de tercera generación susceptibles a carbapenémicos (ENScef₃), Enterobacterales no susceptible a carbapenémicos (ENScarb), *Pseudomonas aeruginosa* no susceptible a carbapenémicos (PANScarb), *Acinetobacter baumannii* no susceptible a carbapenémicos (ABNScarb), *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina (SARM) y *Enterococcus spp.* resistentes a vancomicina (ERV), provenientes de pacientes hospitalizados con infecciones clínicamente significativas (sólo sangre, líquidos estériles y tejidos). Las bacterias se derivaron periódicamente al laboratorio GeRM Lab, UDD. Se realizó la re-identificación mediante MALDI-TOF MS (Laboratorio Microbiología UC) y el estudio de susceptibilidad por difusión en agar según CLSI, incluyendo los controles de calidad. Se realizaron PCR múltiples en búsqueda de genes de interés para cada grupo bacteriano. Posteriormente las cepas fueron congeladas a -80° en duplicado en los 2 centros coordinadores (UDD y UC) y los datos correspondientes anonimizados fueron almacenados en el sistema RedCap. **Resultados:** La red de laboratorios MICROB-R cuenta, a la fecha, con 12 hospitales en 7 regiones desde donde se han recolectado 1050 cepas, habiéndose completado los estudios fenotípicos y genotípicos en 694 de ellas (70% de bacilos Gram negativos y 30% de cócáceas Gram positivas). En ENScef₃ destaca que el 78% de *K. pneumoniae* son multirresistentes siendo CTX-M la betalactamasa de espectro expandido predominante; en ENScarb predomina *K. pneumoniae* en donde el 55% poseen carbapenemasas (KPC-2) y en PANScarb, un 77% son multirresistentes y sólo el 38% posee VIM. Todas las cepas están almacenadas en el biorepositorio. **Discusión:** Se crea la red de Laboratorios MICROB-R y el primer biorepositorio nacional con la finalidad de mejorar el conocimiento de la epidemiología molecular de las bacterias resistentes circulando en Chile y promover la investigación en el área.

J2 - Investigación colaborativa en MICROB-R: 2 años después



Los desafíos regulatorios de la resistencia antimicrobiana en Chile bajo la mirada del enfoque One Health

Juan Alberto Lecaros Urzúa¹.

(1) Profesor Asociado y Director del Observatorio de Bioética y Derecho del Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM) de la Facultad de Medicina Clínica Alemana Universidad del Desarrollo. Investigador Adjunto del Núcleo Milenio para la Investigación

La evidencia nos muestra que la capacidad de la regulación, obligando o prohibiendo conductas, tiene la virtud de alinear nuestros comportamientos sociales a un objetivo común con mayor eficacia, tal vez, que campañas educativas que tienen resultados inciertos. Pero también hay que tener en cuenta que la regulación sin medidas adecuadas de implementación, fiscalización y con profesionales capacitados y ciudadanos educados dispuestos a hacer un uso racional de los antibióticos, pierde toda efectividad. Por lo mismo, es clave mejorar la regulación existente y llenar las brechas junto con fortalecer la institucionalidad para su implementación. Para ello estamos creando una base de datos (un repositorio legal) con información de la legislación comparada de aquellos países que han avanzado en sus políticas regulatorias en RAM (Canadá, Estados Unidos, Australia, Bélgica, Francia y Suecia), con el objetivo de apoyar al proceso regulatorio de nuestro país. Hasta el momento nuestra legislación ha sido bastante dispersa sin un enfoque regulatorio que integre y coordine las normas de salud humana, salud animal y salud ambiental. Los expertos recomiendan identificar los vacíos y deficiencias legales y modificar los cuerpos legales respectivos, en temas como: i) autorización y registro de productos de medicina veterinaria, con etiquetado claro, reglas de empaque y publicidad; ii) reglas de concesión de licencias sobre producción, distribución, venta y eliminación de medicina veterinaria; iii) evaluar prohibición de antibióticos por razones no terapéuticas; iv) reglas sobre el correcto uso por razones terapéuticas; v) reglas sobre la eliminación de desechos y aguas de la producción y restos de antimicrobianos; vi) un sistema regulatorio para inspeccionar, monitorear y hacer cumplir lo anterior. Actualmente en nuestro país se está tramitando una ley contra la resistencia a los antimicrobianos que dispone en seis artículos obligaciones genéricas, sin establecer una entidad encargada de la elaboración, coordinación e implementación de las políticas y programas sobre esta materia, además de modificar otros cuerpos legales como el Código Sanitario, Ley de protección animal y la ley general de pesca y acuicultura.

J2 - Investigación colaborativa en MICROB-R: 2 años después

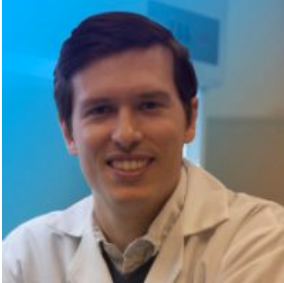


Investigación comunitaria en MICROB-R

Rafael Araos¹.

(1) Investigador del grupo de Genómica y Resistencia Microbiana (GeRM) de la Facultad de Medicina Clínica Alemana Universidad del Desarrollo. Investigador Joven del Núcleo Milenio para la Investigación Colaborativa en Resistencia Antimicrobiana (MICROB-R).

J3 - Análisis de la interacción patógeno-hospedero para el desarrollo de nuevas estrategias antivirales



Novel host-HSV interactions in disease and treatment

Pablo Alberto González Muñoz^{1,2}.

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Portugal 49, Santiago, Chile.

(2) Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Portugal 49, Santiago, Chile.

Herpes simplex viruses infects humans at a high prevalent worldwide. Once infection occurs, it is lifelong. Clinical symptoms elicited by HSVs vary from mild to severe, with the most common disease manifestations being herpetic skin lesions in the orofacial and genital areas that occasionally recur. Although nucleoside analogues that interfere with HSV replication exist, such as acyclovir, these drugs are poorly effective in treating skin lesions as topical formulations and only reduce in one or few days the duration of ulcers. Hence, novel strategies to combat HSV-related disease are needed that either directly affect the virus or allow the host to better respond to infection. In the last years, we have identified novel strategies that may help counteract HSV infection by testing these approaches *in vitro* and in animal models.

This work are supported by the Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy (P09/016-F) and FONDECYT grant #1190864 from the Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID).

J3 - Análisis de la interacción patógeno-hospedero para el desarrollo de nuevas estrategias antivirales



Proviral amylin and amyloidogenic viral peptides link VZV with Alzheimer's Disease

Maria Nagel¹

(1) University of Colorado School of Medicine, Neurology and Ophthalmology, Aurora, Colorado, USA.

Alzheimer's disease (AD) is a progressive neurodegenerative disorder characterized by accumulation of insoluble forms of amyloid (comprised of A-beta and amylin peptides) in plaques in extracellular spaces and vessels, aggregation of microtubule protein tau in intracellular neurofibrillary tangles, ischemia and neuroinflammation. The cause of amyloid plaque formation in sporadic AD is complex, but pathogens have been proposed as triggers. Varicella zoster virus (VZV) is a strong candidate because VZV and AD share several clinic histopathological correlates: both are diseases of the elderly and produce cerebrovascular disease, neuroinflammation and long term cognitive impairment. Thus, we examined how VZV can contribute to AD progression through the production of amyloidogenic peptides and amyloid in cerebrospinal fluid (CSF) from patients with stroke due to VZV (VZV vasculopathy) and in VZV-infected primary human perineurial cells, astrocytes and brain vascular adventitial fibroblasts. Compared to stroke controls, CSF from VZV vasculopathy subjects had elevated levels of the AD-associated amyloidogenic protein, amylin, and of amyloid fibrils that correlated with viral titers; A-beta-40 was significantly reduced and -42 unchanged. In VZV-infected cells *in vitro*, amylin was upregulated with a proviral function, intracellular amyloid deposited, and an extracellular amyloidogenic environment produced. Subsequently, we showed that VZV glycoprotein B peptides form amyloid fibrils and increase fibril formation with amylin in a dose-dependent manner. These results indicate that viruses may contribute to the pathogenesis of AD by upregulating cellular amyloidogenic proteins and producing self-aggregating viral peptides that accelerate amyloid fibrillization.

J3 - Análisis de la interacción patógeno-hospedero para el desarrollo de nuevas estrategias antivirales



Herpesvirus integration and evolution of vaccine resistant herpesviruses

Benedikt Kaufer¹

(1) Freie Universität Berlin, Berlin, Germany.

The establishment of latency allows herpesviruses to persist in the host for life. The dogma has been that all herpesviruses maintain their genome as a circular episome. However, several herpesviruses have recently been shown to integrate their genome into telomeres of latently infected cells. Among these are human herpesvirus 6A (HHV-6A) and 6B (HHV-6B) that maintain their integrated virus genome in the absence of episomal DNA. Integration of HHV-6 also occurs in germ cells, resulting in individuals that harbor the integrated virus genome in every single cell of their body and transmit it to their offspring. This condition has been termed inherited chromosomally integrated HHV-6 (iciHHV-6). About 1% of the human population have this condition, while the biological and medical consequences for these individuals remain poorly understood. The presentation will focus our recent advances in the understanding of this integration mechanism and its role in pathogenesis. Furthermore, I will highlight our recent work on the evolution of vaccine resistant herpesviruses.

J4 - From the clinic to the bench: The interplay between *Pseudomonas aeruginosa*, platelets and lung injury



Modulation of the lung immune response during *Pseudomonas aeruginosa* pneumonia: role of thrombospondin-1, IL-36 γ and platelets

Hernán Peñaloza¹, Tolani Olonisakin¹, Rick van der Geest¹, Yanyan Qu¹, Zeyu Xiong¹, Joel Ybe², Theodore Standiford³, Janet Lee¹

(1) Acute Lung Injury Center of Excellence, Division of Pulmonary, Allergy, and Critical Care Medicine, Department of Medicine, University of Pittsburgh, Pittsburgh, PA, USA.

(2) Department of Environmental and Occupational Health, School of Public Health, Indiana University, Bloomington, IN, USA.

(3) Pulmonary and Critical Care Medicine, Department of Medicine, University of Michigan, Ann Arbor, MI, USA.

IL-36 γ , a member of the IL-1 cytokine family, is induced early during *Pseudomonas aeruginosa* (PA) infection. To be fully active, IL-36 γ requires N-terminal processing by proteases like neutrophil elastase (NE). PA secretes a metalloprotease LasB that can amplify neutrophilic inflammation. However, whether LasB cleaves and activates IL-36 γ remains unknown. During PA infection, thrombospondin-1 (TSP-1), a host matricellular protein, inhibits LasB and NE activity, preventing excessive lung inflammation and providing protection to the host. We hypothesized that PA-derived protease LasB amplifies neutrophilic inflammatory response through cleavage of IL-36 γ , which is efficiently down-modulated by TSP-1. Using cell-free supernatant (SN) of PA₁₄, PA₁₄lasB::Tn5 transposon mutant lacking LasB, and small molecule LasB inhibitor we determined by SDS-page and Edman degradation that PA₁₄ SN induced the cleavage of full-length IL-36 γ proximal to M19. SN from PA₁₄lasB::Tn5 or PA₁₄ in the presence of LasB inhibitor attenuated cleavage of IL-36 γ , suggesting that IL-36 γ cleavage by PA₁₄ is mediated by LasB. To evaluate whether IL-36 γ amplifies the inflammatory response in the absence of TSP-1, wildtype and TSP-1 deficient mice (Thbs1^{-/-}) were intratracheally (i.t.) inoculated with PA₁₄ (10⁶ CFUs) and IL-36 γ -neutralizing antibody or control IgG were administered intraperitoneally. Following IL-36 γ neutralization, Thbs1^{-/-} mice showed restrained airspace NE activity, reduced production of pro-inflammatory cytokines involved in neutrophil recruitment and activation, and improved lung PA clearance. Conversely, IL-36 γ instillation induced enhanced airspace neutrophil recruitment, and NE activity in Thbs1^{-/-} mice compared to WT mice. In conclusion, during acute pulmonary PA infection TSP-1, actively produced by platelets, improves host defense by tempering IL-36 γ -mediated neutrophilic lung inflammation which is amplified by host and PA proteases. Platelets are major producers of TSP-1 and thrombocytopenic mice show a remarkable susceptibility to PA infection. Using a conditional knock-out mouse line in which platelets do not produce TSP-1, we are currently evaluating the role of TSP-1 produced by platelets in the inflammatory response against PA.

J4 - From the clinic to the bench: The interplay between *Pseudomonas aeruginosa*, platelets and lung injury



Elastase activity from *Pseudomonas aeruginosa* respiratory isolates and ICU mortality

Jill Zupetic¹, Hernán F Peñaloza¹, William Bain¹, Mei Hulver¹, Roberta Mettus², Peter Jorth³, Yohei Doi², Jennifer Bomberger², Joseph Pilewski¹, Mehdi Nouraie¹, Janet S. Lee¹

(1) University of Pittsburgh, PACCM, Pittsburgh, PA, USA.

(2) University of Pittsburgh, Infectious Diseases, Pittsburgh, PA, USA.

(3) Cedars-Sinai Medical Center, Department of Pathology and Laboratory Medicine, Los Angeles, CA, USA.

Rationale: *Pseudomonas aeruginosa* (PA) is a common cause of respiratory infection and morbidity. *Pseudomonas* elastase is an important virulence factor that contributes to lung tissue damage in mice, however whether PA elastase activity is associated with worse clinical outcomes in critically ill patients is unknown. **Research Question:** We examined PA respiratory isolates in a cohort of ICU patients from two tertiary-care centers within the University of Pittsburgh Medical Center (UPMC) health system to determine the association between pathogen elastase activity and host outcomes. **Methods:** PA respiratory isolates from 238 unique ICU patients were prospectively collected and screened for total protease and elastase activity, biofilm production, antimicrobial resistance, and polymicrobial status. Clinical data was collected to determine patient outcomes including 30-day mortality. Lung inflammation and injury was evaluated in a mouse model using a PA high elastase versus non-elastase producer. **Results:** PA elastase activity was common in ICU respiratory isolates representing 75% of samples and was associated with increased 30-day mortality [adjusted OR (95% CI): 1.39 (1.05-1.83)]. Subgroup analysis demonstrated that elastase activity is a risk factor for 30 and 90-day mortality in the early sample group while antimicrobial resistance was a risk factor for 90-day mortality in the late sample group. Mice infected with a high elastase producer showed increased lung bacterial burden and inflammatory profile compared to mice infected with a non-elastase producer. **Conclusion:** Elastase activity is associated with 30-day ICU mortality. A high elastase producing clinical isolate confers increased lung tissue inflammation compared to a non-elastase producer *in vivo*.

J4 - From the clinic to the bench: The interplay between *Pseudomonas aeruginosa*, platelets and lung injury



Platelets inhibit apoptotic lung epithelial cell death and protect mice against infection-induced lung injury

William Bain¹.

(1) University of Pittsburgh, Medicine - Pulmonary, Allergy, and Critical Care Medicine.

Thrombocytopenia is associated with worse outcomes in patients with the acute respiratory distress syndrome (ARDS), which is most commonly caused by infection and marked by alveolar-capillary barrier disruption. However, the mechanisms by which platelets protect the lung alveolar-capillary barrier during infectious injury remain unclear. We found that natively thrombocytopenic *Mpl*^{-/-} mice deficient in the thrombopoietin receptor sustain severe lung injury marked by alveolar barrier disruption and hemorrhagic pneumonia with early mortality following acute intra-pulmonary *Pseudomonas aeruginosa* (PA) infection; barrier disruption was attenuated by platelet reconstitution. Although PA infection was associated with a brisk neutrophil influx, depletion of airspace neutrophils failed to substantially mitigate PA-triggered alveolar barrier disruption in *Mpl*^{-/-} mice. Rather, PA cell-free supernatant was sufficient to induce lung epithelial cell apoptosis *in vitro* and *in vivo* and alveolar barrier disruption in both platelet-depleted mice and *Mpl*^{-/-} mice *in vivo*. Cell-free supernatant from PA with genetic deletion of the Type 2 secretion system but not the Type 3 secretion system mitigated lung epithelial cell death *in vitro* and lung injury in *Mpl*^{-/-} mice. Moreover, platelet releasates reduced PARP cleavage and lung injury in *Mpl*^{-/-} mice and boiling of platelet releasates but not apyrase treatment abrogated PA supernatant-induced lung epithelial cell cytotoxicity *in vitro*. These findings indicate that, while neutrophil airspace influx does not potentiate infectious lung injury in the thrombocytopenic host, platelets and their factors protect against severe pulmonary complications from pathogen-secreted virulence factors that promote host cell death even in the absence of overt infection.

This work was supported by the National Heart, Lung, And Blood Institute Award Numbers 4T32 HL007563 and F32 HL142172. Dr. Bain is currently funded by the United States Department of Veterans Affairs award IK2 BX004886.

J4 - From the clinic to the bench: The interplay between *Pseudomonas aeruginosa*, platelets and lung injury



The increasing prevalence of *Pseudomonas aeruginosa* infections in Chilean hospitals: the first signal of an ongoing worldwide phenomenon

Manuel Alcalde-Rico^{1,2}, Lina María Rivas^{1,3}, Aniela Wozniak^{1,4}, Alejandra Vera⁵, Gerardo González-Rocha^{1,5}, José Manuel Munita^{1,3}, Patricia García Cañete^{1,4}, Jorge Andrés Olivares-Pacheco^{1,2}. (1) Millennium Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Millennium Science Initiative, Santiago, Chile. (2) Grupo de Resistencia Antimicrobiana en Bacterias Patógenas y Ambientales (GRABPA), Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile. (3) Genomics & Resistant Microbes (GeRM), Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina, Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Chile. (4) Departamento de Laboratorios Clínicos. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago, Chile. (5) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Departamento de Microbiología-Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

Pseudomonas aeruginosa is one of the most important opportunistic pathogens worldwide, since it presents one of the highest morbidity and mortality rates, mainly due to its high antibiotics resistance and virulence. Although, a few years ago, Chilean hospitals presented a higher incidence of other bacterial pathogens different to *P. aeruginosa*, the current situation is changing and different types of *P. aeruginosa* infections associated with health care are worryingly increasing. Taking into account that carbapenem-resistant *P. aeruginosa* is one of the priority pathogens established by WHO for searching and discovering new antimicrobials, it is important to know how the increased clinical incidence of *P. aeruginosa* infections observed in Chile could be affecting the carbapenem resistance level of this pathogen. Different works have evidenced that, in recent years, *P. aeruginosa* clinical isolates are showing a very significant increase in carbapenems resistance, which also leads to an increase in both multi-drug resistance and the acquisition of carbapenemases by horizontal gene transfer (HGT). Furthermore, an increase in carbapenemases diversity has been observed in clinical isolates of *P. aeruginosa* and other healthcare-associated pathogens, which is even more worrying considering that, in some cases, these enzymes were associated to clonal populations that could be favoring their prevalence and dispersion. However, the presence of these enzymes is not the most frequent carbapenem resistance mechanism in *P. aeruginosa*, becoming evident that studies focused on non-carbapenemase producer clinical isolates should be carried out. In this sense, we wanted to analyze the activity of Ceftolozane/Tazobactam (C|T), a new combined antipseudomonal antibiotic, against carbapenem-resistant, non-carbapenemase producer, *P. aeruginosa* strains isolated from Chilean hospitals. The results showed a really good activity of C|T against this type of isolates, but also evidenced a decreased activity when isolates presented resistance to several families of β -lactams. Therefore, this antibiotic represents a good alternative for treatment of this type of infection, but its use has to be carefully applied for treatment of those caused by Pan- β -lactam-resistant isolates. All this highlights the current critical situation in Chile regarding *P. aeruginosa* infections, a situation which could be further worrying in a pandemic world. Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo a través del programa FONDECYT de postdoctorado (FONDECYT N° 3200798) y de la iniciativa Milenio (MICROB-R, Ref: NCN17-08).

J5 - Global Vaccine Research, Development, and Future Perspective for Chile



Una estrategia segura e inmunogénica para el desarrollo de una vacuna contra el metaneumovirus humano

Jorge Soto¹, Nicolás Gálvez¹, Gisela Canedo¹, Gaspar Pacheco¹, Susan Bueno¹, Alexis Kalergis^{1,2}.

(1) Millennium Institute of Immunology and Immunotherapy, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Alameda 340., Santiago, Chile.

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Endocrinología, Facultad de Medicina, Alameda 340, Santiago, Chile.

Human Metapneumovirus (hMPV) is a respiratory virus considered one of the major etiological agents for acute lower respiratory tract infections (ALRTIs) in children, elderly and immunocompromised people worldwide, promoting similar symptoms and clinical pathologies. Today, there are not licensed vaccines for either of those viruses. Our group has developed different recombinant Mycobacterium bovis Bacillus Calmette-Guérin (BCG) strains as vaccine candidates against two different pneumovirus; human respiratory syncytial virus, and human Metapneumovirus. Remarkably, the vaccine against hMPV (rBCG-P) promotes cellular protection against the virus, accompanied by CD₄ + and CD8 + T cells and different B cell types. Furthermore, the humoral immune response characterized by serum and mucosal antibodies induced by the vaccine would promote better virus clearance than cellular immune response.

Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy (P09/016-F). FONDECYT POSTDOCTORAL 3190590.

J5 - Global Vaccine Research, Development, and Future Perspective for Chile



Protein microarrays and antibody diversity

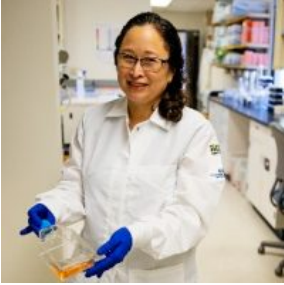
Rafael Ramiro de Assis¹.

(1) University of California Irvine, Physiology and Biophysics, Proj. Scientist, 389 Med Surge2, Irvine, United States.

Since the dawn of the “omics” era, large scale bread studies have revolutionized many fields of study and allowed a much faster pace for discovery of new drug targets, diagnostics targets and vaccine candidates. In this context, the protein microarray allows for an unmatched explorative screening of the antibody response to infectious and non-infectious diseases. This “immunomics” type of approach allows for the interrogation of nearly the entire proteome of many infectious agents in search for specific markers that allow for precise prognostics, serosurveillance, diagnostics discovery vaccine discovery. Although protein antigen interrogation of the immune response is not a new field, the main hindrances for the construction of true high throughput microarrays have been on the microarray production, mainly on the high cost and complex classical cloning, protein expression and purification methods. With the advance of the cloning and cell-free expression techniques as well as imaging electronics, our group has developed a more accessible and deployable microarray platform that allows for the screening of over 60.000 antigens from dozens of organisms. As an example, this platform has allowed us to quickly investigate the antibody diversity on novel infectious agents such as the SARS-CoV-2 virus, as well as demonstrate the low levels of cross reactivity of naïve populations, despite the existence highly ubiquitous Coronavirus strains; investigate the seroconversion patterns of newly infected individuals and the antibody diversity of convalescent individuals. In addition, this platform has allowed the investigation of the antibody response to vaccines of common pathogens such as influenza, allowing for a better understanding of the effects of adjuvants in the differential response to the vaccine. Here we explore the high-level antibody response to viral infection, a recombinant vaccine, approaches only possible with a comprehensive immunological screening of the antibody response diversity. A more ideal approach would be one that would enable a more comprehensive immunological screen of the entire proteome.

HDTRA1-16-C-0009, HDTRA1-18-1-0035, HDTRA1-18-1-0036 and UCI-CRAFT-COVID.

J5 - Global Vaccine Research, Development, and Future Perspective for Chile



Magnitude and breadth of antibody cross-reactivity induced by recombinant influenza hemagglutinin H5 trimer vaccine: a TLR agonist-based combination adjuvant survey

Jenny Davies¹, Jiin Felgner¹, Shirin Strohmeier², Tyler Albin³, Egest Pone¹, Sharon Jan¹, Aarti Jain¹, Florian Krammer², Aaron Esser-Khan⁴, Huw Davies¹.

(1) University of California, Irvine, Department of Physiology Biophysics, 825 Health Sciences Road, Medical Sciences I, Room D340, Irvine, CA 92697-4560, Irvine, United States of America.

(2) Department of Microbiology, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY 10029, USA.

(3) Department of Chemistry, University of California, Irvine, CA 92697, USA.

(4) Institute of Molecular Engineering, University of Chicago, IL, USA.

The majority of current influenza virus seasonal 'split' vaccines are detergent extracts of inactivated virions propagated in eggs, and administered intramuscularly without adjuvant. Although safe, immunogenicity is weak and protection is only afforded against circulating strains that are well matched to the vaccine strains. Consequently, efficacy varies and protection wanes as drift mutants emerge. Influenza viruses with pandemic potential, such as H5N1 have also undergone antigenic drift that may compromise the efficacy of pre-pandemic vaccines if they emerge in humans. The effects of adjuvants for increasing the immunogenicity of influenza vaccines, particularly in the extremes of age, for dose sparing, and for accelerating the response are well known. However, the effect of adjuvants on increasing the breadth of cross-reactivity for other drifted variants, and potentially other subtypes, is relatively less well understood, but could help address the underlying problem with mismatch between seasonal vaccine and drifted circulating strains. In this study we have performed a systematic screen of different toll-like receptor (TLR) agonists on the immunogenicity of a recombinant H5 (A/Viet Nam/1203/2004) trimer vaccine as a model, and quantified cross-reactivity for H5 variants and other subtypes (homosubtypic and heterosubtypic cross-reactivity, respectively) using a protein microarray approach. We report that a combination adjuvants containing CpG, MPLA and Addavax (hereby referred to IVAX-1) yield the greatest breadth of cross-clade antibody responses and produce a balanced Th1 and Th2 type antibody and cytokine responses.

Defense Threat Reduction Agency (DTRA), Grant# HDTRA1-1-18-0036.

J6 - Impacto de la pandemia, las cuarentenas y las decisiones institucionales en el futuro desarrollo de la microbiología en Latinoamérica



Impacto de la pandemia, las cuarentenas y las decisiones institucionales en el futuro desarrollo de la microbiología en Latinoamérica

Claudia Saavedra S¹.

(1) Profesora Titular. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Andrés Bello, Chile.

La situación de emergencia sanitaria debida al COVID-19 se ha traducido en la toma de decisiones y recomendaciones de los diferentes gobiernos y organismos supranacionales, que han resultado en un profundo impacto de las actividades científicas, académicas, en los propios sistemas de salud, en la economía y en la vida cotidiana de cada país durante esta pandemia. La ASM (American Society for Microbiology) reúne al más importante número de microbiólogos a nivel global, y ha tenido una participación importante como foro de opinión, y proporciona diferentes recursos sobre los aspectos relacionados con el virus, y la enfermedad. Entre las actividades internacionales desarrolladas en el seno de la ASM está cuenta con un grupo de embajadores que intentan llevar sus impresiones a la misma, y difunden las actividades de la ASM, actuando como nexos con la comunidad de microbiólogos en cada uno de sus países, muchas veces a través del contacto con las diferentes sociedades científicas nacionales. Por ello, en esta ocasión en el congreso de la Sociedad de Microbiología de Chile los embajadores de Latino América, mostrarán las apreciaciones en relación a los profundos impactos de la pandemia y las decisiones tomadas sobre las actividades en el área de la microbiología, y la comunidad científica de sus respectivos países, sin que esto se limite a un área en particular, ya que la composición del cuerpo de embajadores es heterogénea en su campo de acción y áreas de experticia. Además de reflejar lo acontecido en países como Uruguay, Argentina, Colombia, Brasil, Santo Domingo y Chile que han tenido respuestas muy diferentes. Esperamos que de estas exposiciones surjan algunas conclusiones que permitan discutir algunas acciones que mitiguen el impacto negativo que parece marcar la situación actual.

ASM embajadores Latinoamericanos.

V1 - Uso de bacteriófagos como antimicrobianos: ecología, genómica y evolución



Uso de bacteriófagos como controladores en acuicultura

Jaime Romero², Karina Kramm², Gastón Higuera², Rodrigo Rojas¹, Claudio Miranda¹.

(1) Universidad Católica del Norte, Departamento de Acuicultura, Facultad de Ciencias del Mar, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile.

(2) Universidad de Chile, Unidad de Alimentos, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, El Líbano 5524, Santiago, Chile.

La acuicultura se ha convertido en el sector de producción animal de más rápido crecimiento en el mundo. Frente a los limitados recursos pesqueros disponibles, la acuicultura ha incrementado su contribución al consumo mundial de pescado per cápita (54%, 2017). Chile tiene una interesante oportunidad para la diversificación y expansión acuícola por su experiencia en cultivo intensivo (salmónidos) y la extensa zona costera que alberga varias especies de interés comercial. Uno de los desafíos para la diversificación de la acuicultura es el control de enfermedades bacterianas. La vibriosis es una de las enfermedades más comunes en los "hatcheries" de acuicultura marina tanto en cultivo de peces como de moluscos. En tanto, la piscirickettsiosis (conocida como SRS) causada por *Piscirickettsia salmonis* es la enfermedad bacteriana más importante en la salmonicultura chilena y afecta a peces en fase de engorda. En ambos casos, los antibióticos han sido empleados como una estrategia de control, sin embargo, la aparición de resistencia a estos fármacos ha promovido la búsqueda de alternativas de tratamiento. El uso de fagos para el control de enfermedades o fagoterapia, se ha propuesto ya que presenta diversas ventajas respecto de los antimicrobianos convencionales. Entre estas se destaca su carácter natural, su efectividad contra bacterias resistentes a antibióticos y su alta especificidad, por lo que no produciría alteraciones en el medio ambiente o la microbiota del hospedero. Sin embargo, los fagos pueden desempeñar un papel importante en la transferencia horizontal de genes entre poblaciones bacterianas, incluidos genes de virulencia, lo cual es especialmente preocupante en el contexto de la acuicultura. En este caso, las endolisinas derivadas de fagos aparecen como una alternativa para soslayar algunas de estas dificultades. En esta presentación cubriremos los avances en fagoterapia frente a los principales patógenos de la acuicultura chilena.

Fondecyt 1200523; FIE-2015-Vo14 Programa para la Gestión Sanitaria en Acuicultura.

V1 - Uso de bacteriófagos como antimicrobianos: ecología, genómica y evolución



Aplicaciones de bacteriófagos en la industria de los alimentos

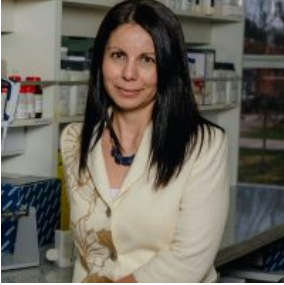
Verónica García^{1,2}, Matías Aguilera^{1,2}, Sofía Martínez^{1,2}.

- 1) Centro de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (CECTA-USACH), Universidad de Santiago de Chile, Obispo Manuel Umaña 050, Estación Central, Santiago, Chile.
- (2) Universidad de Santiago de Chile, Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Tecnológica, Alameda 3363, Santiago, Chile.

Las enfermedades transmitidas por los alimentos tienen un fuerte impacto en la salud pública, además de importantes consecuencias económicas. Es por ello que el sector productivo está constantemente en búsqueda de nuevas tecnologías aplicables en esta industria, siendo una de ellas el uso de antibióticos en producción primaria. Esta práctica trajo como consecuencia un aumento en las cepas bacterianas resistentes a los antibióticos y en consecuencia una regulación en su aplicación. En este sentido la industria requiere de antimicrobianos que sean efectivos, amigables con el medio ambiente y que tengan la capacidad de actuar sobre bacterias resistentes a los antibióticos. Siendo los bacteriófagos una alternativa atractiva para este problema. La carne de pollo es un alimento que ha tenido un fuerte aumento en su consumo, sin embargo, su alta carga microbiana, además de la presencia de patógenos como *Salmonella* y *Campylobacter jejuni* tiene un fuerte impacto en su producción. En este sentido nuestro laboratorio ha trabajado en la búsqueda de soluciones basadas en bacteriófagos aplicables a esta industria en las distintas etapas productivas. Estas soluciones buscan el control de patógenos además de aumentar la vida útil mediante la disminución de carga microbiana. Para ello hemos aislado y caracterizado bacteriófagos de distintas bacterias y hemos realizado pruebas a nivel de laboratorio que muestran la efectividad de estos agentes.

Proyecto Dicyt 021971GM_DAS Corfo 16PTECAE-66644

V1 - Uso de bacteriófagos como antimicrobianos: ecología, genómica y evolución



Dinámica de la población y resistencia de la *Salmonella Enteritidis* a un fago lítico

Andrea Moreno Switt^{1,2}

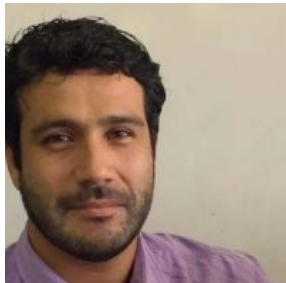
(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria.

(2) Millennium Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance, MICROB-R.

Los fagos están en constante interacción con sus hospederos en el medio ambiente, por lo tanto, los fagos se consideran antimicrobianos en evolución, los que pueden reducir bacterias como *Salmonella Enteritidis*. El objetivo del estudio fue determinar la dinámica de la población de *Salmonella* y de un fago lítico mediante coevolución experimental. Se realizaron ensayos en dos medios TSB y medio mínimos (MM), en los que se inocularon fagos y bacterias en cultivos líquidos de 50 mL, se transfirió 1/100 de la mezcla al medio fresco diariamente durante 21 días. Cada 24 h, se midió la densidad óptica y el título de viral. Se seleccionaron 20 colonias en los días 1, 12 y 21 para evaluar la evolución de la resistencia a las poblaciones de fagos pasadas, presentes y futuras. El comportamiento de la dinámica fue modelado y simulado con modelos matemáticos de acción de masas. Se secuenciaron poblaciones de bacterias y fagos de los días 1 y 21 y se determinaron los SNPs. En los ensayos realizados en TSB, el cultivo de *Salmonella* aumentó el primer día hasta alcanzar una densidad óptica de 1,5 y en MM aumentó hasta una densidad óptica de 0,8. En ambos casos, la población de *Salmonella* se mantuvo durante los 21 días del experimento. El título de fagos en TSB aumentó el primer día en 4 logs (log₁₀ PFU/mL), sin embargo, disminuyó gradualmente 3 logs, pero se mantuvo. Los ensayos de resistencia mostraron una dinámica de coevolución fluctuante en MM y no se observó coevolución en TSB. A pesar de la evolución de los mutantes de *Salmonella* resistentes, la estabilidad de la población de fagos líticos en este sistema es coherente con el modelo de resistencia a las fugas. SNPs fueron encontrados en ambos modelos en genes codificantes de proteínas asociados a resistencia a fagos. Este estudio muestra la coevolución y la resistencia a los fagos en *Salmonella*, lo que constituye un conocimiento fundamental para el diseño de estrategias de biocontrol basadas en fagos para aplicaciones alimentarias.

FONDECYT 1181167

V1 - Uso de bacteriófagos como antimicrobianos: ecología, genómica y evolución



Bacteriófagos para control de fitopatògenos

Gastón Higuera¹, Francisca Vera¹, Rodrigo Herrera², Loreto Pratt², Alan Zamorano², Nicola Fiore², Pamela Córdova¹, Jaime Romero¹.

(1) Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos de la Universidad de Chile, Laboratorio de Biotecnología de los Alimentos, Av. El Líbano 5524, Macul, Santiago, Chile.

(2) Universidad de Chile, Facultad de Agronomía, Sta. Rosa 11315, La Pintana, Santiago, Chile.

Chile es líder en exportaciones frutícolas del hemisferio sur, y el primero del mundo para algunas variedades de frutas. Logrando ingresar en mercados tan exigentes como los europeos y asiáticos. A la fecha, hay más de 294.000 ha destinadas a este rubro entre las regiones de Atacama y Los Lagos. Sin embargo, enfermedades provocadas por bacterias fitopatógenas en frutales generan constantes pérdidas productivas. El control clásico de estas bacterias fitopatógenas, se basa en reiteradas aplicaciones de productos cúpricos, y en algunos casos se complementa con antibióticos. Este hecho trajo como consecuencias la selección de cepas resistentes a Cu²⁺ y antibióticos. En Chile dos de los principales cultivos de frutas son nogales y carozos. Estos son afectados por las bacterias fitopatógenas de *Xanthomonas arboricola* pv *juglandis* (Xaj) y *Pseudomonas syringae* pv *syringae* (Pss), respectivamente. Nuestra investigación estableció que 70% y 60% de aislados de Xaj y Pss nacionales resultaron ser tolerantes al cobre, respectivamente. Para antibiótico, 44 % de Pss fueron tolerantes a estreptomycinas. Finalmente, se evaluó el uso de bacteriófagos como un potencial control de Xaj, nuestros resultados determinaron un 52,72% y 53,34% de control de la infección, en los ensayos de frutos y plántulas de nogal respectivamente.

Concurso nacional inserción de capital humano avanzado en la academia (CONICYT. N° PA179170055). 2019 U-inicia Reforzamiento de Inserción en Investigación de Nuevos Académico.

V2 - Avances y aplicación del microbioma intestinal



Ingeniería del microbioma: especies clave, modelos metabólicos y diseño de biosensores terapéuticos

Daniel Garrido¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Ingeniería, Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile.

Recientemente se han hecho grandes avances aportando a la comprensión de cómo la microbiota intestinal influye la salud humana. Esto ha permitido el avanzar en estrategias para poder modular de forma racional la composición de la microbiota, tanto en el tratamiento como en la prevención de ciertas enfermedades inflamatorias. La fermentación de sustratos de la dieta, principalmente polisacáridos, influencia múltiples interacciones bacterianas, o cross-feeding. Estas interacciones resultan en distintos perfiles de ácidos grasos de cadena corta, los principales efectores metabólicos de la microbiota. Hemos estudiado que dentro de un consorcio microbiano que usa inulina como sustrato, algunas especies juegan un rol metabólico esencial en la producción de butirato. Esto fue determinado cultivando un consorcio de 15 especies en biorreactores, repitiendo el experimento pero eliminando una a una cada especie del consorcio. *Lachnoclostridium symbiosum* (Ls) y *Bacteroides dorei* (Bd) fueron especies clave en la producción de butirato por este consorcio. Hemos complementado estos estudios con el desarrollo de modelos metabólicos a escala genómica de estas bacterias. Estos modelos son reconstrucciones metabólicas curadas manualmente y testeadas por su validez. Los modelos indican que ambas bacterias realizan cross-feeding durante el crecimiento en xilano, pero parecen competir durante el crecimiento en inulina. En xilano, Bd aporta lactato y succinato a Ls, mientras que Ls aporta glutamato a Bd. Interesantemente, la combinación de ambas bacterias durante el crecimiento en xilano, demostró tener un efecto anti-inflamatorio en cultivo celular, así como un efecto protector contra el daño producido por la toxina TcdB. Finalmente, se ha avanzado en el diseño de probióticos modificados con propiedades terapéuticas. Nos centramos en propionato como molécula a sensor, cuya ausencia es indicativa de disbiosis, inflamación intestinal y pérdida de especies clave. Hemos diseñado un circuito génico el que en ausencia de propionato, gatilla la liberación de GM-CSF, una citoquina que muestra efectos anti-inflamatorios en IBDs. En resumen, esperamos poder mostrar ejemplos de cómo podemos usar herramientas de ingeniería y diseño de consorcios para aplicaciones terapéuticas usando el microbioma intestinal como target.

Fondecyt 1190074 SeedFund PUC 2020

V2 - Avances y aplicación del microbioma intestinal



Trasplante microbiota fecal, su utilidad más allá del *Clostridioides difficile*

Rodrigo Quera¹.

(1) Clínica Universidad de los Andes, Gastroenterología, Santiago, Chile.

El trasplante de microbiota fecal (TMF) está actualmente recomendado en la infección por *Clostridioides difficile* recurrente; sin embargo, es interesante conocer el potencial rol terapéutico en otras enfermedades asociadas a disbiosis. Esta conferencia se enfocará en las indicaciones actuales y potenciales en enfermedades gastrointestinales de TMF, evaluando la evidencia disponible y además exponer los requerimientos necesarios para llevarlo a cabo.

V2 - Avances y aplicación del microbioma intestinal



Rol de las bacterias del microbioma intestinal en enfermedades Gastrointestinales

Paulina Nuñez Figueroa^{1,2,3}.

(1) Universidad de Chile, Gastroenterología, Medicina Occidente, Santiago, Chile.

(2) Hospital San Juan de Dios, Gastroenterología.

(3) Clínica Indisa, Gastroenterología.

El microbioma intestinal se compone por billones de microorganismos que coexisten en un ecosistema organizado, dominando por bacterias anaerobias estrictas y facultativas. Cualquier alteración o pérdida de estos microorganismos puede generar una disbiosis, la cual puede estar asociada, tanto a enfermedades gastrointestinales como extraintestinales. Revisaremos los cambios en la microbiota intestinal asociados a algunas enfermedades gastrointestinales y el potencial rol que tiene el trasplante de materia fecal (TMF) en restablecer un ecosistema alterado.

V2 - Avances y aplicación del microbioma intestinal

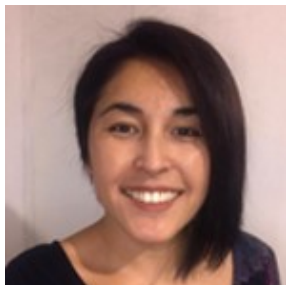


Bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta y su función en la salud animal

Pamela Thomson M¹.

(1)Escuela de medicina Veterinaria. Facultad de Ciencias de la Vida. Universidad Andrés Bello. Chile.

V3 - Microbiólogas Chilenas



Importancia de los procesos de N-O glicosidación en la estructuración de la pared celular, procesos adhesión y virulencia en el hongo fitopatógeno *Botrytis cinerea*

Veronica Plaza Santana¹, Alice Pasten¹, Evelyn Silva², Luis Castillo¹.

(1) Universidad de La Serena, Biología, Ciencias.

(2) Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA).

El contacto principal del hongo con su huésped tiene lugar en la superficie celular. La pared celular de los hongos está compuesta por β -glucanos, α -glucanos, quitina y glicoproteínas. Por lo general, estos contienen oligosacáridos con enlaces N y O, acoplados a las proteínas mediante la adición escalonada de residuos de manosa mediante manosiltransferasas en el retículo endoplásmico y el aparato de Golgi. En este estudio, hemos identificado y caracterizado los genes *PMT₄* y *PMR₁* en *Botrytis cinerea* relacionados con los procesos de N y O glicosilación. De acuerdo a los datos obtenidos, en relación a la obtención de los mutantes Δ *bcpmt₄* y Δ *bcpmr₁* y posterior análisis fenotípicos de los mismos, demostraron que ambos mutantes presentan cambios significativos en la producción de conidios y formación de esclerocios. La integridad de la pared celular en los mutantes se analizó midiendo la sensibilidad a diferentes fármacos antifúngicos, incluido Calcofluor White (CW) (altera el ensamblaje de las fibrillas de quitina en la pared celular), Congo Red (CR) (altera el ensamblaje de las microfibrillas de β 1,3-glucano), SDS (detergente que perturba la integridad de la membrana celular). Por otro lado, ambos mutantes presentaron diferencias en las glicosilación de proteínas de pared celular, disminuyendo considerablemente la concentración de manosa, mientras que se detectó un incremento en la concentración de quitina. En relación a la virulencia, ambos mutantes mostraron una virulencia reducida en tomate (hojas y frutos) y frutos de manzana, así como también una formación de biopelícula reducida. Los resultados confirman que los genes *BcPMT₄* y *BcPMR₁* cumplen un rol importante en la manosilación de proteínas de pared celular, en la adhesión, esporulación y virulencia en el hongo fitopatógeno *Botrytis cinerea*.

FIC-R BIP 30485880-0

V3 - Microbiólogas Chilenas



Biomining by MICP for the selective removal of ions from seawater

Mariella Rivas¹, Dayana Arias^{1,2}.

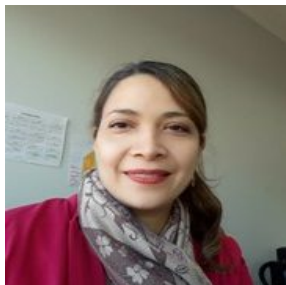
(1) Universidad de Antofagasta, Dpto. Biotecnología, Fac. Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Avda. Angamos 601, Antofagasta, Chile.

(2) Universidad de Antofagasta, Dpto. Ingeniería Química, Fac. Ingeniería, Avda. Angamos 601, Antofagasta, Chile.

Copper mining in Chile is mainly developed in the northern part of the country, where fresh water is a scarce resource, therefore seawater has become a powerful alternative to be used in mineral processes; however, reverse osmosis desalination is an expensive process favoring the use of seawater without desalinating, what presents disadvantages caused by ions such as Ca and Mg which are the main problem, for example in the flotation of molybdenite minerals. Microbially induced calcium carbonate precipitation (MICP) or bacterial-mediated biomineralization represent a feasible alternative for the selective precipitation of ions from seawater, for this purpose the use of ureolytic and halophilic (and/or halotolerant) bacteria has great advantages. By using the Christensen urea method, various ureolytic bacteria were selected from the salt flats at the Atacama Desert. Through the SEM-EDX and DRX analyses, its ability to precipitate crystals, mainly monohydrocalcite and struvite (31-66% and 24-27% respectively) was determined. Of those, *Bacillus subtilis* LN8B removes up to 97% calcium and 63% soluble magnesium from seawater in 14 bioassay days. Additionally, a calcification reactor was designed and built, and an experimental design was carried out determining the best conditions for its operation. Finally, *B. subtilis* LN8B was immobilized in PVA beads demonstrating the same efficiency in biodesalinating seawater compared to free bacterium. Subsequently, biodesalinated water (or biologically pretreated) was used in mineral processes of sedimentation and flotation, effectively demonstrating that the absence of these ions and the permanence of NaCl favors these processes.

Project Anillo ACM170005 Tailing & Seawater.

V3 - Microbiólogas Chilenas



Prevalencia de *Helicobacter pylori* en la Región de Aysén

Beatriz Zabala Torres¹, Miguel O'Ryan Gallardo², Marco Acuña³, Sergio Gaete⁴.

(1) Universidad de Aysén, Laboratorio de Microbiología Molecular, Eusebio Lillo 667, Coyhaique, Chile.

(2) Universidad de Chile, ICBM, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile.

(3) Seremi de Salud de Aysén, Departamento de Salud Pública, Moraleda 437, Coyhaique, Chile.

(4) Hospital Regional de Coyhaique, Unidad de Endoscopia, Jorge Ibar 068, Coyhaique, Chile.

Helicobacter pylori es una bacteria presente en casi la mitad de la población mundial, está asociada con la producción de gastritis crónica, úlceras pépticas y cáncer gástrico. Actualmente, el diagnóstico de patologías gástricas asociadas a *H. pylori* se realizan en la población cuando manifiesta sintomatología digestiva. El diagnóstico en pacientes sintomáticos se realiza con métodos invasivos como la endoscopia digestiva alta y test de ureasa. En la mayoría de los pacientes, *H. pylori* se detecta en estados iniciales de gastritis crónica y/o úlceras pépticas. Sin embargo, en algunos pacientes, los diagnósticos se realizan cuando el cuadro clínico está en una etapa muy avanzada o con cáncer gástrico, cuando las opciones terapéuticas son escasas. Los métodos diagnósticos no invasivos para detectar *H. pylori*, como la detección de Antígenos en deposiciones y la identificación de biomarcadores relacionados con daño gástrico, son herramientas que pueden ser dirigidas a población asintomática para determinar prevalencia de la infección y evidenciar signos de daño gástrico temprano. Los niveles séricos de Pepsinógeno (PG) I, II y la relación PGI/PGII se han utilizado como métodos diagnósticos no invasivos de detección temprana, estimación de riesgo de atrofia severa y cáncer gástrico en varias poblaciones. El mérito innovador de este proyecto es realizar investigación aplicada, enfocada en Determinar la prevalencia de la infección por *Helicobacter pylori* y biomarcadores asociados al riesgo de padecer cáncer gástrico, en población asintomática en la Región de Aysén. La detección de la infección por *H. pylori* se realizará en población asintomática de 15 a 19, 30 a 34, 45 a 49 y 60 a 64 años. Se realizará determinación de antígenos en deposiciones y los biomarcadores Pepsinógeno I, II y la relación PGI/PGII, mediante Elisa. Los participantes infectados serán tratados con antibióticos. Se evaluará la erradicación de *H. pylori* mediante una nueva detección de antígenos en deposiciones y de los biomarcadores Pepsinógeno I, II y la relación PGI/PGII. Con este proyecto esperamos aportar en la detección, manejo y tratamiento de la infección por *H. pylori* en población asintomática de la Región de Aysén y evitar complicaciones de patologías gástricas a largo plazo.

Fondo de Innovación para la Competitividad FIC N° 40010339-0. GORE - Región de Aysén

V3 - Microbiólogas Chilenas



Caracterización bioquímica y genómica de cepas bacterianas degradadoras de cipermetrina y productoras de biosurfactantes aisladas de sedimentos marinos desde la Patagonia Norte de Chile

Patricia Aguila¹, Jonathan Maldonado², Alexis Gaete³, Mauricio González³.

(1) Universidad Austral, Sede Puerto Montt, Escuela de Tecnología médica, Puerto Montt, Chile.

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile.

(3) Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, Santiago, Chile.

Los pesticidas causan severos daños al medio ambiente en los ecosistemas marinos. En los últimos diez años, la cipermetrina ha sido extensamente utilizada como un pesticida antiparasitario en la industria del salmón en la Patagonia Norte. El objetivo de este estudio fue la caracterización bioquímica y genómica de cepas bacterianas degradadoras de cipermetrina y productoras de biosurfactantes aisladas de muestras de sedimentos marinos contaminados con cipermetrina en el sur de Chile. Once cepas fueron aisladas por técnicas de cultivo de enriquecimiento y fueron identificadas por análisis de secuenciación del gen 16S rDNA. Las tasas más altas de crecimiento fueron observadas por cuatro aislados (MS13, MS15a, MS16 y MS19), que además exhibieron altos niveles de producción de biosurfactantes. El análisis de secuencia del genoma de estos aislados, reveló la presencia de genes que codifican componentes del metabolismo secundario en bacterias y las enzimas esterasa, piretroide hidrolasa y lacasa, las cuales han sido asociadas con diferentes vías de biodegradación de cipermetrina. Estos nuevos aislados bacterianos degradadores de cipermetrina y productores de biosurfactantes tienen un potencial biotecnológico para la biodegradación de sedimentos marinos contaminados con cipermetrina y sus genomas contribuyen al entendimiento de diferentes estilos de vida en ambientes extremos.

Este estudio fue financiado por el proyecto interno UACH Sede Puerto Montt 2018-03 (54613903), 1000 Genomes Chile, Proyecto FONDAP-CRG 15090007 e INTA-U.Chile.

COMUNICACIONES LIBRES - VIDEO PANEL

Búsqueda *in silico* de genes codificantes de sintetetas de péptidos no ribosomales (NRPSs) sideróforas en hongos del género *Pseudogymnoascus*

Anai Rallen Díaz Morales¹, Vicente Oliva¹, Mariana Montanares¹, Renato Chávez², Inmaculada Vaca¹.

(1) Universidad de Chile, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile.

(2) Universidad de Santiago de Chile, Facultad de Química y Biología, Av Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Santiago, Chile.

El estudio de los metabolitos secundarios de organismos fúngicos aislados de ambientes fríos es relevante debido a que por las condiciones ambientales hostiles en las que se producen, presentan habitualmente estructuras novedosas. En particular, son de especial interés los sideróforos, metabolitos secundarios que actúan como quelantes de hierro y que son producidos por sintetetas de péptidos no ribosomales (NRPSs). Estos compuestos son sintetizados por los microorganismos cuando se encuentran en condiciones con deficiencia de hierro, asegurando así la captación y biodisponibilidad de este metal para diversos procesos metabólicos. Las aplicaciones ilimitadas en diversas áreas de los sideróforos, hacen que su estudio sea un área de gran relevancia. En nuestro laboratorio, estamos interesados en el estudio de los sideróforos producidos por los hongos del género *Pseudogymnoascus*, un género muy poco estudiado que habita ambientes fríos como la Antártica. En este trabajo analizamos *in silico* la presencia de potenciales genes codificantes para NRPSs sideróforas en la cepa antártica *Pseudogymnoascus* sp. FAE27. Mediante el análisis del genoma de esta cepa con la herramienta antiSMASH se identificaron ocho clusters con NRPSs como enzima principal. Posteriormente, utilizando AUGUSTUS y BlastX, se logró establecer que las NRPSs de dos de estos clusters, las cuales se denominaron GymA y GymE presentan altos porcentajes de similitud con NRPSs sideróforas del género *Aspergillus* SidC y SidD. Tras el análisis con antiSMASH de los 26 genomas disponibles en las bases de datos del género *Pseudogymnoascus*, se determinó que GymE y GymA son las únicas NRPSs sideróforas del género. GymE está presente en 26 de los 27 genomas analizados, siendo por tanto la más prevalente y conservada del género, mientras que GymA está presente en 15 de los genomas. En resumen, nuestros resultados sugieren que la adquisición de hierro en los hongos del género *Pseudogymnoascus* se realiza principalmente mediante los sideróforos sintetizados por las enzimas GymE y GymA.

Este trabajo fue financiado por el proyecto Fondecyt 1150894. V.O. recibió la beca CONICYT-PFCHA/ Doctorado Nacional/2018-21181056.

Divergencia funcional y genómica comparativa de cepas de *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* aisladas de microbioma intestinal humano chileno

Romina Díaz¹, Alexis Torres¹, Guillermo Orellana¹, Daniel Garrido¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Facultad de Ingeniería, Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Chile.

Bifidobacterium longum subsp. *longum* representa un grupo dominante dentro del microbioma intestinal saludable de infantes y adultos. Su persistencia en la comunidad microbiana comensal intestinal ha evolucionado selectivamente con el huésped. Es posible que su adaptación ecológica en los diferentes nichos dependiendo de la edad, sea debido a la especificidad enzimática que algunas cepas de *B. longum* poseen para metabolizar diferentes glicanos. Sin embargo, las estrategias enzimáticas de *B. longum* aisladas del microbioma intestinal humano no han sido totalmente reveladas. En este estudio, el análisis *In silico* de cuatro cepas de *B. longum* subsp. *longum* aisladas de microbioma intestinal adulto chileno, y *B. longum* SC664 fueron comparadas genéticamente con genomas de *Bifidobacterium longum* para identificar divergencia funcional en genes asociados al consumo de oligosacáridos de leche materna. Los resultados de genómica predictiva revelaron que *B. longum* D4 posee una lacto-N-biosidasa (E.C 3.2.1.140) capaz de hidrolizar lacto-N-tetraosa, uno de los oligosacáridos neutros más abundantes en la leche materna. Particularmente la cepa *B. longum* M12 predijo en su genoma un cluster asociado al preferente consumo de oligosacáridos fucosilados. El estudio comparativo de cluster genético de *B. longum* SC664 determinó posibles nuevas funciones de esta cepa en la modulación del microbioma intestinal temprano. Además, el pangenoma reveló genes únicos de los aislados chilenos en comparación a los genomas disponibles públicamente. Este trabajo predijo glicosil hidrolasas con habilidad para hidrolizar oligosacáridos neutros y fucosilados presentes en la leche materna, corroborando la competencia de la subespecie *longum* para metabolizar un amplio rango de carbohidratos. La genómica comparativa además confirmó la diversidad y las ventajas competitivas de *B. longum* subsp. *longum* en el microbioma intestinal humano.

Los autores agradecen el financiamiento del proyecto Fondecyt Regular 1190074.

Sensibilidad a antifúngicos y diferenciación de *Candida albicans* y *Candida dubliniensis* por PCR-DUPLEX en muestras clínicas de pacientes ambulatorios y hospitalizados

Carolina Duré¹, Margarita Samudio¹, Norma Fariña², Sonia Abente¹, Rosa Guillén¹, Alicia Pereira², Laura Alfonso¹, Carolina Rojas⁴, Gustavo Aguilar³.

(1) Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Microbiología, Universidad Nacional de Asunción, Dr. Cecilio Báez, San Lorenzo, Paraguay.

(2) Instituto de Previsión Social, Microbiología, Asunción, Paraguay.

(3) Instituto de Medicina Tropical, Microbiología, Asunción, Paraguay (4) Instituto de Medicina Tropical, Microbiología, Asunción, Paraguay.

Antecedentes: Levaduras del complejo *Candida albicans* son más prevalentes en infecciones intrahospitalarias e infecciones oportunistas. *Candida dubliniensis* y *Candida albicans* son especies estrechamente relacionadas y su diferenciación fenotípica se dificulta por métodos convencionales. **Objetivo:** Estandarizar una PCR-duplex que diferencie *C. dubliniensis* de *C. albicans* en aislados clínicos de pacientes hospitalizados y ambulatorios de tres servicios de salud de Asunción, Paraguay y determinar la sensibilidad a antifúngicos.

Metodología: Se incluyeron levaduras aisladas de materiales respiratorios, cavidad bucal, orina, sangre y secreciones varias de pacientes ambulatorios y hospitalizados. Los aislamientos subcultivados en agar Sabouraud y *Candida Chromogenic Agar*® (Conda), fueron incubados a 35°C durante 48 h; colonias que desarrollaron color verde en el medio cromogénico presuntivo de las especies *C. albicans*/*C. dubliniensis* fueron sometidos a la PCR-duplex, utilizando cebadores específicos CAL y CDU. El ADN se extrajo utilizando el kit Wizard® Genomic DNA (PROMEGA) con algunas modificaciones. La sensibilidad a fluconazol, voriconazol, anfotericina B, flucitosina, caspofungina y micafungina por VITEK® 2 se determinó a un subgrupo de aislamientos. **Resultados:** La PCR-duplex se estandarizó con éxito y su límite de detección es de 4.10⁻⁵ ng/μL. De 963 aislamientos, 772 fueron *C. albicans* (80,2%) y dos cepas (0,2%) *C. dubliniensis*, provenientes de la cavidad bucal de un paciente inmunocompetente y otro inmunocomprometido; los 189 restantes fueron negativos para ambas especies. El 93,3% de 524 aislamientos de *C. albicans* fueron sensibles a fluconazol, 87,7% a voriconazol, 98,5% a anfotericina B, 96,9% a flucitosina, 100% a caspofungina y micafungina. Las dos cepas de *C. dubliniensis* presentaron CIM bajas de ≤ 0,5 μg/mL a fluconazol, ≤ 0,12 μg/mL a voriconazol y ≤ 0,25 μg/mL a anfotericina B. **Conclusión:** La frecuencia de *C. dubliniensis* es baja con relación a otros estudios que informan frecuencias entre 1,5 - 32%. *C. albicans* mostró alta sensibilidad a los antifúngicos. No se obtuvieron indicios de resistencia en las dos cepas de *C. dubliniensis*.

Este Proyecto es cofinanciado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología - CONACYT con recursos del FEEI

Actividad antibacteriana de tres Berries producidos en la región de Coquimbo, Chile

Karen Espinoza¹, Franscheska Vicencio¹, Edith Muñoz¹, Nicole Urriola¹, Dagianna González¹.

(1) Universidad Católica del Norte, Ciencias Biomédicas, Medicina, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile.

La frutilla, el arándano y el golden berry son frutos muy apreciados por su sabor único y alto contenido de compuestos bioactivos. Entre estos compuestos con actividad biológica encontramos flavonoides y antocianinas, los cuales son responsables del color de la fruta y pueden ejercer efectos antioxidantes, antimicrobianos, antiinflamatorios, anticancerígenos y cardioprotectores. El propósito de este estudio fue caracterizar y evaluar *in vitro* las propiedades antimicrobianas de extractos acuosos de estos tres berries sobre muestras clínicas y cepas ATCC patógenas. Para esto se utilizó la técnica de difusión en pocillo por triplicado, extractos acuosos de fruta fresca, congelada y liofilizada de estos tres berries producidos en la región de Coquimbo, frente a *Enterococcus faecalis*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes*, *Bacillus cereus*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus mirabilis*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Salmonella enteritidis*, *Shigella flexneri*, *Shigella sonnei*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Candida albicans*. Los datos fueron analizados con la prueba H de Kruskal Wallis. Se observó que no existieron diferencias significativas entre los halos de inhibición de crecimiento de las tres frutas contra *Staphylococcus aureus*, *Proteus mirabilis* y *Vibrio parahaemolyticus* $p > 0,05$. También se observó que *Streptococcus pyogenes*, *Escherichia coli* y *Shigella flexneri* presentaron halos mayores a 20 mm para todas las frutas y todos los tratamientos, los cuales fluctuaron entre 20 mm – 57 mm. Los otros 10 patógenos mostraron sensibilidad alta, media y límite, fluctuando entre 10 mm – 36 mm los halos de inhibición de crecimiento. De esta forma, estas frutas y sus extractos acuosos se podrían considerar una buena fuente de compuestos bioactivos con actividad antimicrobiana, para diferentes aplicaciones nutracéuticas y alimentarias, destacando que en futuras investigaciones es necesario aislar y dilucidar las moléculas responsables de la inhibición de crecimiento de los microorganismos.

Presupuesto anual del laboratorio de Parasitología y Microbiología de la Universidad Católica del Norte

Herpes simplex viruses induce neutral lipids accumulation in dendritic cells

Mónica Farías León¹, Angello Retamal-Díaz¹, Pablo González Muñoz¹.

(1) Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Pontificia Universidad Católica de Chile, Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Santiago, Chile.

Herpes simplex viruses (HSVs) are pathogens that are highly prevalent in the human population that produce lifelong infections by establishing latency in neurons. HSVs can infect dendritic cells (DCs) and alter their phenotype and functions, such as their capacity to present viral antigens to T cells, hampering the initiation of effective immune responses against these viruses. On the other hand, lipid droplets (LDs) are neutral-lipid-rich organelles, composed of diglycerides, triglycerides, and cholesterol esters. LDs are enveloped by a phospholipid monolayer that is surrounded by proteins, such as perilipins or viperin. Previous studies indicate that varicella-zoster virus, another alphaherpesvirus, positively modulates changes in the synthesis of triglycerides in fibroblasts. Regarding HSV-1, recent research in epithelial cells (COS-7) showed that the virus' glycoprotein D (gD) interacts with the viperin protein, colocalizing in the membrane of LDs. However, to date, there is no evidence that alphaherpesviruses induce the formation of LDs in infected cells. Currently, we are researching if HSVs modulate neutral lipids metabolism and lipid droplet accumulation in DCs infected with these viruses. We have observed by fluorimetry, confocal microscopy and transmission electronic microscopy analyses that DCs infected with HSVs experience a significant accumulation of neutral lipids. Moreover, the pharmacological inhibition of neutral lipids synthesis pathways showed a decrease in viral plaque-forming units in HSV-1-infected DCs. In contrast, pharmacological inhibition of lipolysis did not produce a change in the HSV-1 viral titers.

FONDECYT 1190864 and The Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy (n° P09/016-F)

Microbiología y parasitología de *Dissostichus eleginoides* capturados desde aguas de la costa centro-sur de Chile

Italo Antonio Fernández Fonseca¹, Víctor Campos¹.

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias biológicas, Concepción, Chile.

Dissostichus eleginoides Smitt, 1898, constituye un importante recurso íctico pesquero en aguas subantárticas y antárticas del hemisferio sur. En aguas de Chile se distribuye desde el extremo norte hasta las islas Diego Ramírez, destacando su extensa distribución batimétrica (80 a 2500 m). La fauna microbiológica y parasitaria en ejemplares capturados en aguas de Chile ha sido escasamente estudiada. Se ha informado que bacterias de las familias Vibrionaceae (*Vibrio*) y Moraxellaceae (*Psychrobacter*) componen la comunidad bacteriana del tracto gastrointestinal y que la parasitofauna está conformada por 11 taxas parásitos gastrointestinales. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la microbiología y parasitofauna de ejemplares de *D. eleginoides* capturados en aguas de la costa centro-sur de Chile. Durante campañas de pesca efectuadas entre 2018 a 2019 (37°10'S-74°15'O; profundidad promedio: 920 m), se capturó 47 ejemplares de *D. eleginoides*, los que se sometieron a necropsia, procedimiento que permitió aislar parásitos ubicados en el tracto gastrointestinal, los que fueron fijados en alcohol (70 %), para su posterior análisis. Además, sobre el contenido intestinal, se hizo método de Burrows modificado para pesquisar fauna protozoaria. La comunidad fue analizada mediante plataforma MiSeq (Illumina). Las secuencias ARNr 16s fueron analizadas mediante los programas FastQC and PRINSEQ y las secuencias fueron clasificadas usando el programa Metaxaz. Se identificó siete taxa parasitarios gastrointestinales correspondientes a digeneos, nematodos y cestodos. No se encontró elementos protozoarios. A nivel microbiano, Proteobacteria, Bacteriodes, Firmicutes y Euryarchaeota, fueron las phyla que presentaron las mayores abundancia relativas. En Particular, la clase Alphaproteobacteria fue la más abundante, seguida por la clase Deltaproteobacteria. Tanto la parasitofauna y diversidad microbiana identificada resultó menos diversa comparando lo informado en ejemplares de otras latitudes, lo que se vincularía con la ontogenia particular de los ejemplares analizados.

Financiación Propia

Los genes de las ciclinas de la levadura *Schizosaccharomyces pombe* están enriquecidas en codones no óptimos

Rodrigo Flores Ríos¹, Javiera Favi¹, Loreto Arias¹, Omar Orellana¹.

(1) Universidad de Chile, Biología Celular y Molecular, Medicina, Independencia 1027, Independencia, Chile.

El código genético se compone de 64 codones donde 61 de ellos descodifican 20 aminoácidos y 3 son sin sentido (de término). La mayoría de los aminoácidos son descodificados por más de un codón (codones sinónimos), cuya distribución en los genes no es aleatoria (sesgo de codones). En organismos unicelulares, los codones más frecuentes (óptimos) son descodificados por tRNAs altamente expresados y los menos frecuentes (no óptimos) por tRNAs menos expresados. *Schizosaccharomyces pombe* es una levadura unicelular que comparte características con modelos eucariontes más complejos. Este organismo es considerado como un excelente modelo para el estudio del control del ciclo celular, mitosis y meiosis, recombinación y reparación del DNA, entre otros procesos. Posee un genoma de 13.8 Mb que se distribuye entre 3 cromosomas, más un genoma mitocondrial de 20 Kb. Posee alrededor de 4.900 genes y 174 genes de tRNA. Esta levadura posee varias ciclinas (proteínas que controlan el ciclo celular) que participan en distintas fases del ciclo. Tras analizar la composición codogénica de las ciclinas, se encontró que sus genes se encuentran enriquecidos en codones no óptimos. Un trabajo previo investigó el efecto producido al cambiar codones sinónimos de glicina no óptimos por óptimos en el gen *cdc13* y el impacto de la sobreexpresión del tRNA que descodifica ese codón no óptimo. Se encontró que los cambios en estos codones sinónimos afectan el crecimiento celular y el aumento en los niveles de tRNA genera agregación de Cdc13, afectando la división celular. Tal como ocurre con *cdc13*, las otras ciclinas también presentan enriquecimiento en codones no óptimos de glicina. Adicionalmente, el resto de los codones también exhibe una frecuencia de aparición muy diferente a los genes de alta expresión, observándose un notorio aumento en codones no óptimos para los aminoácidos ácidos. Si esta distribución tiene un efecto en la regulación de la expresión y la función de estas proteínas en *S. pombe* es algo que se desconoce. Por esta razón, el análisis de la distribución de codones no óptimos podría ayudar a comprender su potencial impacto sobre niveles, plegamiento y estabilidad proteica.

Proyecto Fondecyt 1190552

Caracterización de bacterias aisladas desde ambientes extremos de Chile con potencial benéfico en plantas

Alexis Gaete^{1,2,3}, Mauricio González^{2,3}.

(1) Programa de Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Universidad de Chile, Campus Sur, Santa Rosa 11315, La Pintana, Santiago, Chile

(2) Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, El Libano 5524, Macul, Santiago, Chile

(3) Center for Genome Regulation, Universidad de Chile, El Libano 5524, Macul, Santiago, Chile

El aislamiento de bacterias del suelo de ambientes extremos representa un gran desafío, y también una oportunidad para caracterizar el potencial biotecnológico de bacterias que podrían promover el crecimiento de plantas que se cultivan en climas hostiles. En este trabajo se aislaron cepas de bacterias de dos entornos desérticos de Chile: Península Coppermine, Antártica (n=32) y Laguna Lejía, Desierto de Atacama (n=39). Se realizó la identificación taxonómica utilizando la secuencia del gen 16S y se caracterizaron rasgos benéficos para las plantas (fijación de nitrógeno, solubilización de fosfato, producción de sideróforos, ACC desaminasa y producción de ácido indolacético) mediante ensayos bioquímicos. Además, se analizó la temperatura óptima de proliferación, evaluando un rango de 16°C a 30°C. Los resultados obtenidos a través de la clasificación taxonómica indicaron que los aislados pertenecían a cuatro phylum (Proteobacterias, Actinobacterias, Firmicutes y Bacteroidetes), y que el género más representado en ambos sitios corresponde a *Pseudomonas*. En cuanto a la caracterización bioquímica de atributos benéficos en plantas, todas las cepas mostraban al menos uno de los rasgos examinados. El patrón de presencia/ausencia de estos rasgos, según índice de Jaccard, agrupa a los aislados según sitio de muestreo y no por taxonomía. Esto sugiere que condiciones ambientales específicas determinan propiedades metabólicas asociadas a la interacción de bacterias del suelo con las plantas, tanto en la Antártica como en el Desierto de Atacama. Este estudio contribuye con aislamientos microbianos de entornos naturales extremos con potencial biotecnológico para mejorar el crecimiento de las plantas en condiciones de estrés térmico.

Este trabajo fue financiado por el proyecto ANID/FONDAP/15090007 y FONDECYT 1201278.

Biorrecuperación de litio desde óxido de litio-cobalto utilizando un aislado ambiental proveniente de los salares de litio del Desierto de Atacama

Enzo Galliani¹, José Manuel Pérez Donoso¹.

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Bionanotecnología y Microbiología, Centro de Biología Integrativa y Bioinformática (CBiB), Facultad de Ciencias de la Vida.

Actualmente, la lixiviación del óxido de litio-cobalto (LCO) es un proceso ambientalmente costoso, principalmente por las altas temperaturas requeridas y la generación de desechos ácidos, o bien la utilización de mezclas complejas de solventes. Dada la creciente popularidad de las baterías de ion-litio que utilizan el LCO como material del cátodo, diferentes grupos de investigación han explorado la posibilidad de utilizar microorganismos para la biolixiviación y así generar un proceso de reciclaje ambientalmente responsable. Los microorganismos acidófilos logran biolixiviar este material en soluciones acuosas a temperatura ambiente, obteniendo entre 16 y 25 mM de litio en solución en 40 días de incubación, pero requieren de un pH extremadamente ácido (2-3) para funcionar, y además no soportan concentraciones de LCO superiores al 0,8% (m/v). Una alternativa interesante se ha reportado al utilizar consorcios de microorganismos ambientales para biolixiviar el LCO a temperatura ambiente y pH neutro, obteniendo un máximo de 2,8 mM de litio en 15 días de incubación con una concentración de LCO de 0,4%. En este trabajo se reporta la utilización de un aislado desértico proveniente de los salares de litio del desierto de Atacama perteneciente al género *Pseudomonas*. El aislado *Pseudomonas* D1N5.1 mostró ser tolerante a altas concentraciones de iones litio (700 mM) y cobalto (2,3 mM) y tolerar concentraciones de hasta 9% (m/v) de LCO. Este aislado fue capaz de solubilizar litio desde el LCO, aumentando la concentración de iones litio en solución desde 0 a 12 mM durante un tiempo de incubación de 28 días a pH 7 y 28 °C. Adicionalmente, se reporta por primera vez la existencia de una interacción directa entre el microorganismo y el LCO a través de la formación de biopelículas en la superficie de los cristales y también la producción de moléculas tensoactivas (biosurfactantes) en presencia de LCO. Estos resultados destacan la importancia de la exploración de ambientes extremos para la búsqueda de microorganismos únicos que sean utilizables por diferentes industrias, incluyendo la industria del reciclaje de baterías de LCO. La caracterización de los mecanismos por los cuales estos microorganismos realizan la biolixiviación es clave para generar una competitividad de este proceso a escala industrial.

Fondecyt 120087 (JMP-D) e INACH RT-25_16 (JMP-D).

Estudio de la regulación del gen DbPAD de la levadura deteriorante del vino *Brettanomyces bruxellensis* LAMAP2480.

Camila Gonzalez Poblete¹, **María Angélica Ganga Muñoz¹**.

(1) Universidad de Santiago de Chile, Departamento en Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad Tecnológica. Obispo Manuel Umaña 050, Estación Central. Santiago. Chile

Los fenoles volátiles son compuestos aromáticos formados por algunas especies del género *Brettanomyces* como defensa frente a la toxicidad de los ácidos hidroxicinámicos. El origen de estos compuestos implica la acción secuencial de dos enzimas, una ácido fenilacético descarboxilasa que convierte los ácidos hidroxicinámicos en hidroxiestirenos, los que luego son reducidos a derivados de etilo por una vinilfenol reductasa. Los compuestos fenólicos que utilizan como precursor al ácido p-cumárico (4-vinilfenol y 4-etilfenol), han sido descritos como los principales contribuyentes de aromas asociados a establo, témpera, ratón mojado entre otros. El gen responsable de la producción de 4-vinilfenol a partir del ácido p-cumárico ha sido identificado en *Brettanomyces bruxellensis* LAMAP2480 como DbPAD, el cual posee un ORF de 666pb. Para evaluar la influencia de diferentes factores fisicoquímicos implicados en procesos de fermentación alcohólica sobre la regulación del gen DbPAD, se utilizó un modelo de superficie respuesta considerando etanol, temperatura de incubación y concentración de ácido p-cumárico. Con el fin de dilucidar el inicio de la transcripción, se utilizó la técnica ARF-TSS, la cual dio cuenta de la existencia de dos sitios de inicio de la transcripción en el gen DbPAD los cuales dan lugar a dos mensajeros con diferencias en su extremo amino terminal. En las condiciones ensayadas, el mensajero de mayor longitud (mDbPAD-1) se expresó mayormente en las corridas 12 (15,5 mg/L APC – 10 % v/v de etanol – 28°C), 13, 14 y 15 (15,5 mg/L APC – 6,5 % v/v de etanol – 28°C). Mientras que la mayor diferencia en niveles de expresión génica relativa se observó en la corrida 11 (15,5 mg/L APC – 3 % v/v de etanol – 28°C) en la cual los valores del gen DbPAD total fueron 2,6 veces superiores a los obtenidos por mDbPAD-1, demostrando de este modo que bajo las condiciones establecidas es posible observar diferenciación en los patrones de expresión. Análisis de cuantificación de vinil y etil derivados, demuestran que existió una correlación positiva entre las expresiones génicas relativas de DbPAD y la formación de estos compuestos aromáticos en las corridas que presentan altas concentraciones de etanol y mayor temperatura.

Srta. Camila González Poblete fue financiada por la beca doctoral entrega por la Facultad Tecnológica de la Universidad de Santiago de Chile

El regulador maestro Sre1 de la síntesis de esteroides regula a los genes carotenogénicos crtR y crtE de *Xanthophyllomyces dendrorhous*

Melissa Gómez Ríos¹, Sebastián Campusano¹, María Soledad Gutiérrez¹, Dionisia Sepúlveda¹, Salvador Barahona¹, Marcelo Baeza¹, Víctor Cifuentes¹, Jennifer Alcaíno¹.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

Xanthophyllomyces dendrorhous es una levadura carotenogénica, siendo la astaxantina el principal carotenoide. En *X. dendrorhous*, la ruta Sterol Regulatory Element-Binding Protein (SREBP) ha sido recientemente caracterizada y se encuentra involucrada en la regulación de la síntesis de esteroides. El principal componente de esta ruta es el factor de transcripción Sre1, y la mutación del gen que lo codifica afecta el fenotipo sobreproductor de carotenoides y esteroides de una cepa de *X. dendrorhous*. En este trabajo se identificaron los genes blanco de Sre1 en la cepa sobreproductora de carotenoides y esteroides mediante ensayos de RNA-seq y ChIP-exo. Se observó que la mayoría de los genes dependientes de Sre1 se encuentran representados por el proceso biológico de "síntesis de ergosterol", y varios de ellos forman parte de la ruta del mevalonato y la ruta de síntesis de ergosterol. Por otra parte, varios de los genes dependientes de Sre1 resultaron ser blancos directos del factor de transcripción Sre1, e interesantemente dos de ellos, los genes crtR y crtE, participan de la ruta de síntesis de carotenoides. En conclusión, Sre1 es un factor de transcripción conservado en la levadura que regula la síntesis de esteroides, y a nuestro conocimiento, este es el primer antecedente sobre la regulación de genes carotenogénicos por Sre1 en *X. dendrorhous*.

FONDECYT 1160202, ANID-PFCHA/Doctorado Nacional/2017-21170613

Utilization of glycomacropeptide-derived O-glycans by representative members of the gut microbiota

Kevin José González-Morelo¹, Daniel Garrido¹.

(1) Pontifical Catholic University of Chile, Chemical and Bioprocess Engineering, Engineering, Avda. Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago de Chile, Chile

The objective of this work was to analyze the *in vitro* growth of representative members of the gut microbiota during the utilization of GMP-derived O-glycans as a source of carbon. A total of 23 bacterial strains were used in this work. Isolated and collected bacteria from the Microbiology and Systems Laboratory (Catholic University of Chile), and Department of Viticulture and Enology (University of California Davis) were used. GMP was provided by Agropur Ingredients. The culture media used was modified ZMB (mZMB). Bacteria growth was performed in 96-well plates containing the inoculum (2%), 200 μ L modified ZMB medium (mZMB) supplemented with GMP (2% w/v), and 30 μ L of sterile mineral oil to prevent evaporation. Also, mZMB-lactose and mZMB-free were considered as a positive and negative growth control, respectively. The experiments were made in duplicate. The wells of the plates were then centrifuged, and the supernatants were stored at -20 °C. The growth lasted 48 h under anaerobic conditions and was measured with a Tecan plate reader. Silica gel-60 chromatography plates and standard samples such as lactose, galactose, raffinose, lacto-N-tetraose (1mg/mL) were used. A volume of 2 μ L of both the standards and the supernatants of each strain was added. A α -naphthol, acetic acid, and ethanol mix was used as a staining solution. A few strains displayed a vigorous growth using GMP as the sole carbon source. *Bacteroides thetaiotaomicron* VPI-5482, *Enterococcus faecalis* H1, and *B. longum* subsp. infantis ATCC 15697 showed remarkable growth in this substrate. The supernatant of certain strains showed no monosaccharides showed that some members of the microbiota could degrade and utilize GMP fully. Other microorganisms such as *Ba. thetaiotaomicron* and *Ruminococcus gnavus* released monosaccharides. Finally, a few species such as *B. bifidum* released a disaccharide with a similar migration than galacto-N-biose (Gal β _{1,3}GalNAc). Interestingly, carbohydrates were released dynamically, where certain bands were observed at t= 12 h but later disappeared. Certain members of the gut microbiota have the ability to consume GMP *in vitro* and release carbohydrates in the medium. One of the disaccharides released is GNB, which has prebiotic potential. The released carbohydrates could participate in cross-feeding interactions.

Funding for this work was provided by Fondecyt grant 1190074

Desarrollo de un bioproceso para la obtención de derivados lácteos libres de alérgeno alimentario caseína

Karoll González-Pizarro¹, Miguel Alejandro Dinamarca^{1,2}, Claudia Ibacache-Quiroga^{1,2}.

(1) Universidad de Valparaíso, Centro de Micro-Bioinnovación, Facultad de Farmacia, Gran Bretaña 1093, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Escuela de Nutrición y Dietética, Facultad de Farmacia, Gran Bretaña 1093, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

Background: La alergia a la proteína de la leche de vaca es un problema de salud pública que afecta al 2-5% de los niños. Si bien existen actualmente fórmulas lácteas destinadas a esta población, su alto costo derivado de procesos productivos complejos es una de las principales limitantes para su utilización de forma masiva. En este contexto, el desarrollo de bioprocesos basados en microorganismos es de especial interés. Este trabajo muestra el desarrollo de un bioproceso basado en un grupo de microorganismos aislados desde kéfir para la producción de un derivado lácteo libre del alérgeno alimentario caseína, con contenido reducido de lactosa y con ácidos grasos de cadena corta. **Methods:** Se aislaron microorganismos desde kéfir mediante siembra homogénea en agar leche descremada (ALD), agar MRS y agar Sabouraud. Para la producción del derivado lácteo, 100 ml de leche descremada fue inoculada con *Bacillus* sp. cepa K03B01 al 1% (v/v) e incubada a 30°C por 24h. En una segunda etapa, los cultivos fueron inoculados con una mezcla de *Lactobacillus* sp. cepa K03D08: *Kazachstania* sp. cepa K03K02G (1:1) a una concentración final del 2%, (v/v) e incubados a 30°C por 48h. Tras la incubación las células microbianas fueron eliminadas mediante centrifugación (8000 rpm, 15 min) y filtración (0,22 µm). La concentración de caseína, lactosa y ácidos grasos de cadena corta se determinó mediante ELISA, HPLC y HPLC-UV respectivamente. La composición nutricional se determinó mediante análisis proximal. **Results:** Tres microorganismos fueron aislados desde kéfir previamente caracterizado: *Bacillus* sp. cepa K03B01, *Lactobacillus* sp. cepa K03D08 y *Kazachstania* sp. cepa K03K02G. A partir de estas cepas, se desarrolló un bioproceso de dos etapas, que utiliza como materia prima leche descremada líquida. Este bioproceso genera un derivado lácteo libre de caseína (<0,00025 g / 100 ml), reducido en lactosa (<3 g / 100 ml), enriquecido en ácido acético (0,402 g / 100 ml) y ácido láctico (1,642 g / 100 ml), con aporte nutricional similar a una leche comercial. **Conclusion:** El presente estudio permitió desarrollar un bioproceso basado en microorganismos aislados desde kéfir para la producción de un derivado lácteo libre de caseína y con aporte de ácidos grasos de cadena corta.

Funding by: Proyectos FONDEFVIU17E0112 y y PAI79170114, Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), Ministerio de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación (Chile). Proyecto DIUV-CIDI 4/2016, Universidad de Valparaíso

Mega plásmido de *Salmonella Infantis* aisladas en aguas superficiales de la región Metropolitana, Chile, podría transferir resistencia a múltiples antimicrobianos, desinfectantes y metales

Sebastián Gutiérrez¹, Angélica Reyes-Jara¹, Andrea Moreno Switt^{2,3}, Aiko Adell^{2,6}, Jianghong Meng^{4,5}, Magaly Toro¹.

(1) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología y Probióticos, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), El Líbano 5524, Santiago, Chile

(2) Millennium Nucleus for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Santiago, Chile

(4) University of Maryland, Joint Institute for Nutrition and Food Safety (JIFSAN), College Park, Maryland, United States (EE.UU)

(5) University of Maryland, Department of Nutrition and Food Science, College Park, Maryland, United States (EE.UU)

(6) Universidad Andrés Bello, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

Los plásmidos, material genético extracromosomal presente en bacterias, pueden adquirir y transmitir genes que confieren Resistencia a los Antimicrobianos (AMR). Frecuentemente, se han reportado cepas de *Salmonella Infantis* Multirresistentes en todo el mundo y algunos presentan plásmidos relacionados a AMR. El objetivo de este estudio fue caracterizar el genoma de *Salmonella Infantis* aisladas desde aguas superficiales de la región metropolitana e identificar y analizar la presencia de plásmidos asociados a AMR. Se secuenciaron 8 aislados de *Salmonella* Obtenidos en los ríos Maipo (n=4) y Mapocho(n=4), en MiSeq Illumina® (250bp paired-end). Los genomas fueron ensamblados con SPAdes y PlasmidSPAdes a partir de la información de secuenciación. Para los alineamientos y ordenamiento de los contigs se utilizó *S. Infantis* 119944 (CP047881.1) como referencia en GeneiousPrime®v.2020.2.3. Los genomas se caracterizaron bioinformáticamente a través de herramientas del Center Genomic Epidemiology (CGE/DTU): MLST2.0 (secuenciotipo; ST), SeqSero (serotipo), y ResFinder (genes de resistencia). Finalmente, los genomas se anotaron en RAST. Los 8 aislados pertenecieron al serotipo *Infantis* ST-32. El tamaño de los plásmidos es de aproximadamente 300 kb. En general, tanto los plásmidos ensamblados como los genomas albergaban 11 genes de resistencia a los antimicrobianos (ARGs) asociados a resistencia fenotípica de 6 familias de antimicrobianos. El alineamiento contra la referencia reveló que los ARGs se ubicaban en plásmidos con el mismo ordenamiento genómico de plásmidos previamente descritos. Además, la anotación por RAST confirmó la información entregada por ResFinder y además identificó genes asociados a la resistencia a amonio cuaternario (QacE), arsénico (ArsH) y mercurio (MerD) en todos los plásmidos. En conclusión, existe un mega-plásmido en cepas de *S. Infantis*, aisladas desde las aguas de los ríos Maipo y Mapocho, que confiere AMR a haciéndolas MDR y resistente a metales y desinfectantes. Esto es de gran relevancia en la Salud Pública si se considera que el agua de estos ríos es utilizada para el riego de frutas y hortalizas que se producen en la región.

El papel del sistema de dos componentes ArcAB en la capacidad de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium para evadir la respuesta inmune

Gabriel Krüger¹, Carolina Prado², Coral Pardo-Esté¹, Diego Lorca¹, Aracely Mora¹, Alejandro Hidalgo¹, Rodrigo Pacheco², Alexis Kalergis^{3,4}, Susan Bueno^{3,4}, Claudia Saavedra¹.

(1) Universidad Andres Bello, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

(2) Fundación Ciencias & Vida, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

(4) Instituto Milenio de Inmunología e Inmunoterapia

El sistema de dos componentes ArcAB se ha asociado previamente a la adaptación al entorno anaeróbico y más recientemente a la resistencia a ROS y la capacidad de sobrevivir dentro de las células fagocíticas para evadir la respuesta inmune innata y sobrevivir dentro del hospedero. Nuestra bacteria modelo, *Salmonella enterica* ser. Typhimurium desarrolla varias estrategias para superar el mecanismo bactericida del hospedero y logra la infección sistémica exitosa. En este contexto, hemos demostrado previamente que el sistema de dos componentes ArcAB tiene un papel importante en esta capacidad de supervivencia. Además, dado que las células dendríticas (DC) son el vínculo entre la inmunidad innata y adaptativa, nuestro objetivo fue determinar si ArcAB también participa en la maquinaria molecular que permite a *Salmonella* modular las funciones de las células dendríticas, específicamente la capacidad de degradar las bacterias y presentar sus antígenos a células T. Para abordar este objetivo, medimos la proliferación de células T después de cocultivo de células T específicas de OVA (OT-I y OT-II) con DC infectadas con cepas mutantes WT o ArcAB de *S. Typhimurium* que expresan el antígeno OVA. Concluimos que ArcAB no participa activamente en la capacidad de *S. Typhimurium* para prevenir la proliferación y secreción de citocinas proinflamatorias (como IFN-gamma, TNF-alpha), en comparación con la cepa WT. Llegamos a la conclusión de que la capacidad de *S. Typhimurium* para afectar la capacidad de DC para prevenir la activación de células T es independiente de la función de ArcAB, infiriendo que la participación de ArcAB podría estar en otro nivel de la respuesta inmune adaptativa.

Fondecyt 1160315

Géneros bacterianos y su relación con factores de riesgo cardiovascular en sujetos chilenos

Marcell Leonario^{1,2}.

(1) Universidad de La Frontera, Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Temuco, Chile

(2) Universidad Mayor, Facultad de Ciencias, Temuco, Chile

Introducción: La comprensión del desarrollo de las enfermedades cardiovasculares ha sido motivo de numerosos estudios, concluyendo que el manejo de los factores de riesgo es una estrategia fundamental para disminuir su prevalencia e incidencia. En los últimos 10 años, la comprensión de la microbiota intestinal (MI) y su rol en la enfermedad, ofrecen un panorama esperanzador respecto a la modulación de factores de riesgo cardiovasculares. Frente a esto, el presente trabajo busca determinar la correlación que existe entre tres géneros bacterianos de la MI y los niveles de Colesterol HDL, Colesterol LDL y glicemia en sujetos chilenos normo e hipercolesterolémicos. **Método:** Se utilizaron heces de 15 voluntarios seleccionados por el Centro de Estudios Cardiovasculares y de Medicina Interna, de la Universidad de La Frontera (Temuco, Chile). Se extrajo el ADN de las muestras de deposición utilizando el FastDNA Spin kit (MP Biomedicals, EE. UU.). Se utilizó Graph Pad – PRISM 8.01 para realizar correlación de Pearson con un 95% de intervalo de confianza con los resultados de la amplificación de qPCR. **Resultados:** Solo hubo correlación con los niveles de Colesterol HDL, y significativamente solo para *Bifidobacterium* ($r = -0.64$), Tanto *Lactobacillus* ($r = 0.24$) como *Faecalibacterium* ($r = -0.03$) no poseen asociación significativa. **Conclusiones:** El presente estudio logró determinar que existe una correlación significativa entre la amplificación del género *Bifidobacterium* y los niveles de colesterol HDL de la muestra estudiada. Sin embargo, es necesario replicar ensayos en muestras más numerosas y con mayor rigurosidad metodológica.

I am developing my studies with the national doctoral scholarship from the national research and development agency of the Ministry of Science, Technology, knowledge and innovation of Chile.

Producción de biomasa de *Trichoderma harzianum* en un biorreactor de cama empacada

Esli Lobaina¹, Siannah Más², Marcela Carvajal¹, Michael Seeger¹.

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Oriente, Centro Nacional de Electromagnetismo Aplicado, Santiago de Cuba., Cuba

Trichoderma harzianum es un hongo filamentoso de gran importancia en el desarrollo de agricultura ecológica, dada su capacidad de biocontrolar fitopatógenos y estimular el crecimiento vegetal. Los procesos fermentativos de este hongo pueden desarrollarse como fermentación líquida (FEL) y fermentación sólida (FES). La FES tiene como ventajas fundamentales que el hongo puede crecer en condiciones semejantes a aquellas en que se desarrolla de forma natural, produciendo conidios aéreos que son más resistentes y duraderos en condiciones ambientales. El objetivo de la investigación es evaluar la fermentación en un biorreactor de cama empacada (BCE), diseñado y construido por el equipo de trabajo empleando como sustrato bagazo de caña. Con este sistema fermentativo se obtuvo una alta proporción de esporas, alcanzando valores del orden de 10^9 esporas/g de sustrato. Para evaluar el crecimiento microbiano y la producción de biomasa en la FES, se emplearon los modelos de Gompertz, Richards y Logístico. Para la validación estadística de los modelos se aplicó del Criterio de información de Akaike (AIC), R^2 ajustado, χ^2 (Chi-cuadrado), Mínimo cuadrado de residuos y Test de Fischer. La fermentación en BCE sobre bagazo de caña resultó ser apropiada para la producción de biomasa y se determinaron los coeficientes que describen los modelos Gompertz, Richards y Logístico. Como proyección a este estudio, se evaluará cepas nativas de *Trichoderma* spp. tolerante a fungicidas sobre el desarrollo y productividad en plantas de tomate. Para estos fines, se caracterizará la producción de biomasa en un biorreactor de tambor rotatorio.

Se agradece a la Universidad Técnica Federico Santa María por el soporte financiero. Y al programa de Doctorado en Biotecnología por la preparación, dedicación y apoyo en la formación profesional.

Variabilidad genética de cepas de *Salmonella Infantis* aisladas de una granja avícola de la Región Metropolitana

Diego Lorca¹, Agustín Cofré¹, Juan Castro-Severyn Castro Severyn^{1,2}, Coral Pardo Esté¹, Gabriel Krüger¹, Claudia Saavedra S¹.

(1) Universidad Andrés Bello, Ciencias Biológicas, Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile

(2) Universidad Católica del Norte, Departamento de Ingeniería Química, Antofagasta, Chile

Salmonelosis es una enfermedad transmitida por *Salmonella* a través del consumo de alimentos contaminados y actualmente es un problema de salud pública. Durante la última década se ha evidenciado un incremento en la presencia de serotipos poco comunes de *Salmonella* en la industria de alimentos, coincidiendo con la presencia de características de resistencia a agentes desinfectantes, antimicrobianos en ellas, así como su persistencia a lo largo de las líneas de producción. Debido a esto, planteamos demostrar que la persistencia de *Salmonella* a través de la línea de producción de una granja avícola de la Región Metropolitana de Chile es promovida por la presencia de genes accesorios implicados en la respuesta a estrés y el efecto de los protocolos de saneamiento sobre las cepas. Para esto, aislamos 50 cepas de *Salmonella* de 5 diferentes etapas de la línea de producción, abarcando desde la producción del pellet hasta los procesos de evisceración en la faenadora. Los resultados muestran que el 81% de las cepas corresponden al serotipo Infantis, además presentaron niveles variados de susceptibilidad a diversos antimicrobianos (ampicilina, tetraciclina, amikacina, entre otros) y el agente desinfectante hipoclorito de sodio (2,03-8,12 mM NaOCl), presentando valores superiores respecto a la cepa referencia *Salmonella Infantis* SARB27. Del mismo modo, la formación de biofilm aumentó cuando eran expuestas a concentraciones subletales de NaOCl. Además, utilizando análisis genómicos para evaluar la asociación entre el fenotipo observado, su divergencia genética y su relación con el origen de aislamiento, así como también la presencia de genes accesorios involucrados en la respuesta a estrés global; evidenciamos que los procesos evolutivos que llevan a la divergencia entre las cepas, al parecer no están siendo promovidos por las condiciones en la línea de producción. Interesantemente, se identificaron genes accesorios involucrados en el metabolismo energético (*araD* y *wca*), regulación génica (*robA*, *mod* y *dam*) y de sistemas toxina/antitoxina (*HicA/B*, *RelE/ParE*, *HigB* y *ParA*), los que podrían sugerir un origen para las diferencias fenotípicas de las cepas de *Salmonella Infantis* aisladas de la línea de producción.

Fondecyt 1160315, Proyecto UNAB Regular

Cuantificación de citoquinas plasmáticas en adultos con neumonía adquirida en comunidad según agente detectado (virus y/o bacterias)

Vivian Luchsinger¹, Luis Lizama¹, Mauricio Ruiz², Rolando Pizarro³, Patricio Rossi⁴, Lucía Huenchur⁴, Sandra Ampuero¹, Luis F Avendaño¹.

(1) Universidad de Chile, ICBM Virología, Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

(2) Hospital U de Chile, Medicina, Medicina, Independencia 1027, Santiago

(3) Hospital L Córdova, Medicina, Gran Avenida Jose Miguel Carrera 3204, Santiago, Chile

(4) Hospital San José, Medicina, San José 1196, Santiago, Chile

La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es frecuente y puede matar al paciente, especialmente en >65 años. En Chile, es la tercera causa de muerte en adultos mayores. Es provocada por virus y/o bacterias. La evolución dependería más de la respuesta inmune que del agente infeccioso, contribuyendo a una enfermedad grave la excesiva respuesta inflamatoria, la que podría variar según el agente. Las citoquinas regulan la respuesta inmune y su rol en la NAC no está totalmente definido. Para comparar los niveles plasmáticos de citoquinas según agente de la NAC, se estudiaron 203 adultos hospitalizados por NAC que voluntariamente aceptaron participar. Se investigó *S. pneumoniae* y *Legionella* en orina por Binax® y virus y bacterias atípicas respiratorias por PCR en tiempo real. Se cuantificaron 26 citoquinas en plasma con el kit Milliplex® Luminex (PDGF, RANTES, eotaxina, GCSF, GMCSF, fractalquina, IFN GAMA, IL1a, IL1 b, IL2, IL4, IL5, IL6, IL7, IL8, IL9, IL10, IL12 P40, IL12 P70, IL 13, IL15, IL17a, IP10, MCP1, MIP1a, MIP1b y TNF α). En 125/203 pacientes se detectó sólo virus (61,6%), en 37 sólo bacterias (18,2%) y en 41 ambos agentes (mixto) (20,2%). En los casos virales respecto a los bacterianos fueron significativamente superiores los niveles de RANTES (mediana: 47600 vs 28500 pg/ml), eotaxina (90,67 vs 66,65), GMCSF (16,46 vs 9,57), fractalquina (132 vs 121), interferón gama (8,27 vs 3,70), IL10 (11,6 vs 7,2), IL12P70 (6,37vs 3,43), IL1b (1,32 vs 0,77), IL7 (5,39 vs 3,69) y MIP1b (32,3 vs 35,7 pg/ml). Los casos bacterianos respecto a los mixtos tuvieron niveles significativamente menores de MIP1a (3,37 vs 6,76 pg/ml). Los casos virales tuvieron concentraciones significativamente menores que los mixtos de IL15 (4,2 vs 7,1), IL6 (7,9 vs 28,2), IL8 (11,6 vs 16,9), IL9 (0,48 vs 0,15), MIP1a (3,8 vs 6,7) y MIP1b (32,3 vs 46,1). Los tres grupos fueron similares en edad (medianas: 70,5, 67 y 70 años) y sexo (mujeres: 52%, 50% y 48%) y con menores días de evolución los pacientes con virus (5 vs 6 vs 5). En conclusión, las concentraciones de algunas citoquinas varían según el agente infeccioso detectado en adultos con NAC.

Financiado por proyectos FONDECYT 1171643 y 1121025

Evaluación de la eficiencia de un biosensor para detectar cromo hexavalente vs una técnica UV-visible

Santiago Xavier Mafla Andrade¹, Melany Avellaneda¹, Moraima Mera¹.

(1) Pontificia Universidad Católica del Ecuador sede Ibarra, Biotecnología, Escuela de Ciencias Agrícolas y Ambientales, Av. Aurelio Espinosa Polit, Ibarra, Ecuador

En la actualidad se conoce que algunos de los métodos aplicados para identificar metales de transición son diversos, algunos con un alto costo económico y otros exclusivos de laboratorios, como el método por Espectrofotometría de Absorción Atómica, Cromatógrafo de gases o espectrometría de masas; métodos que requieren de un pretratamiento de la muestra antes de ser trasladada a un laboratorio, involucrando más recursos y tiempo para su análisis. Debido a esto, se presenta un método de análisis de cromo hexavalente usando células de la *Escherichia coli*, misma que ha sido modificada genéticamente incorporando un plásmido "pTOP BluntV2". Este plásmido contiene el promotor lac junto con genes: *luxA* que proporciona luminiscencia a través de la actividad catalítica de la enzima luciferasa y genes *chr* que otorgan a la célula resistencia al cromo, el método de inserción del plásmido fue a través de electroporación para luego ser colocadas en microplacas junto con las muestras de agua y analizadas por el espectrofotómetro de microplacas EPOCH. La presente investigación se enfoca en comparar dos métodos de cuantificación de cromo hexavalente, por Biosensor Bacteriano versus un método de campo (Colorímetro SMART 3), los dos métodos se probaron a concentraciones de cromo conocidas de 0,05 mg l⁻¹ (máximo permisible de consumo humano), 0,1 mg/l, 0,2 mg/l, 0,4 mg/l, 0,8 mg/l y 1,0 mg/l con 5 repeticiones. Finalmente los dos métodos se probaron en muestras de agua de río, indicando que el biosensor en concentraciones de 2x10⁶ UFC/ml de *E. coli*, presenta un margen de error de 1,4 % a diferencia del método por UV-visible del equipo de campo que presentó un error de lectura del 3,9 %. Demostrando así la eficiencia del biosensor ante la cuantificación del cromo.

Proyecto de investigación PUCESI, elaboración de biosensores

Diversity and antimicrobial activity of culturable rhizosphere actinobacteria associated with Lupin from the Atacama Desert

Francisca Marchant¹, Valeria Razmilic¹, Barbara Andrews¹, Juan Asenjo¹.

(1) Universidad de Chile & Centro de Biotecnología y Bioingeniería, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Beauchef 851, Santiago, Chile

The Atacama Desert hosts an abundant and diverse actinobacterial population that has a great potential for producing novel natural bioactive compounds. The search for such new compounds has been shifted to underexplored environments to increase the possibility of discovery. In this study, a total of 139 actinobacteria were isolated from the rhizosphere of Lupin (*Lupinus oreophilus*) collected in the Atacama Desert, north of Chile. They were characterized by bioassays, molecular techniques and enzymatic tests. Of the total, 86 strains were subjected to antimicrobial tests against a set of bacterial and fungal pathogens, and were detected biosynthetic genes of specialised metabolites (PKS-I, PKS-II, NRPS and AHBA) by PCR. Sixty-nine percent of the isolates have shown significant antimicrobial activities against at least one of the tested indicator microorganisms. Based on 16S RNA gene analysis and phylogenetic tree, these actinobacteria were classified as belonging to the *Streptomyces*, *Micromonospora* and *Saccharothrix* genera. BOX-PCR genomic fingerprints revealed genetic variations among the isolates. In addition, the selected *Streptomyces* sp. G34 showed antagonistic activity against fungal plant pathogens including *Fusarium* sp. and *Botrytis* sp. Therefore, this study demonstrated that *L. oreophilus* harbored actinobacteria which can be used as the source of the antimicrobial compound.

We thank the Basal programme of CONICYT for funding the Centre for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB, Project FB0001) and CONICYT DOCTORADO NACIONAL scholarship 2017/21171090.

Detección de RNA viral a través de un método independiente de transcriptasa inversa y DNA polimerasa

Juan Pablo Martínez Huaiquimilla^{1,2}, Lorenzo Eugenio Leiva¹, Assaf Katz¹.

(1) Universidad de Chile, Biología Celular y Molecular, Medicina, Independencia #1027, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Bioquímica y Biología Molecular, Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Sergio Livingstone Polhammer (Ex Olivos) 1007, Santiago, Chile

El año 2020 se ha visto marcado por la pandemia causada por el virus SARS-CoV-2, agente etiológico de la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19). Gran parte de las políticas de salud pública que buscan detener la propagación del virus se basan en el número de personas infectadas, el cual ha sido determinado principalmente mediante test serológicos y PCR en tiempo real. Este último ha sido el test de preferencia para la detección de pacientes en las primeras etapas de la infección, dado que permite detectar la carga de RNA genómico viral. En consecuencia se ha generado un desabastecimiento a nivel mundial en los materiales y equipamiento necesarios para la realización del test. En este trabajo buscamos desarrollar un método alternativo que utilice suministros y equipamientos diferentes para cuantificar la carga de RNA genómico viral. Para ello proponemos usar una estrategia basada en la ligación de oligonucleótidos de DNA, los cuales hibridan de manera contigua sobre el RNA viral formando un heteroduplex RNA-DNA. La formación del producto de ligación concatena un promotor de la RNA polimerasa del fago T7 y la secuencia codificante de un aptámero fluorescente de verde de malaquita. Nuestros resultados muestran que la realización secuencial de una reacción de ligación y posterior transcripción permiten la detección RNA genómico viral en un proceso isotérmico. Los ensayos preliminares permiten la detección de 20 nM de RNA blanco, el cual corresponde a la secuencia del gen nsp9, equivalente a una carga viral de 6×10^{14} copias por μl . Sin embargo, a través de la estandarización de la reacción de ligación y transcripción esperamos acercarnos a la sensibilidad reportada para los métodos convencionales.

FONDECYT #1191074

Effect of the supply external-electrical potential on CO₂ conversion and metabolites distribution in *Clostridium autoethanogenum*: a simulation approach through a GSM

Jimmy Anderson Martínez Ruano¹, Marcelo Alejandro Rivas Astroza², Fabian Andres Veliz De la vega¹, Raúl Conejeros¹, Ernesto Alejandro González Romo¹, Germán Eduardo Aroca Arcaya¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Brasil 8085, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Tecnológica Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Las Palmeras 3360, Santiago de Chile, Chile

Some *Clostridium* species stand out as promising alternatives for the transformation of carbon dioxide (CO₂) into valuable products, such as biofuels, organic acids, alcohols and biopolymers, among others. These bacteria reduce CO₂ using H₂ as an electron donor. An alternative is to provide a source of electrons by using a bioelectrochemical system. In which an external supply of electrons favors the recovery of reducing power and thus reactions which use it. Despite the advantages of this technology, the metabolic effects of using an external supply of electrons in acetogens such as *Clostridium autoethanogenum* is not well known. The use of genomic-scale metabolic models (GSMs) may help to assess an evaluation, by determining the intracellular flux distribution, biomass generation rate and CO₂ uptake rate. In this work, the effect of an external electron supply on product distribution, biomass generation and CO₂ conversion was evaluated in *C. autoethanogenum* using a genome-scale model (GSM). The model MetaCLAU was used as a reference to implement a flux balance analysis (FBA). This model was modified introducing a set of metabolic reactions to represent the transport of electrons between the cathode and the microorganism. Carbon distribution and CO₂ conversion were analyzed at different electron uptake rates. As a result, it was found that the incorporation of external electrons to *C. autoethanogenum* leads to a redistribution of the metabolic fluxes of the main products when using CO₂ as a substrate. This incorporation mainly affected the production of biomass, acetate and ethanol. The model provided a systematic understanding of how an electron source can impact cellular metabolism, allowing it to simulate a fermentation where CO₂ is the carbon source for the generation of valuable products.

Acknowledgments. J. M. would like to acknowledge the financial support from CONICYT/ANID-Subdirección de Capital Humano through the scholarship "Doctorado Nacional 2020," folio No. 21201642.

Evolución adaptativa de *Clostridium acetobutylicum* para aumentar la resistencia a inhibidores provenientes de material lignocelulósicos pretratado

Silvia Mau Incháustegui^{1,2}, Germán Aroca Arcaya¹, Juan Carlos Gentina Morales¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Facultad de Ingeniería, Avenida Brasil 2085, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Nacional, Escuela de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Avenida 1, Calle 9, Heredia, Costa Rica

La reducción de la reserva de petróleo crudo y el impacto ambiental causado por el exceso de consumo de sus derivados, han hecho urgente el desarrollo de alternativas renovables y respetuosas con el medio ambiente. El butanol, producido por varias especies del género *Clostridium* por medio de la fermentación acetona-butanol-etanol (ABE), es una buena alternativa de reemplazo. Sin embargo, el alto precio de las materias primas para su producción es una de las principales desventajas. La biomasa lignocelulósica podría utilizarse como materia prima, pero por su complejidad, se hace necesario un pretratamiento donde se generan compuestos inhibitorios para la actividad microbiana. Aumentar la resistencia a estos compuestos beneficiará significativamente la utilización de estos sustratos. El objetivo del presente trabajo fue desarrollar, por medio de evolución adaptativa (ingeniería evolutiva), variantes de *Clostridium acetobutylicum* resistentes a tales inhibidores. Las cepas se generaron a partir de *C. acetobutylicum* ATCC 824 mediante una mutagénesis aleatoria con N-etil-N-nitrosourea y selección en un medio de cultivo suplementado con una mezcla de inhibidores; vainillina, siringaldehído, furfural y ácido levulínico. Las variantes seleccionadas fueron sometidas a una evolución adaptativa en un biorreactor (continuo y reciclado celular), alimentado con medio de cultivo con una mezcla de inhibidores como presión selectiva. Finalmente, se comparó la producción de butanol entre la cepa parental y las variantes resistentes. La concentración de biomasa se determinó espectrofotométricamente y la concentración de glucosa, butanol y ácidos por medio de HPLC. Posterior al proceso de mutagénesis, se obtuvieron 10 variantes resistentes, mostrando un crecimiento a concentraciones de 0.05 gL⁻¹ de vainillina, 0.5 gL⁻¹ de siringaldehído y 1.0 gL⁻¹ de furfural y ácido levulínico. De estas variantes, *C. acetobutylicum* MT5A y *C. acetobutylicum* MT20A, tuvieron los mejores rendimientos y un comportamiento cinético similar a la cepa parental. Posterior a la evolución adaptativa en biorreactor, la variante MT5A alcanzó una concentración de biomasa, butanol y productividad volumétrica significativamente mayor a la obtenida por la cepa parental en presencia de distintas concentraciones de tales inhibidores. Se puede concluir que la mutante adaptada, resulta ser promisorio para ser utilizada para la producción de butanol utilizando biomasa lignocelulósica pretratada como sustrato.

Estudio del sesgo de codones en patotipos de *Escherichia coli* Diarreogénicas

Camila Miranda-Cárdenas^{1,2}, Mario Tello³, Roberto Vidal², Omar Orellana¹.

(1) Universidad de Chile, ICBM, Medicina, Independencia 1027 Bloque D, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, ICBM, Medicina, Independencia 1027, Microbiología, Santiago, Chile

(3) Universidad de Santiago de Chile, Biología, Biología y Química, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins nº 3363, Santiago, Chile

Dentro de los patógenos diarreogénicos encontramos a *Escherichia coli* Enteropatógena (EPEC) y Enterohemorrágica (EHEC), los cuales se han asociado a diarreas acuosas y diarreas con sangre. La isla genómica LEE confiere a EHEC y EPEC el fenotipo de Adhesión y Borrado (A/E) epitelial. Por esto la bacteria es capaz de adherirse íntimamente a la célula epitelial intestinal y generar rearrreglos de actina provocando la eliminación de las microvellosidades formando pedestales bajo la bacteria. Estudios realizados en estas cepas han demostrado que Hfq y sRNAs dependientes de Hfq regulan varios procesos de patogénesis, como la expresión del locus LEE. Por otro lado, se ha observado que el proceso de traducción del mensaje genético no ocurre a la misma velocidad a medida que el ribosoma avanza por el mRNA, ya que los codones sinónimos no se traducen a la misma velocidad debido a los diferentes niveles de tRNA en la célula. El sesgo de codones impacta directamente en la dinámica de traducción de las proteínas modulando la eficiencia y la velocidad de traducción por codones de alto y/o bajo uso, generando diferencias en el plegamiento y los niveles totales de proteínas. Comparando las secuencias nucleotídicas de genes reguladores de la isla LEE (grlR, grlA y ler) y el gen hfq de EPEC y EHEC, observamos en los alineamientos que se generan 2 grupos de bacterias que comparten cambios de codones sinónimos. Mediante análisis filogenéticos observamos una tendencia a agruparse en 2 clados que se repiten en todos los genes utilizados en este estudio. Además, al comparar estos análisis filogenéticos de los genes de interés versus el del genoma completo, observamos que los grupos varían. Estos resultados nos permitirán abordar el estudio de la influencia de las mutaciones sinónimas en el fenotipo de las cepas utilizadas, permitiendo analizar las diferencias fenotípicas en la longitud del tamaño del pedestal y cantidad de bacterias adheridas en cepa O127:H6. Por lo tanto, podremos comprender si las diferencias en el uso codogénico de genes claves de la isla LEE y/o hfq pueden dar cuenta de las diferencias en el fenotipo A/E de patotipos EPEC y EHEC.

Financiado por proyecto Fondecyt 1190552 Omar Orellana y Fondecyt 1161161 Roberto Vidal

Elicitation of antimicrobial compounds in Antarctic bacteria strains: a genomic and metabolomic characterization

Kattia Rebeca Núñez Montero^{1,2}, Fernando Andreote³, Robert Capon⁴, Zeinab Khalil⁴, Leticia Barrientos².

(1) Biotechnology Investigation Center, Department of Biology, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Cartago Costa Rica

(2) Laboratory of Molecular Applied Biology, Center of Excellence in Translational Medicine, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

(3) Department of Soil Science, "Luiz de Queiroz" College of Agriculture, University of São Paulo, Piracicaba, Brazil

(4) Institute for Molecular Bioscience, The University of Queensland, Queensland, Australia

Concern about finding new antibiotics against drug-resistant pathogens is increasing every year. Antarctic bacteria have been proposed as a new unexplored source of bioactive metabolites; however, most biosynthetic gene clusters (BGCs) producing secondary metabolites remain silent under common culture conditions. Our work aimed to characterize the elicitation conditions for the production of antibacterial secondary metabolites from 34 Antarctic bacterial strains based on MS/MS metabolomics and genome mining approaches. Each bacterial strain was cultivated under different nutritional (x12 media) and elicitation conditions, including the addition of lipopolysaccharide (LPS), sodium nitroprusside (SNP), and coculture. The metabolome was obtained by HPLC-QTOF-MS/MS and analyzed through molecular networking to determine the metabolites' diversity after each tested condition. Antibacterial activity was also characterized for each extract, and seven strains were selected for genome sequencing and analysis. We confirmed that biosynthesis pathways were activated by all the elicitation treatments, which varies among strains (13-52% of the total metabolites) and highly dependent on culture media composition. Particularly, LPS and SNP are suggested as pleiotropic elicitors for secondary metabolites. Increased antibacterial activity was observed for a few strains. The addition of LPS was related to inhibition of Gram-negative pathogens, while coculture treatments produced higher antibiotic activities. Selected promising bacterial strains for drug discovery belongs to actinobacteria (*Streptomyces fildesensis* and *Microbacterium* sp.), proteobacteria (*Sphingomonas alpina*, *Stenotrophomonas maltophilia*, and *Massilia* sp.), and firmicutes phyla (*Bacillus subtilis*). Antibiotic BGCs were found for all those selected strains, and the expression conditions of Actinomycin, Carotenoids and Bacillibactin analogs were determined by comparison of genomic and metabolomic data. This work established the use of potential new elicitors for Antarctic bacteria's bioprospection and highlighted the importance of new -omics comparative approaches for drug discovery applied to this extreme and untapped environment. Moreover, our results highlight the importance of high throughput screenings for studying silent/cryptic secondary metabolites as a source of novel drugs, aiming to avoid the re-discovery of antibiotic molecules.

INACH (RT_14-12 y DG_01-19), Dirección de Investigación, Universidad de La Frontera (DI17-0116), Beca Doctoral CONICYT- PFCHA/Doctorado Nacional/2017-21170263, Network For Extreme Environments Research (NXR17-0003)

Evaluación del potencial patogénico de especies entero-hepáticas del género *Helicobacter* aisladas de perros domésticos usando larvas de *Galleria mellonella* como modelo de infección

Sofía Ochoa Astudillo^{1,2}, Luis Devotto⁴, Fabiola Fernández³, Luis Collado^{1,2}.

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Isla Teja, Valdivia, Chile

(2) Núcleo Milenio en Biología de Microbiota Intestinal, Santiago, Chile

(3) Universidad Austral de Chile, Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Isla Teja, Valdivia, Chile

(4) Ministerio de Agricultura, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Quilamapu, Chillán, Chile

Las especies enterohepáticas del género *Helicobacter* (EHH) son un grupo emergente de bacterias que han sido asociadas con enfermedades gastrointestinales y hepatobiliares en humanos. Sin embargo, los estudios de la virulencia de estas especies son escasos. *Galleria mellonella*, es un modelo propuesto recientemente para el estudio de la virulencia en distintos patógenos, tales como *Campylobacter jejuni* y *Helicobacter pylori*. A pesar de esto, aun no se ha evaluado su utilidad en EHH. Por lo tanto, nuestro objetivo fue determinar el potencial patogénico de especies de EHH aisladas de perros (reservorios naturales) en larvas de *G. mellonella* como modelo de infección. Se evaluaron cuatro especies de EHH (*H. canicola*, *H. canis*, *H. bilis* y "*H. winghamensis*"), cada una representada por cuatro cepas, las cuales fueron aisladas de muestras fecales de perros domésticos en Valdivia durante el año 2019. Las cepas fueron inoculadas en cohortes de *G. mellonella* a una concentración de 1×10^7 UFC/ml. Una cepa clínica de *C. jejuni* perteneciente al CC-48 fue usada como control positivo. Se determinaron curvas de supervivencia mediante el método de Kaplan-Meier. Además, la cuantificación de melanina, carga bacteriana en hemolinfa e histopatología se evaluaron diariamente postinfección. Se determinó que las larvas de *G. mellonella* son susceptibles a la infección por EHH, exhibiendo una alta variabilidad intra e inter-especie, siendo *H. canicola* la que mostró un mayor grado de virulencia. La producción de melanina se evidenció a partir de las 4 h post infección, la cual aumentó a lo largo del ensayo. Todas las especies evaluadas pudieron ser recuperadas desde la hemolinfa de las larvas infectadas. Sin embargo, solo *H. canis* se pudo recuperar hasta 48 h después de la inoculación bacteriana. La histopatología reveló la activación de la respuesta inmune visualizándose acumulación de hemocitos, depósitos de melanina y formación de nódulos en diferentes tejidos. Estos signos concuerdan con las características reportadas en la literatura para otros patógenos bacterianos. En base a nuestros resultados podemos concluir que las especies de EHH portados por perros presentan un potencial patogénico considerable. Además, que *G. mellonella* es un modelo útil para evaluar la virulencia en este grupo de bacterias emergentes.

Dirección de Investigación, Desarrollo y Creación Artística de la Universidad Austral de Chile bajo el proyecto D-2019-05.

Fototoxicidad antimicrobiana de Quantum Dots biomiméticos de CdTe-GSH500

Nia Carolina Oetiker Mancilla¹, Claudia Muñoz Villagrán², Claudio Vásquez², Denisse Bravo³, Jose Manuel Pérez Donoso¹.

(1) Universidad Andrés Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Ciencias para la Vida, República 330, Santiago, Chile

(2) Universidad de Santiago de Chile, Laboratorio de Microbiología Molecular, Química y Biología, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins n° 3363, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología Oral, Odontología, Los Olivos 943, Santiago, Chile

El aumento de infecciones asociadas a patógenos multirresistentes ha generado el interés por desarrollar alternativas antimicrobianas capaces de eliminar eficazmente microorganismos patógenos sin generar resistencia. La terapia fotodinámica antimicrobiana (aPDT) es un tratamiento clínico basado en la activación de moléculas fotosensibilizadoras (PS), que tras ser irradiadas a una determinada longitud de onda generan especies reactivas de oxígeno (ROS). Existe interés en mejorar el efecto de aPDT mediante el desarrollo de PS con baja toxicidad en ausencia de luz, fotoestabilidad, alta generación de ROS y con procesos de síntesis simples, económicos y sustentables. Los Quantum Dots (QD) tienen excelentes propiedades como PS por su tamaño y conducción de electrones que pueden generar ROS. El objetivo de este trabajo fue analizar la fototoxicidad de QDs biomiméticos de CdTe-GSH verdes (QDs500) y rojos (QDs600) en *Escherichia coli*, y proponer el mecanismo involucrado. Se expuso *E. coli* a QDs fotoactivados y se evaluó su viabilidad. Cuando las células se expusieron a QDs500, la viabilidad de las células disminuyó significativamente después de 5 min de irradiación. En el caso de las células expuestas a QDs600 rojo irradiados, solo se observó disminución en la viabilidad a mayores tiempos de exposición. Luego analizamos los niveles de ROS intracelular mediante la sonda H₂DCFDA. Las células expuestas a QDs500 fotoactivadas presentaron niveles elevados de ROS respecto de las células expuestas a QDs600. Además, los QDs500 liberan bajos niveles de Cd⁺² tanto en presencia como ausencia de irradiación. Estos resultados indican que la generación de ROS, y no la liberación de Cd⁺², es el principal factor en la fototoxicidad observada en los QDs500. En resumen, los resultados de este trabajo indican que la exposición a la luz aumenta la toxicidad de los QDs500 en *E. coli* mediante la generación de ROS directamente por los QDs, lo que los podría establecer como una alternativa rentable y prometedora de PS en aPDT.

Fondecyt 120087 INACH RT-25_16, Fondecyt 3190555

Análisis in silico de clusters biosintéticos para la producción de azafilonas en hongos filamentosos del género *Pseudogymnoascus*

Vicente Oliva Galleguillos¹, Diego Palma¹, Pablo Villanueva¹, Felipe Vega¹, Anaí Díaz¹, Mariana Montanares¹, Renato Chávez², Inmaculada Vaca¹.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

(2) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Estación Central, Santiago, Chile

Las azafilonas son metabolitos secundarios que destacan por poseer un amplio espectro de actividades biológicas, tales como actividad antitumoral/citotóxica, antimicrobiana, antiinflamatoria, antioxidante y antiviral. Por otro lado, un alto porcentaje de estas moléculas son utilizadas como pigmentos naturales, haciéndolas atractivas desde una perspectiva biotecnológica para la industria alimenticia y cosmética. A la fecha se han aislado alrededor de 600 moléculas distintas pertenecientes a la familia de las azafilonas a partir de hongos ascomicetos de 50 géneros. Sin embargo, únicamente se han identificado y caracterizado 6 clusters de genes biosintéticos (BGCs) para la producción de azafilonas, en cepas pertenecientes a los géneros *Aspergillus*, *Monascus*, *Talaromyces* y *Chaetomium*. El género fúngico *Pseudogymnoascus*, prevalente en ambientes fríos, es aislado de manera frecuente desde zonas antárticas. Uno de los pocos metabolitos secundarios conocidos del género *Pseudogymnoascus*, es la citrinina, un compuesto de la familia de las azafilonas. Con el fin de investigar el potencial de producción de azafilonas en el género *Pseudogymnoascus*, se realizó un análisis bioinformático de los BGCs presentes en los 26 genomas del género disponibles en las bases de datos. Adicionalmente, se incluyó en este análisis el genoma de la cepa antártica *Pseudogymnoascus* sp. FAE27, secuenciado por nuestro grupo de investigación. En primer lugar, empleando la herramienta antiSMASH se lograron identificar BGCs para la síntesis de azafilonas en 17 de los 27 genomas analizados, lo que indica que estos metabolitos son frecuentes dentro del género. Por otro lado, utilizando la herramienta BiG-SCAPE se compararon los BGCs de azafilonas detectados en las cepas de *Pseudogymnoascus* con los caracterizados en los géneros *Aspergillus*, *Monascus*, *Talaromyces* y *Chaetomium*. El resultado de este análisis muestra que los BGCs de azafilonas descritos para estos géneros se diferencian de los encontrados en *Pseudogymnoascus* principalmente en las enzimas accesorias, tanto en el número como en la función predicha. Esto sugiere que los hongos del género *Pseudogymnoascus* producen azafilonas estructuralmente distintas a las descritas. En conjunto, estos resultados indican que el género fúngico *Pseudogymnoascus* posee un interesante e inexplorado potencial para el aislamiento de nuevas azafilonas.

Este trabajo fue financiado por el proyecto Fondecyt 1150894. V.O recibió la beca CONICYT-PFCHA/Doctorado Nacional/2018-21181056.

Spatial distribution and subcellular localization of FtsZ in *Anabaena* sp. PCC7120 by time-lapse microscopy analysis

Jorge Olivares¹, Derly Andrade^{1,3}, Marcial Silva¹, Octavio Monasterio², Mónica Vásquez Pérez¹.

(1) P. Universidad Católica de Chile, Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Portugal 49, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Biología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(3) Universidad Espíritu Santo, Km. 2.5 vía La Puntilla, Samborondón, Guayaquil, Ecuador

A key event in bacterial cell division is the septation process, whose main component is FtsZ. This protein forms the Z-ring in the middle of the cell, which is the scaffolding for other division proteins. Super-resolution microscopies in models like *Escherichia coli* and *Bacillus subtilis* have shown that the Z-ring is discontinuous, and live cell imaging studies have shown that FtsZ moves along the ring following a mechanism known as treadmilling, as its structural analog (tubulin) in eukaryotic cells. In cyanobacterial species, there are only studies of Z-ring's structure in the unicellular model *Prochlorococcus*, but not in multicellular cyanobacteria. To determine the spatial distribution of FtsZ in the Z-ring of filamentous cyanobacteria, we expressed a FtsZ protein fused to sfGFP under the control of the native promoter in *Anabaena* sp. PCC7120. The mutant strain obtained by triparental conjugation and homologous recombination was completely segregated. It was determined by confocal microscopy, that the FtsZ-sfGFP mutant has a wild type phenotype, and that the cell division is asynchronous along the filaments. The Z-ring in this mutant is discontinuous and, through time-lapse microscopy, highly dynamic changes in fluorescence intensity and constriction of the Z-ring (in a time scale of seconds and hours, respectively) were observed. This is the first study in which the spatial organization and in vivo dynamics of the Z-ring is observed in a cyanobacterial model using a fusion protein and a complete allelic replacement, which allows us to understand how cell division occurs in multicellular bacteria and opens new questions regarding the function of the distribution patterns of FtsZ during the cell cycle.

Acknowledgments: Grant Fondecyt 1161232

Búsqueda bioinformática y fenotípica de determinantes de resistencia a antibióticos en la bacteria *Piscirickettsia salmonis*

Javiera Ortiz-Severín^{1,2}, Camila Stuardo¹, Alejandro Maass^{2,3}, Verónica Cambiazo¹.

(1) Universidad de Chile, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, El Líbano, 5524, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Fondap Center for Genome Regulation (CGR), Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Departamento de Ingeniería Matemática, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Centro de Modelamiento Matemático (AFB170001), Santiago, Chile

La industria salmonera chilena es responsable de la administración de más de 334 toneladas de antibióticos sólo en el año 2019 en Chile, principalmente para el tratamiento de la Septicemia Rickettsial de Salmónidos (SRS), una enfermedad causada por la bacteria *Piscirickettsia salmonis*. Diversos esfuerzos se han centrado en la búsqueda de resistencia en *P. salmonis* a los antibióticos florfenicol y oxitetraciclina, los más utilizados por la industria salmonera. Con el fin de estudiar el resistoma de *P. salmonis* LF-8g y relacionar los determinantes genéticos al fenotipo de resistencia, en este trabajo se utilizaron tres herramientas de búsqueda que emplean distintas bases de datos (SARGfam, CARD y BARRGD) para predecir genes de resistencia a antibióticos (GRA). Por cada búsqueda, entre 51 y 66 GRA fueron identificados, pero sólo 3 fueron comunes para las tres herramientas. Al clasificar los GRA según Mecanismos de Resistencia, las categorías más representadas fueron eflujo de antibióticos y alteración del blanco del antibiótico. Además, los GRA fueron clasificados en las siguientes Clases de Drogas: aminoglicósidos, beta-lactámicos y cefalosporinas, diaminopirimidinas, fluoroquinolonas, glicopéptidos, macrólidos, antibióticos peptídicos, fenicoles, pleuromutilinas, rifamicinas, tetraciclinas, y multidrogas. Antibióticos pertenecientes a cada Clase fueron probados en ensayos fenotípicos calculando la concentración mínima inhibitoria (CMI). Para ello, se utilizó un nuevo medio definido (CMM-AB) diseñado para cumplir los estándares del CLSI, y un medio nutritivo (Austral-SRS) reportado anteriormente para ensayos de CMI en *P. salmonis*. Se detectó resistencia (CMI > 10 µg/mL) para los antibióticos peptídicos, macrólidos, beta-lactámicos, diaminopirimidinas y aminoglicósidos. Además, se observó un aumento de la resistencia bacteriana en CMM-AB, en comparación con el medio Austral-SRS, para los macrólidos, beta-lactámicos y aminoglicósidos, sumado a una disminución en el tiempo generacional, y a un aumento de la capacidad de carga en los cultivos líquidos. Finalmente, la expresión de genes predichos para eritromicina y polimixina aumentó, aunque el medio, más que la presencia del antibiótico, fue determinante en el patrón de expresión de los GRA. De esta forma, la búsqueda exhaustiva de GRA utilizando distintas herramientas bioinformáticas permitió predecir nuevos fenotipos de resistencia en *P. salmonis*, observados al utilizar un medio de cultivo definido.

FONDECYT 1160802, Fondap 15090007 y Beca INTA-Nestlé Dr. Abraham Steckel

Degradación bacteriana de explosivos: estudio del mecanismo de unión del sustrato 2,4,6-trinitrotolueno (TNT) a la enzima Xenobiotic Reductase B

Manuel I. Osorio¹, Fernando González-Nilo¹, José Manuel Pérez-Donoso¹.

(1) Universidad Andrés Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias de la Vida, Av. República 330, Santiago, Chile

La contaminación por compuestos aromáticos es un problema que afecta significativamente a algunas zonas y actividades industriales. Dentro de esta compleja situación ambiental, la búsqueda de alternativas para la degradación de explosivos como el 2,4,6-trinitrotolueno (TNT) resulta de gran interés para la industria militar y minería. En este contexto, nuestro grupo publicó recientemente el aislamiento y caracterización de una bacteria Antártica capaz de usar TNT como fuente de C y N, y degradarlo eficientemente. La búsqueda de las enzimas involucradas en este proceso nos llevó de proponer a la enzima Xenobiotic Reductase B (XenB) como la principal involucrada. Estudios bioinformáticos sugirieron que esta enzima es tan eficiente en la degradación de TNT principalmente por su capacidad de movilizar el ligando desde el seno de la disolución al sitio catalítico. Los detalles moleculares de este proceso se desconocen tanto en Xenobiotic Reductase B (XenB) como en la mayoría de las enzimas, principalmente las diferentes regiones de unión al ligando y los residuos de la enzima que participan en este proceso previo a la catálisis. Para estudiar el mecanismo de unión del sustrato 2,4,6-trinitrotolueno (TNT) a XenB se realizaron simulaciones de dinámica molecular, cálculos de energía libre y cálculos de interacción no covalente. Se identificaron los residuos involucrados en la unión del TNT a XenB, en el camino desde la disolución al sitio catalítico. Este estudio es el primero en describir el proceso de unión de TNT a XenB e identificar caminos de acercamiento al sitio catalítico. En las cuatro vías identificadas de aproximación al sitio catalítico, se observó que los residuos Tirosina 66, Leucina 130 y Tirosina 366 interactúan con TNT principalmente a través de interacciones de Van der Waals que no involucran los grupos nitro. Estos residuos se encuentran a 10 Å del sitio catalítico, en la región de barrera de energía para la unión de TNT al sitio catalítico. Estos resultados permitirían establecer una metodología para proponer mutaciones que conduzcan al diseño racional de enzimas. Además, revela aspectos fundamentales del proceso de unión de TNT a XenB que podrían ser un mecanismo general para las enzimas.

Fondecyt 120087, Fondecyt Postdoctorado 3201013, e INACH RT-25_16.

The transcription factor ArcA modulates bacterial secretion systems and ribosome function in response to H₂O₂-mediated stress

Juan Castro-Severyn², Gabriel Krüger¹, Carolina Cabezas¹, Alan Briones¹, Eduardo Castro-Nallar³, **Coral Pardo Esté¹**, Claudia Saavedra¹.

(1) Universidad Andres Bello, Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

(2) Universidad Católica del Norte, Ingeniería Química, Antofagasta, Chile

(3) Universidad Andres Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

Bacterial pathogens have the ability to regulate gene expression in response to particular extracellular conditions, this is a relevant trait related to their virulence and survival capacity, especially once it encounters the immune system defensive cells. We have focused our investigations in understanding how the transcription factor ArcA is involved in this process in the infection cycle of *Salmonella Typhimurium*. In this context we have found that this molecule is related to the modulation of key genes with a wide variety of functions including virulence and metabolism, also it is involved in the regulation of genes related to the detoxification of the cellular environment, in particular in response to HOCl. Therefore, we aimed to determine if this response regulator is also activated once the bacteria is under other oxidative stress, such as the presence of hydrogen peroxide (H₂O₂), we first performed whole transcriptome sequencing of bacteria exposed to the toxic compound *in vitro* and then we validated our results using RNA extracted from bacteria that was engulfed by macrophages, one of the primary defense of the host against intracellular pathogens that uses H₂O₂ as a bactericide. We found that there is a very particular response of the bacteria mediated by ArcA to the presence of this stressor, and its associated with ribosome function and bacterial secretion systems, and that there is a positive correlation of the response to bolus treatment and the behavior observed in bacteria harvested from RAW 264.7 cells. Suggesting that the presence of H₂O₂ triggers a specific response that enables bacteria to resist and survive one of the defense mechanisms of the host.

FONDECYT 1160315

Variaciones en la tensión de oxígeno promueven el ingreso de *H. pylori* en levaduras del género *Candida*

Cristian Andres Parra Sepúlveda¹, Kimberly Sánchez-Alonzo¹, Humberto Bernasconi², Hector Benavides¹, Víctor Campos¹, Apolinaria García-Cancino¹.

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción 4070386, Concepción, Chile

(2) Laboratorio Pasteur, Departamento de investigación y desarrollo, Concepción 4030635, Concepción, Chile

Introducción: *Helicobacter pylori* es una bacteria patógena que infecta al 50% de la población mundial y se asocia a múltiples patologías gástricas como úlceras pépticas, linfoma de MALT y cáncer gástrico. *H. pylori* se considera un microorganismo de difícil cultivo lo que incluye una atmósfera de microaerobiosis con 10% de CO₂, esta atmósfera es tan importante para el desarrollo de este patógeno que variaciones en ella conllevan a un cambio morfológico de la bacteria comprometiendo también su viabilidad. El hábitat natural de *H. pylori* es el estómago del ser humano, pero ha sido detectado en boca, agua y alimentos lo que indica que esta bacteria genera estrategias de sobrevivencia, como la generación de biopelículas o la internalización a células eucariotas para su protección. Por esto el objetivo de este estudio fue evaluar si las variaciones de la tensión de oxígeno gatillan la entrada de *H. pylori* a *Candida*. **Materiales y métodos:** Este estudio se realizó con cepas ATCC y cepas clínicas de *H. pylori* y *Candida*. Se co-cultivaron en caldo *Brucella* suplementado con 5% de SBF enfrentando cada cepa de *H. pylori* con cada cepa de *Candida* variando la concentración de oxígeno en la atmósfera de cultivo, siendo cultivadas en aerobiosis, micro aerobiosis y anaerobiosis. Posteriormente se realizó la detección de levaduras portadoras de *H. pylori* a través de microscopía y pruebas moleculares. **Resultados:** Se observó un mayor ingreso de *H. pylori* a *Candida* en condiciones de anaerobiosis (25%), seguido por aerobiosis (15%) en comparación con el porcentaje de levaduras portadoras de *H. pylori* en microaerobiosis (7%). Además se observó que en el co-cultivo de *H. pylori* J99 con *C. glabrata* obtenida de cavidad oral hubo un mayor porcentaje de levaduras portadoras de este patógeno en comparación con el comportamiento observado en los demás co-cultivos (10% más levaduras portadoras de *H. pylori* en comparación con los demás co-cultivos). **Conclusión:** Las variaciones en la tensión de oxígeno participan como factor estresante que promueve el ingreso de *H. pylori* a levaduras del género *Candida*, siendo esta relación intracelular cepa dependiente tanto por parte de *H. pylori* como de la levadura.

Proyecto VRID-Enlace, código 218.036.047-1.0. Universidad de Concepción.- Beca CONICYT Magíster Nacional 2019-22190334.

Optimización de partidores para la detección de levaduras basidiomicetes en el microbioma de líquenes *Peltigera*

Yosbany Perez¹, Katerin Almendras¹, Karla Veas¹, Matías Pezoa¹, Matias Gálvez¹, Diego Leiva¹, Julieta Orlando¹.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Chile

Históricamente, los líquenes han sido definidos como asociaciones simbióticas mutualistas entre un hongo (micobionte), generalmente de la división Ascomycota, y uno o dos compañeros fotosintéticos (fotobionte/s). Sin embargo, recientemente se ha reportado una amplia gama de microorganismos asociados a los líquenes (microbioma), lo que ha llevado a redefinir a los líquenes como simbiosis multiespecies. Dentro del microbioma, se han encontrado levaduras basidiomicetes presentes en la corteza de varias especies de líquenes en varias regiones del planeta, sugiriéndose como un nuevo componente esencial de la simbiosis líquénica. En un trabajo previo optimizamos partidores para amplificar la región ITS de la comunidad fúngica presente en líquenes *Peltigera*, buscando disminuir la amplificación de hongos ascomicetes (para evitar la detección del micobionte) y se llevó a cabo la secuenciación masiva de los amplicones obtenidos. Sin embargo, estos partidores no permitieron disminuir significativamente la amplificación del micobionte, el cual se detectó en una abundancia relativa del 88%. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue optimizar partidores específicos que permitan detectar con mayor resolución hongos basidiomicetes asociados a líquenes *Peltigera*. Se seleccionaron partidores descritos en la literatura dirigidos a amplificar las regiones ITS y LSU de hongos basidiomicetes y mediante la herramienta bioinformática Primer-BLAST se evaluaron in silico diferentes modificaciones nucleotídicas y combinaciones de partidores. Como criterio para la selección de los partidores se incluyeron parámetros como temperaturas de hibridación similares entre las parejas de partidores, bajo número de bases degeneradas y tamaño de los amplicones de aproximadamente 300 pb adecuado para secuenciación masiva Illumina Miseq. Se determinó que la pareja de partidores LSU200B-F y LSU481-R, los cuales amplifican la región D1 del marcador LSU, y la pareja ITS_symrho_1F y LRo_symrho_RBasi, que amplifican la subregión ITS2, cumplieron con los criterios requeridos de optimización y mostraron amplificación principalmente de hongos basidiomicetes, excluyendo del análisis a bacterias, arqueas y al micobionte (*Peltigera*). Además, los partidores son capaces de cubrir toda la diversidad de levaduras basidiomicetes asociadas a líquenes que se han reportado hasta la actualidad, por lo que serían adecuados para llevar a cabo estudios de la diversidad de basidiomicetes asociados a especies de líquenes *Peltigera*.

FONDECYT 1181510 CONICYT-PFCHA/Doctorado Nacional/2019-21190058

Expanding our understanding of the infectious cycle of *Piscirickettsia salmonis*: prediction of a gene regulatory network

Diego Pérez-Stuardo¹, Elena A. Vidal^{1,2,3}, Sebastián Reyes-Cerpa^{1,2}.

(1) Universidad Mayor, Centro de Genómica y Bioinformática, Facultad de Ciencias, Camino La Pirámide 5750, Santiago, Chile

(2) Universidad Mayor, Escuela de Biotecnología, Facultad de Ciencias, Camino la Pirámide 5750, Santiago, Chile

(3) Universidad Mayor, Instituto Milenio de Biología Integrativa iBio, Camino La Pirámide 5750, Santiago, Chile

Piscirickettsia salmonis is one of the main health problems that Chilean aquaculture must face. This bacterium is responsible for approximately 60% of the mortalities due to infectious diseases in Atlantic salmon, the most exported species in Chile. Regrettably, the current antimicrobial strategies against this pathogen have largely failed. In the last years has been suggested that *P. salmonis* infects and replicates within macrophages modulating the host activity at different levels, including cytoskeleton activity, metabolic routes and immune response, establishing a microenvironment that favours the bacterial survival and its replication. However, the molecular regulatory mechanisms associated with virulence used by *P. salmonis* are poorly described. For this reason, we propose to understand how this bacterium regulates its gene expression from a predicted gene regulatory network establishing regulatory interactions between transcription factors and target genes. Briefly, we have determined the ortholog regulatory interactions using the reciprocal best hit approach, interrogating the proteome of *P. salmonis* against the RegulonDB. The aim of this analysis was to identify the repertoire of transcription factors of *P. salmonis* along with their described target genes by extrapolating of the corresponding *E. coli* regulatory interactions. We have determined 20 ortholog transcription factors between *P. salmonis* and *E. coli* that present a total of 200 regulatory interactions, which correspond mainly to TFs predicted to control amino acid metabolic pathways. We are currently focused on expanding this GRN by finding new TFs by Pfam domain analysis and using position weight matrices to obtain novel regulatory interactions. This predicted GRN represents the first step to improve our understanding of transcriptional control in this pathogen, which could lead us to identify novel transcriptional regulators involved in the control of genes related to the virulence mechanisms of this bacterium.

PCI-ANID REDES180097ANID-Iniciativa Científica Milenio, Millennium Institute for Integrative Biology National Agency for Research and Development (ANID)/Scholarship Program/DOCTORADO BECAS CHILE/2019 – 21191135 UMayor-Ph.D. fellowships

O-antigen transport modulates antibiotic biosynthesis in an enterobacterium

Daniel Plaza¹, George Salmond¹.

(1) University of Cambridge, Department of Biochemistry, Tennis Court Road, CB2 1QW, UK, Cambridge, United Kingdom

Antibiotic resistance is an increasing problem, exacerbated by global dissemination of drug resistance genes under selection pressure. Moreover, the rate of new antibiotic discovery declined over previous decades and so there is a growing need for new antibiotic discovery and a deeper appreciation of the various genetic and physiological factors that influence antibiotic biosynthesis. The enterobacterium *Serratia* sp. ATCC 39006 (S39006) is a useful Gram-negative model for studies on the biosynthesis and regulation of bioactive secondary metabolites, particularly two antibiotics - a carbapenem and prodigiosin. Both compounds are tightly regulated in response to various physiological and environmental signals, including quorum sensing. We have identified novel regulators of antibiotic production by random transposon mutagenesis using wild type (WT) as parental strain and prodigiosin production (a red compound) for screening of mutants. Transposon insertion effects on phenotype were verified by transducing out the mutations into WT genetic background by using a generalised transducing phage. An insertion on *wzt*, an ABC-transporter linked to lipopolysaccharide O-antigen transport, displays elevated production of both antibiotics. The disruption affects the transcription of the antibiotic biosynthetic operons and *smal*, the quorum-sensing-signal synthase. This insertion mutant has rough colony morphology and exhibits reduced cell-wall-degrading enzymes synthesis, confirming pleiotropic impacts. Exploiting phage transduction, we constructed double mutants with known S39006 regulators in order to infer connections to the wider regulatory network, as it may play an impactful global role. Functional characterisation of the *wzt* mutation and its physiological impacts in both the modulation of antibiotic production and in wider pleiotropy were dissected. Mechanistic understanding of the regulatory processes involved may prove exploitable in enhancing controlled antibiotic hyperproduction.

“Becas Chile” program (ANID Chile)/Cambridge Trust (UK) and BBSRC (UK).

Antarctic *Flavobacterium* genus, a carotenoid source for food salmonid species

Paulina Andrea Pradel Almonacid¹, Nicolas Vera², Eduardo Contreras², Alex Gonzalez¹, Nancy Calisto^{3,5}, Mario Tello⁴, Robert Simpfendorfer¹, Carlos Aranda¹, Gino Corsini⁵.

(1) Universidad de Los Lagos, Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Avda. Fuchslocher 1305, Chile, Osorno

(2) Universidad de Los Lagos, Ciencias de la Salud, Fuchslocher 1305, Osorno, Chile

(3) Universidad de Magallanes, Química, Ingeniería, Avda. Pdte. Bulnes 1855, Punta Arenas, Chile

(4) Universidad de Santiago de Chile, Química y Biología, Avda. Bernardo O' Higgins, Santiago, Chile

(5) Universidad Autónoma, Ciencias de la Salud, Avda. Pedro de Valdivia 425, Santiago, Chile

Biosynthesis of carotenoids represent an important group of natural pigments throughout all biological kingdoms, where microbial cells can accumulate this secondary metabolite under certain culture conditions as an adaptation mechanism against UV radiation. Extreme environments such as Antarctica have microorganisms exposed to environmental stress mainly UV radiation. These are particularly prone to photodamage and hence a protection system seems highly required to survive, this is a broadband pigment strategy that efficiently reduces the reactive oxygen species (ROS) generated in these kinds of environments. Pigment production from novel sources as extremophiles microorganisms has attention, due to, they are of natural origin, low cost extraction and mainly used in applications such as medical, pharmaceutical, food and biotechnological purposes. However, there is poor information regarding the use of carotenoids from Antarctic bacteria for salmonid species food in aquaculture. For this, the relevance of this research is related with novel lutein sources from Antarctic soil bacteria. The objective of this study is to identify the carotenoids produced by Antarctic soil bacteria. The pigmented strain was isolated in modified Luria Bertani (LB) media and incubated at 4°C (named CN 17.5). This Gram negative bacillus was identified by 16S rRNA analysis as *Flavobacterium segetis* and its sequence was deposited in the GenBank (KJ943556.1). Besides, the phylogenetic tree was constructed using Neighbor Joining method. The pigment extraction was performed by sonication with acetone solution. The characterization of this pigment extract was performed through separation by HPLC and their identification with LC-MS. The HPLC analyses reveal that this bacterium produces several pigments in the range absorption of carotenoids (five kinds of carotenoid pigments). The results obtained by LC-MS confirm the presence mainly of two pigments and their m/z correspond to lutein and zeaxanthin like (isomer of lutein) pigments. In conclusion, biosynthesis of lutein by *F. segetis* could be the molecular pathway used to decrease the damage of ROS induced by UV-B on Antarctic topsoil. Thus, we propose *F. segetis* as an alternative model to produce Lutein pigment with potential nutritional requirements for food salmon.

Dirección de Investigación Universidad de Los Lagos, Osorno.

Efecto de las superficies de cobre sobre los microorganismos presentes en establecimientos educativos de Santiago, Chile

Javiera Ramos-Zúñiga¹, Jessica L. Campo-Giraldo¹, Melanie Cifuentes¹, Benjamín Guzmán¹, Andrea Jara¹, José M. Pérez-Donoso¹.

(1) Universidad Andres Bello, BioNanotechnology and Microbiology Lab, Center for Bioinformatics and Integrative Biology (CBIB), Facultad de Ciencias de la Vida, República #330, Santiago, Chile

El cobre y sus aleaciones han sido reconocidos por sus propiedades antimicrobianas que permiten prevenir la propagación de infecciones desde superficies contaminadas. Estas propiedades son efectivas frente a organismos como virus, bacterias y hongos. Actualmente, debido al desarrollo de microorganismos resistentes a antibióticos, emplear estas propiedades es una estrategia en aumento. Para prevenir la propagación de estos organismos se ha implementado el uso de superficies de cobre en diferentes espacios públicos como hospitales, transporte público, colegios, y aeropuertos. A pesar de esto, a la fecha se desconoce el efecto del cobre sobre las comunidades presentes en estas superficies. Mediante análisis del gen 16S y la cuantificación de CFU/100 cm² se evaluó los microorganismos presentes en superficies de cobre y control de mesas usadas diariamente en colegios y jardines infantiles en Santiago, Chile. Este es el primer estudio realizado en centros de educación que permite identificar el efecto del cobre sobre las comunidades. Se determinó, mediante cuantificación de CFU/100 cm² que la presencia de cobre disminuye la carga microbiana. Sin embargo, los análisis metagenómicos permitieron identificar la variación en la abundancia de las bacterias presentes en las superficies de cobre, las cuales en ambos sitios eran diferentes. Las muestras control del jardín infantil presentaron bacterias orales como: *Streptococcus*, *Haemophilus*, *Neisseria*, *Granulicatella*, *Gemella*, *Actinomyces*, *Actinobacillus*, *Rothia* y *Veillonella*. En presencia de cobre *Neisseria* y *Haemophilus* presentaron menor abundancia respecto al control. No obstante, *Streptococcus* presentaba mayor abundancia frente al cobre. A su vez, las muestras del colegio incluían organismos orales como *Streptococcus*, *Neisseria*, *Haemophilus* y *Rothia*; estomacales *Kocuria* y *Escherichia/Shigella*; entre otros como *Staphylococcus* y *Acinetobacter*. Frente a cobre, *Streptococcus* y *Staphylococcus* presentaban abundancia menor y el género *Kocuria*, *Acinetobacter* y *Pseudomonas* presentaban mayor abundancia. Este estudio demostró una disminución en la carga microbiana en superficies de cobre confirmando la efectividad del metal. Sin embargo, se sugiere que el cobre podría aumentar la abundancia relativa de géneros involucrados en infecciones nosocomiales como: *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Acinetobacter* y *Pseudomonas*. En este sentido, es relevante potenciar y mejorar el efecto del cobre como agente antimicrobiano para prevenir la propagación de estos organismos en espacios públicos.

Agradecimientos: Fondecyt 120087 e INACH RT-25_16.

Metabolic flux configuration determination using information entropy

Marcelo Rivas Astroza^{1,2}, Raúl Conejeros¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Facultad de Ingeniería, Av. Brasil 2085, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Tecnológica Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias Naturales, Matemática y del Medio Ambiente, Las Palmeras 3360, Ñuñoa, Chile

A major question in biology is how cells organize their metabolic fluxes. Constraint-based models can incorporate metabolic networks' topology and reactions' thermodynamic information to find a space of possible flux configurations. This space can be narrowed down by measuring as many fluxes as possible, but the presence of loops and redundant pathways typically stops these efforts from reaching a single solution. Alternatively, flux sampling can estimate each flux's probability distribution, or a single flux configuration can be determined by assuming that enzyme-related costs are economized by living cells. Still, flux sampling is sensible to artifacts introduced by thermodynamically infeasible cycles, and the economy of fluxes assumption (EFA) may not be universally valid. Here, we formulated MaxEnt, a constraint-based approach, based on the principle of maximum entropy. In this context, this principle states that if various flux configurations are consistent with a set of measured fluxes, then the one with the fewest unwarranted assumptions is the best estimation of the non-observed fluxes. We compared MaxEnt against flux sampling and EFA-based methods by computing the mean square error (MSE) between predicted and experimentally measured fluxes of *Escherichia coli* and *Saccharomyces cerevisiae*. The results show that MaxEnt and EFA-based methods produce MSE values that are three orders of magnitude lower than the median of 1,350,000 MSE values obtained using flux sampling. However, only MaxEnt and flux sampling correctly predicted flux through *E. coli*'s glyoxylate cycle. This was in stark contrast to the results of EFA-based methods, which in general predict no flux cycles. We found that EFA-based methods have a decreasing performance with overflow metabolism, suggesting that their underlying assumption is not suitable at low biomass yields. MaxEnt accuracy, on the other hand, was not affected by overflow metabolism levels. These results suggest that MaxEnt may generalize better than EFA-based methods while at the same time being less prone than flux sampling to artifacts introduced by thermodynamically infeasible cycles.

The authors would like to thank the financial support of CONICYT's Postdoctoral Research Grant FONDECYT 3170488.

Estudio de comunidades microbianas provenientes de suelos Antárticos capaces de biodegradar hidrocarburos del petróleo en presencia de metales pesados

Paula Rivas-Álvarez¹, Jessica Liliana Campo-Giraldo¹, Javiera Ramos-Zúñiga¹, José Manuel Pérez-Donoso¹.

(1) Universidad Andres Bello, Laboratorio de BioNanotecnología y Microbiología, Centro de Bioinformática y Biología, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

La Antártica es un continente de condiciones climáticas extremas, cuya principal fuente de energía es la combustión de petróleo. Esto se ha convertido en una problemática ambiental debido a constantes derrames de combustibles como el diésel. La biorremediación de hidrocarburos es una alternativa que permite la descontaminación de los suelos con bajo costo e impacto ambiental y que, debido al Tratado Antártico, requiere de microorganismos endógenos. El diésel contiene concentraciones importantes de metales pesados los cuales afectan la eficiencia del proceso, sin embargo, su efecto ha sido escasamente estudiado a la fecha. En este trabajo se estudiaron dos muestras de suelo antártico provenientes de las Islas Shetland del Sur, contaminadas con diésel, Pb y Cd, y dos muestras provenientes de áreas no contaminadas del mismo lugar. Estas muestras se analizaron mediante metagenómica de 16S y posteriormente se seleccionaron microorganismos a través de un enriquecimiento en batch a 28°C y a 4°C con glucosa (control), diésel, fenantreno, fenantreno con Cd y fenantreno con Pb como fuentes de carbono. Por un lado, se determinó que la presencia de contaminantes provocó un cambio en la estructura microbiana del suelo, enriqueciéndose de bacterias biodegradadoras de hidrocarburos del petróleo, con predominancia de géneros asociados con resistencia a metales pesados. Al seleccionar, se observó que la biodegradación y crecimiento ocurrió principalmente en los cultivos inoculados con las muestras de suelo contaminado, donde se seleccionaron géneros bacterianos asociados a la biodegradación de hidrocarburos del petróleo. En los cultivos con diésel se encontraron principalmente *Pseudomonas*, mientras que los cultivos que contenían fenantreno como fuente de carbono, se encontró una mayor diversidad de bacterias, donde se favorecieron *Pseudomonas*, *Pigmentiphaga*, *Variovorax*, *Sphingobium*, *Burkholderia*, *Mucilaginibacter*, *Polaromonas* y *Pedobacter*. En presencia de los metales se encuentran resultados similares, observándose principalmente un favorecimiento de *Variovorax* en presencia de Cd y de *Sphingobium* en presencia de Pb. Estos resultados refuerzan la importancia del estudio del efecto de la co-contaminación de hidrocarburos con metales sobre las comunidades microbianas de zonas tan sensibles como la Antártica, y también la relevancia de considerar los metales pesados al seleccionar los microorganismos óptimos para una biorremediación eficiente.

Agradecimientos: Fondecyt 120087 e INACH RT-25_16.

Diferencias del microbioma intestinal entre perros obesos y normopesos

Pamela Thomson Morales¹, Camila Rodríguez Salas¹.

(1) Universidad Andrés Bello, Ciencias de la Vida, Av. República 252, Santiago, Chile

Background: Obesity is a very frequent multifactorial nutritional disorder in dogs, its relationship with the intestinal microbiome has been studied previously but there are still many edges to be elucidated. Comparative studies of the gut microbiome in obese and normal-weight dogs have not been previously carried out in Chile. **Methods:** Targeted sampling was performed to select 20 clinically healthy dogs; 10 with normal weight and 10 obese. The samples were analyzed by massive sequencing and the similarity of the microbiome composition at the phylo level was determined using principal coordinate analysis with distances calculated with the method UniFrac weighted. **Results:** The five most abundant phyls were Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Fusobacteria and Proteobacteria. The five presented differences in abundance between the obese and normal weight group, but Bacteroidetes and Firmicutes presented statistically significant differences. In obese dogs, a decrease in Bacteroidetes with an increase in Firmicutes was observed, coinciding with previous studies, and related to the metabolic pathways used by bacteria in obese individuals. **Conclusion:** There is a difference between obese and normal weight patients, normal weight patients tend to have a more healthy, balanced and diverse microbiome, which helps to keep metabolic pathways in balance, unlike what happens in obese individuals. The proportion of Bacteroidetes and Firmicutes seems to be one of the components most related to the development and preservation of obesity in dogs.

Fondecyt 3170609

Replication of HIV-1 in microglia modulates m6A modification in mRNAs related with immune response

Masyelly Rojas^{1,2}, Victoria Rojas-Celis^{2,4}, Nicolás Badilla-Zambrano², Cecilia Rojas-Fuentes³, Eduardo Isla², Camila Pereira-Montecinos², Ricardo Soto-Rifo³, Daniela Toro-Ascuy².

(1) Universidad de los Andes, Centro de Investigación e Innovación Biomédica, Doctorado en Biomedicina, Facultad de Medicina, Monseñor Álvaro del Portillo 12.455, Las Condes, Santiago de Chile, Chile

(2) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, El Llano Subercaseaux 2801 - Piso 5, San Miguel, Santiago de Chile, Chile

(3) Universidad de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Avenida Independencia 1027, Independencia, Santiago de Chile, Chile

(4) Universidad de Santiago de Chile, Doctorado de Microbiología, Facultad de Química y Biología, Alameda 3363, Estación Central, Santiago de Chile, Chile

HIV-1 is the etiologic agent of acquired immune deficiency syndrome (AIDS). In recent years, the role of HIV in the deterioration of neurocognitive functions in HIV positive patients has taken great importance. In this context, microglia has been quite studied because it constitutes the connection of the immune system with the central nervous system (CNS). HIV-infected microglia release neurotoxic viral proteins, chemokines, and cytokines that trigger its hyperactivation generating chronic inflammation and neuronal deterioration. Moreover, N6-methyladenosine (m6A) modification is the most abundant internal modification present in Eukaryotic mRNA and it has an important role in the control of mRNA metabolism and several cellular functions like the immune response. Previous studies have described that m6A is found in HIV-1 mRNAs and impact on different stages of the replicative cycle of the virus in T cells with a positive role of m6A at different steps of viral gene expression, and it can upset modifications in cellular mRNA some of them related to an immune response. This work aimed to determine that HIV-1 expression promotes changes of the m6A modification on cellular mRNAs in HIV-infected C20 cells. C20 cells were exposed to VSVg-pseudotyped HIV-1 for 2 hours and then replaced by fresh medium for 24 hours. In parallel, as an activation control, C20 cells were stimulated with TNF- α and C20 cells without infection or stimulus, as a negative control. RNA-poly(A) of these samples were immunoprecipitated using an anti-m6A antibody, following massive sequencing (m6A-seq). The results of bioinformatic analysis show that there exists a differential expression related with the m6A modification between the treatments used. The data indicate that at least 1329 transcripts are found differentially with the m6A modification in the presence of HIV-1, many of which are directly related with the immune response. In fact, some of them are hallmark in different pathways as complement, IL2 STAT5 signaling, IL6 JAK STAT3 signaling, TGF- β signaling, interferon $\alpha/\beta/\gamma$ response, TNF- α signaling via NFKB or inflammatory response. This finding suggests that HIV-1 expression could activate microglia and contributes to the neurotoxic environment characteristic of neurodegenerative diseases.

This project is being executed under the startup project FONDECYT Number 11180621

Airborne bacterial communities of outdoor environments from Temuco city urban area associated with PM₁₀ and PM_{2.5} fractions of aerial particulate matter

Tay Ruiz Gil^{1,2}, Jacqueline J. Acuña^{2,3}, Milko A. Jorquera^{2,3}.

(1) Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

(2) Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada (EMALAB), Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

(3) Network for Extreme Environment Research (NEXER), Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

During last decades, studies have demonstrated that airborne bacteria as part of bioaerosols are highly relevant for public health, climate and ecosystemic processes. In this sense, despite that Temuco city (southern Chile) is categorized as one of the most air polluted cities in the globe, by urbanization and wood-based heating in cold seasons, their airborne bacteria are unknown thus far. In this study, we investigated the abundance and diversity of bacterial communities associated with PM₁₀ and PM_{2.5} fractions of aerial particulate matter (PM) by using low- and high-volume samplers in Temuco city urban area. Firstly, the abundance of total bacteria in air samples was estimated by quantitative PCR (qPCR) using 16S rRNA genes as target. Secondly, 16S rRNA gene libraries were built by PCR and then sequenced to determine the composition of total bacterial communities. Our results did not show significant differences (t-Student $p=0.2437$; $P\leq 0.05$) between both particulate matter fractions (PM₁₀ and PM_{2.5}), with a mean of 1.2×10^5 copies of 16S rRNA gene m^{-3} . Sequencing data did not reveal significant differences in alpha or beta diversity among PM size or sampling methods. The values of alpha (Shannon, Chao1 and operational taxonomic units (OTU) richness) and beta diversity (Bray-Curtis, Jaccard and Unifrac) indexes according to PM size and sampling methods did not show significant differences among samples (p values ranged from 0.06 to 0.9). The bacterial community was dominated by phyla Proteobacteria (53%), Bacteroidetes (13%), Actinobacteria (12%), Firmicutes (7%) and Cyanobacteria (3%) (Figure 5). However, our preliminary results evidenced differences in bacterial taxa among PM size and sampling method, but a higher number of samples need to be analyzed to confirm this statement. In general terms, the airborne bacterial community in Temuco city urban area was diverse and particularly associated with some aquatic-related taxa (Flavobacteriales, Synechococcales and Vibrionales) particularly in low-volume samples. Higher abundance of plant and soil associated taxa (Sphingomonas and Methylobacterium) were found on high-volume samples. Interestingly, the genus with the highest relative abundance was the opportunistic pathogenic genus *Neisseria*, found in PM₁₀ from low-volume samples.

The authors thank projects FONDECYT 1201386, INACH RT0216, SATREPS JICA/JST code JPMJSA1705, JSPS joint international research KAKENHI-19KK0263, and UFRO Scholarship and Program code DI19-2016 from Universidad de La Frontera.

Caracterización física y química de un pigmento de la bacteria antártica *Streptomyces fildesensis*

Rodrigo Antonio Salazar Celedón^{1,2}, Leticia Ximena Barrientos Díaz^{1,2}.

(1) Universidad de La Frontera, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Facultad de Medicina, Avenida Alemania 0458, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

Los hábitats antárticos representan una importante fuente de biodiversidad y, por lo tanto, de nuevos productos biológicos, tales como enzimas, proteínas, metabolitos secundarios y compuestos bioactivos. Como varias de estas adaptaciones extremas pueden estar presentes simultáneamente, se puede apreciar un aumento en la producción de varias moléculas que permiten a los microorganismos soportar las condiciones extremas de ese entorno. Una de estas condiciones implica cambios drásticos en la incidencia de la luz solar y la alta incidencia de la radiación ultravioleta (UVR) que es genotóxica en procariontas, eucariotas inferiores, células de mamíferos y células humanas. Uno de los mecanismos más comunes de adaptación a la radiación UV es la producción de pigmentos, considerada una estrategia de absorción de los rayos UV que actúan como filtros solares. La melanina es un pigmento heterogéneo de color marrón oscuro y polimérico producido por eucariotas y varios microorganismos que desempeña una función de fotoprotector contra la radiación en los organismos y las células, especialmente en las regiones UV del espectro visible. El objetivo de esta investigación fue caracterizar las propiedades de un pigmento marrón oscuro producido por una bacteria aislada del suelo en la Antártica. Para ello, se evaluaron las propiedades físicas y químicas del compuesto mediante análisis termogravimétrico, calorimetría diferencial de barrido y espectrofotometría, respectivamente. Además, se determinó la presencia de grupos funcionales mediante espectroscopia infrarroja por transformadas de Fourier (FTIR). Los resultados obtenidos en relación con las propiedades químicas y físicas de este compuesto bacteriano confirmaron su similitud con un pigmento de tipo melanina, destacando las posibles aplicaciones biotecnológicas de los pigmentos bacterianos antárticos, en particular como compuestos fotoprotectores.

Agradecimiento y Financiamiento: INACH (RT_14-12). Proyectos DI17-0116 y DI20-2018 de la Dirección de Investigación Universidad de La Frontera, Network for Extreme Environments Research (NXR17-0003).

Factores nutricionales participan en la entrada de *Helicobacter pylori* a levaduras del género *Candida*

Kimberly Sánchez-Alonzo¹, Cristian Parra-Sepúlveda¹, Humberto Bernasconi-Muñoz², Fabiola Silva-Mieres¹, Víctor Campos¹, Apolinaria García-Cancino¹.

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Víctor Lamas, Concepción, Chile

(2) Laboratorio Pasteur, Investigación y Desarrollo, Ignacio Serrano 568, Concepción, Chile

Introducción: *Helicobacter pylori* es un patógeno bacteriano humano implicado en múltiples patologías gástricas y extragástricas, siendo una de las patologías más graves el cáncer gástrico. El hábitat natural de *H. pylori* es el estómago humano ya que este le ofrece los nutrientes y la atmósfera necesaria para su crecimiento, es por esta razón que este microorganismo se considera de difícil cultivo. Sin embargo, esta bacteria se ha detectado en distintas fuentes, donde no se cubren sus exigencias nutricionales pero sin éxito de aislamiento por cultivo. Con respecto a esto se ha descrito que *H. pylori* puede sobrevivir dentro de amebas, copépodos y levaduras. Sin embargo, se desconocen los mecanismos o factores que favorecen el ingreso de la bacteria específicamente a la levadura. En base a esto el objetivo de este trabajo fue investigar si la variación en las concentraciones de nutrientes participan como factor de estrés y gatilla la entrada de *H. pylori* a levaduras del género *Candida*. **Metodología:** Los ensayos se realizaron con cepas clínicas y de referencia de *H. pylori* y *Candida*. Se prepararon cuatro series de cuatro tubos de ensayo con 10 mL de caldo Brucella suplementado con suero bovino fetal (SBF) a 3 concentraciones (2%, 5%, 20%) y un tubo sin SBF. Se co-cultivaron cada cepa de *H. pylori* con cada cepa de *Candida* a las diferentes concentraciones incubándose luego a 37°C/48h. Luego se identificaron levaduras portadoras de *H. pylori* mediante técnicas moleculares y microscopía. **Resultados:** Se observó un 10% de levaduras portadoras de *H. pylori* en los co-cultivos sin SBF, un 3% y 6% a concentraciones de 2% y 5% de SBF. Con respecto a la concentración de 20% de SBF, se observó un porcentaje de un 1% de ingreso. Por otro lado, se observó que los porcentajes de levaduras portadoras de *H. pylori* variaban según la cepa de *Candida* y la cepa bacteriana. **Conclusión:** Las concentraciones bajas de nutrientes como el SBF o la ausencia de este estimula el ingreso de *H. pylori* a levaduras del género *Candida*, sin embargo se observa un porcentaje de levaduras portadoras de la bacteria en presencia de nutrientes.

Proyecto "VRID-Enlace", Código 218.036.047-1.0.

A new Archaea genome belonging to the *Pyrobaculum* genus assembled from El Tatio soil's metagenome

Andres Santos^{1,2}, Leticia Barrientos^{1,2}, Jaime Martinez-Urtaza³, Bernardita Valenzuela⁴, Pedro Zamorano⁴.

(1) Universidad de La Frontera, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Medicina, Avenida Alemania 0458, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Núcleo de Científico y Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(3) Universitat Autònoma de Barcelona, Departament de Genètica i de Microbiologia, Facultat de Biociències, Barcelona, España

(4) Universidad de Antofagasta, Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Avenida Angamos 601, Antofagasta, Chile

The extreme environmental conditions of the El Tatio geyser field probably have favored the adaptation of novel and interesting microorganisms with biotechnological potential. Our aim was to characterize a metagenome-assembled genome (MAG) from El Tatio soils. A soil sample contiguous to a geothermal activity exposed lagoon was analyzed, DNA was extracted with DNeasy PowerSoil kit (QIAGEN) and sequenced on the Illumina NovaSeq 6000 platform. Metagenome assembly was performed with metaSpades 3.13.0 and genome reconstruction was performed using CONCOCT 1.1.0. MAG refinement was carried out with checkM 1.0.18 and Phylogenetic analysis was carried out with Phylosift 1.0.5 and Anvi'o 6.1. Finally, functional annotation was performed with Prodigal 2.6.1 and Gosth-KOALA. Quality assessment of TAT-1 MAG indicated a 91% completeness and 2% contamination with ~1,5Mb genome length. Taxonomy was associated with the *Pyrobaculum* genus, however, comparing with the closest species (*Pyrobaculum arsenaticum*) only a 78% of identity was obtained. Functional annotation indicated that the genome is composed of 2121 coding regions. In this regard, amino acid metabolism genes were the most abundant (15%), followed by protein metabolism (14%) and transport mechanisms (12%). In addition, proteases, and enzymes associated with carbohydrate degradation were predominant in TAT-1 MAG. Metabolic reconstruction showed this MAG belongs to a strictly anaerobic archaea species with the presence of several mechanisms associated with heat and heavy metal stress response. Finally, based on average amino acid identity analysis, we determine that TAT-1 is probably a novel species in the genus *Pyrobaculum*. These results represent new insight into the genomic description archaea species from El Tatio geysers field which provide a better understanding of archaeal diversity and functionality in this sector of El Tatio

INACH RT_14-12; DI17-0116 y DI20-2018 Dirección de Investigación, UFRO; NEXER (NXR17-0003); Beca Doctoral CONICYT- PFCHA/Doctorado Nacional 2017-21171392.

Evaluación de la actividad antioxidante de pigmentos obtenidos a partir de bacterias antárticas

Andres Santos^{1,2}, Aurora Prado¹, Camila Silva³, Boris Pavéz³, Leticia Barrientos².

(1) Universidad de La Frontera, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Medicina, Avenida Alemania 0458, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(3) Universidad de La Frontera, Departamento de Ingeniería Eléctrica, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

Los metabolitos producidos por bacterias antárticas han demostrado ser de alto interés biotecnológico. En este contexto, los pigmentos naturales ofrecen prometedoras aplicaciones como fármacos, antibióticos, foto-protectores, entre otros. Nuestro objetivo fue determinar la actividad antioxidante de ocho pigmentos obtenidos a partir de cepas bacterianas antárticas. La producción de los pigmentos se realizó en medio ISP-2 a 15°C durante 7 días. Para la extracción, las células fueron sonicadas, posteriormente re-suspendidas en etanol 97% (1:2) e incubadas a 60°C durante media hora. La extracción se continuó a 35°C en agitación (140 RPM) durante tres horas. Finalmente, se recuperó el sobrenadante pigmentado libre de células el cual se concentró en rotavapor. La actividad antioxidante se determinó mediante el uso del reactivo DPPH. Los pigmentos fueron caracterizados mediante espectrofotometría (UV-vis), ensayos de foto-estabilidad (irradiancia controlada) y ensayos estructurales (IFTR). Los resultados mostraron que cuatro de las ocho cepas tuvieron actividad antioxidante con rangos entre 23-78%. La caracterización espectrofotométrica indicó que los pigmentos poseen absorbancias máximas a longitudes de onda entre 300 y 650 nm, presentando además una alta foto-estabilidad. Este trabajo entrega valiosos datos asociados a este novedoso tipo de metabolitos bacterianos los cuales podrían tener una potencial aplicación como bio-fármacos y foto-protectores.

INACH RT_14-12; DI17-0116 y DI20-2018 Dirección de Investigación, UFRO; NEXER (NXR17-0003); Beca Doctoral CONICYT- PFCHA/Doctorado Nacional 2017-21171392.

Genomas obtenidos desde metagenomas asociados a sedimentos ancestrales del Golfo de California podrían representar nuevos miembros del género *Bacillus*

Pablo Bruna¹, **Andres Santos**^{1,2}, Leticia Barrientos^{1,2}, Jaime Martinez-Urtaza⁴, Nicola Coyle³, Araxi Urrutia³, Jaime Urrutia-Fucugauchi⁵, Ligia Pérez-Cruz⁵.

(1) Universidad de La Frontera, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Facultad de medicina, Avenida Alemania 0458, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Avenida Francisco Salazar, 01145, Temuco, Chile

(3) University of Bath, Department of Biology and Biochemistry, The Milner Centre for Evolution, Bath, UK

(4) Universitat Autònoma de Barcelona, Departament de Genètica i de Microbiologia, Facultat de Biociències, Barcelona, España

(5) Universidad Nacional Autónoma de México, Laboratorio de Paleooceanografía y Paleoclimas, Instituto de Geofísica, Coyoacan 04510, Universitaria, Mexico

Los sedimentos marinos son una valiosa fuente de información que permite estudiar la influencia de los diferentes cambios ambientales en la composición microbiana del lecho marino a lo largo del tiempo. En este estudio se analizaron seis genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs) de seis capas correspondientes a los últimos 500 años de sedimentaciones en la bahía de Alfonso, en el Golfo de California. El ensamble de los metagenomas se llevó a cabo con metaSpades-3.13.0 y la reconstrucción de MAGs se realizó con MaxBin-2.2.7. El refinamiento de MAGs se realizó con checkM-1.0.18 y los análisis filogenómicos y filogenéticos se llevaron a cabo con PhyloSift-1.0.5 y Anvi'o-6.2. La datación de las capas de sedimento indicó que la muestra más antigua corresponde al año 1410, mientras que la más reciente corresponde al año 2000. La evaluación de la calidad de los MAGs indicó que todos ellos tienen >95% de completitud y una contaminación estimada <5%. El análisis filogenómico de los MAGs indicó que los seis genomas tienen una alta similitud, mientras que el análisis pangenómico mostró que existen diferencias en el genoma accesorio de cada cepa, presentando cada una de ellas, cambios individuales atribuibles a la presencia de plásmidos. En relación a la taxonomía, solo fue posible recuperar el gen ARNr 16S para el MAG asociado a la capa de sedimentos más reciente (año 2000), el cual mostró un 96% de similitud con *Bacillus mannalyticus*. Sin embargo, los estudios de pangenoma y filogenómica, indicaron que esta especie es distinta a los MAGs analizados, compartiendo solo una pequeña fracción del genoma (~20%). Por otra parte, la filogenómica realizada, en la que se incluyeron todos los genomas representativos de *Bacillus* disponibles a la fecha, mostró que estos seis genomas se agrupan en un solo clado, separándose del resto de las especies de *Bacillus* y que solo compartirían cierta similitud con las especies *B. cellulolyticus* y *B. beveridgei*. Estos resultados indican la posibilidad de que estos MAGs pudieran pertenecer a una nueva especie del género *Bacillus*, los cuales, considerando la datación de las muestras podrían incluso representar especies ancestrales de este género.

INACH RT_14-12; DI17-0116 y DI20-2018 Dirección de Investigación, UFRO; NEXER (NXR17-0003); Beca Doctoral CONICYT- PFCHA/Doctorado Nacional 2017-21171392; CEFAS internal Seedcorn funding; Academia Mexicana de Ciencias (AMC)-Newton International Collaboration Programme.

Determinación de la capacidad de diversas cepas de *Candida albicans* para incorporar intracelularmente cepas de *Helicobacter pylori*

Fabiola Silva¹, Kimberly Sánchez¹, Cristian Andres Parra Sepúlveda¹, Apolinaria García¹.

(1) Universidad de Concepción, Microbiología Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Ciencias Biológicas, Chacabuco s/n, Concepción, Chile

Helicobacter pylori, bacteria responsable de variadas afecciones, asociada principalmente a gastritis, úlceras pépticas y adenocarcinoma gástrico, interactúa en el tracto gastrointestinal con el hongo *Candida albicans*, correlacionándose mutuamente con diversas patologías. A su vez, se han aislado cepas de *Candida* de distintos sitios anatómicos, encontrándose que son capaces de albergar intracelularmente a la bacteria, por lo que, la interacción entre *C. albicans* y *H. pylori* podría ser un paso en la transmisión de la bacteria, la colonización del tracto gastrointestinal y la persistencia de infecciones por *H. pylori*. El objetivo de este trabajo fue determinar si la capacidad de *C. albicans* de internalizar *H. pylori* es dependiente de la capacidad de coagregación entre estos microorganismos. Para esto se estudió la interacción entre estos patógenos, a través de su capacidad de coagregar y la capacidad de cepas de *C. albicans* (ATCC 14053, ATCC 90028 y ATCC 10231) para portar Cuerpos Similares a Bacterias en su interior, en cultivos polimicrobianos con cepas de *H. pylori* (SS1, G27 y J99), encontrando que la capacidad de coagregar entre distintas cepas de estos microorganismos es similar y no influye en la capacidad de internalización de *H. pylori* en *C. albicans*. Además, esta interacción intracelular es cepa dependiente y podría estar influyendo en los cambios morfológicos en el hongo observados durante la realización de los ensayos. Por último, la portación de bacterias al interior de *C. albicans* es independiente de la forma presentada por el hongo, favoreciendo así la hipótesis de *C. albicans* como posible vehículo de transmisión de la bacteria, así como reservorio de *H. pylori*. Es necesario realizar más ensayos para determinar si las distintas morfologías presentadas por *C. albicans* pueden favorecer la diseminación y persistencia de *H. pylori* en el tracto gastrointestinal.

KaiABC circadian clock is a key factor in FtsZ dynamics and the Z-ring localization during the cell division of *Anabaena* sp. PCC7120

Marcial Silva Guzmán¹, Benjamin Mayer^{2,3}, Peter Graumann^{2,3}, Mónica Vásquez Pérez¹.

(1) P. Universidad Católica de Chile, Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Portugal 49, Santiago, Chile

(2) Philipps-Universität Marburg, SYNMIKRO, LOEWE Center for Synthetic Microbiology, Hans-Meerwein-Straße 4, Marburg, Germany

(3) Philipps Universität Marburg, Department of Chemistry, Hans-Meerwein-Straße 4, Marburg, Germany

Cyanobacteria are the oldest known organisms which possess a functional circadian mechanism. The knowledge in *Synechococcus elongatus* PCC 7942 (unicellular model) evidenced the KaiABC clock temporarily blocks cell division through specific inhibition of Z ring formation; however, the absence of the circadian clock does not affect the native dynamics of the cytokinesis process. On the other hand, in *Anabaena* sp. PCC7120 (multicellular organism) this regulation is unknown. Previous studies carried out by our laboratory have shown that KaiABC clock elimination affects the Z-ring positioning in the cells, which generates drastic changes in the cellular phenotype (larger cells and abnormal branching events). In this way, these results demonstrated that *Anabaena*'s circadian regulation is fundamental to an adequate cell division process which differs totally from the process described in *S. elongatus*. In this study, we focus on evaluating the FtsZ dynamics involved in the Z-ring formation through time-lapse microscopy and single-molecule tracking in Δ kaiABC clock mutants that have an ftsZ-sfgfp fluorescent construct. The results showed that the clock absence interferes with the proper Z ring formation process and the FtsZ native mobility within the cell. In fact, an abnormal FtsZ accumulation is observed close to the poles, which could suggest a possible Min system issue for the correct mid-cell positioning of the Z-ring. A very interesting finding that supports the importance of the KaiABC clock in the process of cell division, but also that needs to be evaluated in detail in the future.

Fondecyt Grant 1161232; CONICYT-PCHA/Doctorado Nacional/2016-21160240

Evaluación del efecto de la exposición de metales pesados en la sobrevivencia y persistencia de *Staphylococcus aureus* clon chileno-cordobés

Camila Solar Zamora¹, José Rodrigo Martínez², Patricia García³, José Manuel Munita², Angélica Reyes-Jara¹.

(1) Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, El Líbano 5524, Santiago, Chile

(2) Genomics & Resistant Microbes (GeRM), Facultad de Medicina Universidad del Desarrollo, Av. Las Condes 12.438, Santiago, Chile

(3) Jefe Unidad de Microbiología, Servicio de Laboratorios Clínicos, Red de Laboratorios UC CHRISTUS, Pontificia Universidad Católica de Chile

Staphylococcus aureus es una bacteria que puede generar infecciones severas. Las cepas *S. aureus* resistentes a meticilina (SARM) son epidémicas en hospitales a nivel mundial, y en las últimas décadas se han diseminado hacia la comunidad. El clon chileno-cordobés (ChC) es el linaje con mayor predominancia en los hospitales chilenos. Se postula que el éxito de ChC podría deberse a la adquisición del operón *mer*, el cual le concede tolerancia al mercurio. Por otro lado, *S. aureus* es conocida por desarrollar biopelículas, forma de vida que le permite persistir en el ambiente o el sitio de infección. El objetivo fue caracterizar aislados de SARM respecto a su respuesta a metales pesados (Mercurio (Hg), cobre (Cu), arsénico (As) y cadmio (Cd)) y el efecto de estos metales en la formación de biopelículas. Se realizó una búsqueda bioinformática de genes asociados a la homeostasis de metales pesados en una colección de 140 aislados ChC y 161 otros clones SARM de hospitales chilenos. Se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) para metales a 66 aislados (ChC) y 113 aislados (otros clones SARM). También se evaluó la formación de biopelículas en presencia de concentraciones sub-inhedoras de metales pesados. El análisis bioinformático reveló que 55% (77/140) de los aislados ChC poseen 3 o más genes de homeostasis para todos los metales versus el 2% (23/161) de los otros clones SARM. Se identificaron diferencias en la tendencia de CIM entre los aislados ChC y los otros SARM. El 92% de los aislados ChC tienen mayor CIM-Cu (≥ 6 mM) respecto al 61% de los otros clones SARM. Referente a la CMI-Cd, 53% ChC v/s 12% de los otros clones SARM presentaron una CMI ≥ 1 mM Cd, para As y Hg no se detectaron diferencias de CIM entre los clones. Se observó un aumento en la formación de biopelículas en el 65% y 61% de los aislados ChC con As y Cd en el medio, respectivamente. En conclusión, los aislados ChC tienen mayor tolerancia a metales pesados en comparación a otros clones SARM. Esta característica podría ser una ventaja evolutiva que explicaría la predominancia del clon ChC en Chile.

Proyecto Fondecyt N° 1171805

Design of a new antitumoral therapy based on arsenic and a probiotic strain

Erwin Alejandro Strahsburger Figueroa^{1,2,3}, Steffen Porwollick², Weiping Chu², Philip Felgner¹, Rie Nakajime¹, Michael McClelland².

(1) University of California Irvine, Department of Physiology and Biophysics, Vaccine R&D Center, School of Medicine, Med Surge II, Rm.389A, Irvine, California 92697, Irvine, USA

(2) University of California Irvine, Microbiology and Molecular Genetics, School of Medicine, B240 Med Sci Bldg. Irvine, CA 92697-4025, Irvine, USA (3) Arturo Prat University, Renewable Natural Resources, Avenida Arturo Prat S/N Campus Huayquique, Iquique, Chile

Arsenic is a trace element widely distributed across the globe and with almost any biological role, being a toxic element inside the cell affecting diverse cellular mechanisms like the mitochondria citric cycle or the DNA repair, can increase the Reactive Oxygen Species (ROS) or induce apoptosis or tumor progression. In soil, arsenic trioxide (ATO) is frequently found in the reduced state (AsIII), meanwhile water is in its oxidative state (AsV) as arsenic pentoxide (As₂O₅). Among them, ATO is more toxic than arsenate and bacteria have developed diverse mechanisms to reduce arsenic toxicity including metabolic pathways to reduce AsV to As III by an arsenic reductase (ArsC) and its secretion by specific As III transporter (ArsB). However, arsenic also has a bright side because it is an antitumor drug (ATO) approved by the FDA to treat acute promyelocytic leukemia. The aim of the present research is to contribute to the use of arsenic as antitumor drugs but adding probiotic bacteria to promote the uses of less toxic arsenic forms in antitumor treatment, especially for solid tumors. The probiotic bacteria Nissle strain 1917 was transformed with the vector pSCA-amp/kan expressing the operon arsRRBC operon from *Bacillus pumilus* RP10. The transformed bacteria increased its arsenic resistance (MIC: 62.5 mM AsV; 3.13 mM AsIII) and the protein expression was confirmed by western blot. Then, using the breast cancer cell line MCF-7 as a cellular model, was demonstrated that the operon arsRRBC was able to transform 2 mM arsenate solution (not cytotoxic) into a toxic solution for the culture cells. This preliminary result confirms the use of less toxic arsenic compounds with modified probiotics as a good alternative to treat solid tumors.

Michael McClelland Lab through the USDA contract 58-2030-5-042 and USDA subcontract TAMU M1701755.

Pharmacological induction of heme oxygenase-1 in dendritic cells promotes regulatory T cell activation in response to herpes simplex virus infection *in vitro*

Eduardo Tognarelli¹, Alexis Kalergis¹, Pablo González¹.

(1) Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Dpto. Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas Pontificia Universidad Católica de Chile, Av. Portugal 49, Santiago, Chile.

Herpes simplex virus type 1 (HSV-1) and type 2 (HSV-2) are highly prevalent in the human population worldwide, likely due to their frequent dissemination even from asymptomatic individuals. HSV infections may produce diverse clinical manifestations including skin lesions, blindness and even life-threatening encephalitis. An important aspect of HSVs is their capacity to interfere with dendritic cell (DC) viability and function, professional antigen-presenting cells that mount and modulate immune responses at the interface of innate and adaptive immunity. A host enzyme that participates in stress-induced response is heme oxygenase-1 (HO-1), which has shown to have antiviral HSV activity in epithelial and neuronal cells. Here, we sought to evaluate whether HO-1 may positively modulate DC viability and function upon HSV infection, which may be key for establishing protective immunity against these viruses. Our findings indicate that HO-1 reduces DC infection by HSV-1 and HSV-2 and provides protection against virus-induced cell death. HO-1 overexpression in DCs did not promote an increase in activating maturation markers, but contrarily the presence of inhibitory markers was significantly induced. DCs expressing HO-1 and infected with HSV, activated naïve CD₄⁺ T cells in co-culture assays with a regulatory T cell helper (Treg) phenotype, as determined by FoxP₃ and PD-1 upregulation. Preliminary, we have discovered that HO-1 expression in DCs affect viral particle production, but not viral genome replication. These findings suggest that HO-1 expression in DCs may promote virus control, altogether with an anti-inflammatory response against HSV, which will be studied in an animal model of HSV infection.

Authors are supported by FONDECYT grant #1190864 and the Millenium Institute on Immunology and Immunotherapy (MIII) grant #P09/016-F.

irak-4 en neumonía adquirida en la comunidad viral y/o bacteriana en el adulto chileno: relación de los genotipos del SNP c.1282G>A con los niveles de citoquinas plasmáticas

Ariel Toledo¹, Sandra Ampuero¹, Luis Lizama¹, Guillermo Bahamonde¹, Mauricio Ruiz², Rolando Pizarro³, Patricio Rossi⁴, Lucía Huenchur⁴, Vivian Luchsinger¹.

(1) Universidad de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Programa de Virología, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

(2) Hospital Clínico Universidad de Chile(3) Hospital Dr. Lucio Córdova(4) Complejo Hospitalario San José

La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es una enfermedad pulmonar infecciosa con elevada morbilidad y mortalidad, especialmente en mayores de 65 años. Su evolución dependería más de la respuesta inmune del hospedero que del agente. IRAK-4 regula la inmunidad innata promoviendo la expresión de citoquinas proinflamatorias. En adultos se han descrito variaciones genéticas (polimorfismos) de irak-4 asociados a sepsis y síndrome de respuesta inflamatoria sistémica, y en niños variaciones asociadas a NAC de los niveles de IL-6, IL-10, IP-10 y MCP-1. Esto se desconoce en adultos con NAC. El objetivo de este estudio fue investigar si los niveles de RANTES, IL-1 β , IL-2, IL-6, GM-CSF, IL-12 (p40 y p70), IL-8, IP-10, MCP-1, MIP-1 α , TNF- α y eotaxina se asocian con los genotipos del polimorfismo c.1282G>A de irak-4 (rs4251545) en adultos chilenos con NAC viral y/o bacteriana hospitalizados. La genotipificación se realizó mediante PCR con análisis de fusión de alta resolución (HRM) (n=194), la cuantificación plasmática de citoquinas con el kit MILLIPLEX[®] MAP (Luminex[®]) (n=183), la detección de *S. pneumoniae* y *Legionella* en orina por inmunocromatografía y de virus y bacterias en muestra respiratoria mediante PCR tiempo real. Las frecuencias genotípicas en adultos con agente (n=116) fueron 75% GG, 23% GA y 2% AA. Para los adultos con agente (n=105) la prueba de Mann-Whitney (programa GraphPad 8) mostró que la concentración de RANTES (mediana [rango] pg/mL: 19900 [4867-118400] y 31450 [1257-199000]), IL-1 β (0,8 [0,5-4,4] y 0,9 [0,53-23,6]), IL-2 (1,2 [0,8-6,8] y 1,2 [0,8-30,3]), IL-6 (13,4 [0,46-205] y 7,8 [0,46-2478]), GM-CSF (32,2 [2,6-359] y 41,1 [4,2-5908]), IL-12p40 (0,4 [0,4-25,9] y 0,4 [0,4-151]), IL-12p70 (3,3 [1,9-7,0] y 3,6 [1,9-118]), IL-8 (22,2 [1,6-134] y 10,4 [0,41-1591]), IP-10 (789 [221-9973] y 867 [133-8429]), MCP-1 (307 [127-1284] y 295 [12-3978]), MIP-1 α (2,5 [2,0-34,4] y 3,8 [2,0-103]), TNF- α (21,5 [3,4-75,3] y 19,8 [5-194]) y eotaxina (61,1 [29,5-151] y 75,2 [17,1-201]) fue similar entre los genotipos GA y GG (p>0,1). Tampoco se detectaron diferencias en los casos virales (n=60), ni bacterianos (n=27) (p>0,08). En conclusión, el polimorfismo c.1282G>A de irak-4 no se relaciona con la concentración sistémica de citoquinas en adultos chilenos con NAC viral y/o bacteriana.

FONDECYT 1171643

Caracterización del gen de resistencia a trimetoprim *dfrA15* y su contexto genético en cepas chilenas de *Shigella* spp

Daniela Cerpa Castillo¹, Claudia De la Iglesia Donoso¹, Andrea Avilés Thom², Juan Carlos Salazar Garrido³, Cecilia Shirley Toro Ugalde³.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Avda. Independencia 1027, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santos Dumont 964, Santiago, Chile (3) Universidad de Chile, Programa de Microbiología y Micología, ICBM, Facultad de Medicina, Avda. Independencia 1027, Santiago, Chile

Shigella spp. es un patógeno exclusivo del ser humano. Es el agente causal de la shigelosis, infección intestinal aguda para la cual se recomienda el tratamiento antibiótico en casos graves, porque reduce los síntomas y la tasa de excreción del patógeno. En Chile y en el mundo, la terapia antibiótica se ha visto comprometida por la aparición de cepas resistentes a los antibióticos más utilizados en el tratamiento, entre ellos el trimetoprim (TMP). La resistencia a TMP está asociada a la adquisición de genes *dfr* que codifican enzimas dihidrofolatoreductasa (DHFR) mutadas. En nuestro laboratorio se determinó que la mayoría de las cepas de *Shigella* spp. resistentes a TMP (TMPR), aisladas en Chile, poseen los genes *dfrA1*, *dfrA8* o *dfrA14*. El objetivo de este trabajo fue determinar la presencia del gen *dfrA15* y el contexto genético de este determinante en cepas que no poseían los alelos estudiados previamente. Para ello, se detectó la presencia del gen y se analizó su asociación con integrones clase 1 y clase 2 mediante PCR. Se realizaron conjugaciones a *E. coli* DH5 α y cepas de *Shigella*; y se caracterizó los plasmidios que portan el gen *dfrA15* obtenidos mediante restricción con la enzima *EcoRV* y electroforesis de campo pulsado. De las 9 cepas analizadas TMPR negativas para *dfrA1*, *dfrA8* y *dfrA14*, se detectó la presencia del gen *dfrA15* sólo en 2: una cepa de *S. flexneri* y una de *S. sonnei*. Este gen forma parte de un integrón clase 1, distinto en ambas cepas TMPR, que incluye otros determinantes de resistencia también compartidos. El gen *dfrA15* se puede transferir mediante conjugación bacteriana entre cepas de *Shigella* spp., sin embargo, se observó que el plasmidio que codifica *dfrA15* en la cepa de *S. flexneri* es distinto al plasmidio de la cepa *S. sonnei*, mediante digestión con *EcoRV*. Nuestros resultados confirman la heterogeneidad de los determinantes genéticos de la resistencia a TMP en cepas de *Shigella*, que aún incluidos en plasmidios conjugativos no son transferidos de manera frecuente en la población.

FONDECYT 1130394

Pigmentos fúngicos inducidos por UV-B con actividad antioxidante y fotoprotectora

Solange Katherine Torres Galán¹, Gastón Bravo¹, Gabriela Oyarce¹, José Becerra¹, Claudia Pérez¹.

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile.

Una consecuencia directa de la exposición a los rayos UV-B en los organismos es la generación de especies reactivas de oxígeno (ROS), que son entidades químicas altamente reactivas que provocan lesiones a las estructuras celulares. Frente a esto, los organismos han desarrollado vías metabólicas eficientes para sintetizar compuestos tales como pigmentos, que son capaces de brindar protección contra la radiación UV. En hongos, pigmentos fotoprotectores pueden ser biosintetizados para inhibir los radicales libres generados y absorber la radiación UV. El objetivo principal del estudio es determinar la capacidad antioxidante y fotoprotectora de pigmentos de hongos inducidos bajo radiación UV-B en condiciones *in vitro*. La metodología empleada incluye el análisis químico de pigmentos mediante el uso de técnicas cromatográficas convencionales y espectrofotometría UV-VIS. Los ensayos *in vitro* permitieron determinar la toxicidad en línea celular de queratinocitos (HaCaT) y la evaluación de la actividad antioxidante mediante ensayos DPPH y ABTS. Los principales resultados demostraron que cultivos *in vitro* de hongos del orden de los Boletales del género *Suillus* expuestos a radiación UV-B incrementan la síntesis de pigmentos antioxidantes con porcentajes de inhibición de los radicales de un 80% y con un espectro de absorción UV de 260 y 390 nm. Los pigmentos biosintetizados no presentaron citotoxicidad en la línea celular HaCaT en un rango de concentración de 0,1-1000 µg/mL. Los pigmentos de hongos, de variada naturaleza estructural, son productos naturales prometedores para su uso como componentes fotoprotectores de rayos ultravioleta en productos cosméticos y/o farmacéuticos.

FONDECYT POSTDOCTORADO 3180635

Genetic engineering in marine *Streptomyces*: insights into the biosynthesis of novel compounds

Agustina Natalia Undabarrena^{1,2}, Néstor Serna¹, Valentina González¹, Carlos Olano², José Antonio Salas², Beatriz Cámara¹.

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

(2) Departamento de Biología Funcional, Universidad de Oviedo, Oviedo (Asturias), Spain.

Non-ribosomal peptide synthases (NRPSs) are among the specialized metabolites pathways that assembly in a modular fashion amino acid substrates that are further modified to gain chemical novelty. These pathways, encoded by biosynthetic gene clusters (BGCs), are under extremely complex nutritional and genetic regulation. To understand the mechanisms by which these pathways are expressed offers the possibility to perform genetic engineering in order to improve yields of the desired compound to further perform chemical purification. In this sense, several plasmid-based genetic engineering techniques were implemented targeting a novel NRPS pathway in *Streptomyces* sp. G11C, a marine actinomycete isolated from Penas Gulf, involving the disruption of the first *nrps* of the assembly line; the change of the native promoter of the *nrps* to a strong one; and the overexpression of a positive regulator of the SARP family. All the genetic modified microorganisms (GMOs) were tested in several conditions, including days of culture; fermentation media; and extraction solvents. Metabolic comparison was performed by UPLC chemical detection and data base dereplication. Our data suggest that a family of UV-related compounds are revealed in the promoter exchange-GMO that are absent in the *nrps* disruption-GMO. Furthermore, the SARP-GMO presents the same metabolic profile as the *nrps* promoter exchange-GMO, indicating that it is indeed acting on the activation of the *nrps*. Moreover, these metabolites are not detected in the wild type strain, suggesting that this novel NRPS pathway is silent under laboratory conditions and the synthesis of its metabolite can be activated through genetic engineering. Prediction by genome mining of this novel NRPS pathway showed a peptidic core composed of three amino acids, further decorated by several methyltransferases and oxidoreductases as post-assembly modifications. Moreover, two unusual genomic features such as an acyl adenylating domain involved in the incorporation of a short-chain fatty acid, and a final thioester reductase involved in releasing the assembly with further reduction, evidences the involvement of the studied NRPS pathway in the production of a novel metabolite.

Fondecyt Postdoctorado N°3180399

Efectos de inhibidores químicos de la metanogénesis sobre la síntesis microbiana de aminoácidos en cultivos ruminales mixtos creciendo en celulosa

Emilio Ungerfeld¹, Fernanda Aedo¹, Camila Muñoz¹, Natalie Urrutia¹, Emilio Martínez², Marcelo Saldivia².

(1) Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Chile (2) Universidad Austral de Chile, Chile

Introducción. La producción de metano en el rumen contribuye al cambio climático y es una pérdida de energía para el rumiante. La metanogénesis puede ser inhibida por compuestos químicos; sin embargo, los sumideros de hidrógeno metabólico alternativos al metano no están completamente caracterizados. Nuestra hipótesis fue que parte del hidrógeno metabólico no recobrado al inhibir la metanogénesis es redirigido hacia la síntesis de aminoácidos microbianos. Esto es importante, ya que la proteína microbiana sintetizada en el rumen es la principal fuente de aminoácidos para los rumiantes. **Métodos.** Evaluamos *in vitro* los efectos de ocho inhibidores de metanogénesis (2-bromoetanosulfonato, 9, 10-antraquinona, cloroformo, bromotriclorometano, ácido propinoico, etil-2-butinoato, aceite de lino y nitrato de sodio) y un tratamiento control en cultivos de microbiota ruminal mixta creciendo en celulosa. Se muestreó contenido ruminal de dos vacas fistuladas en el rumen y se mezcló con medio de cultivo (0.1% V/V) bajo dióxido de carbono para obtener el inóculo ruminal. Se agregaron 130 mL de inóculo a botellas de suero de 250 mL conteniendo 800 mg de celulosa, se selló bajo dióxido de carbono y se incubó a 39 °C por 72 h. A las 72 h se determinó presión de gas y concentración de metano y dihidrógeno, pH, Eh, y se tomaron alícuotas para determinar ácidos grasos volátiles, amonio y composición de la comunidad microbiana por DGGE. El contenido restante de las botellas se centrifugó y liofilizó para analizar el contenido de aminoácidos. **Resultados.** Todos los inhibidores excepto el aceite de lino disminuyeron la producción de metano. Los efectos sobre el pH, acumulación de dihidrógeno, perfil de ácidos grasos volátiles y perfil de aminoácidos fueron variables, en tanto la concentración de amonio no se afectó. La antraquinona disminuyó el Eh. Los cambios sobre la composición de la comunidad microbiana inducidos por los tratamientos reflejaron los cambios en la fermentación. **Conclusiones.** En este experimento con celulosa como fuente de carbono y energía, inhibir la producción de metano no redireccionó hidrógeno metabólico hacia la síntesis de aminoácidos microbianos.

Proyectos Fondecyt 1160764 y 1190574

Inhibir la metanogénesis estimuló la síntesis de aminoácidos microbianos en cultivos ruminales mixtos creciendo con almidón pero no con celulosa

Emilio Ungerfeld¹, Fernanda Aedo¹, Camila Muñoz¹, Natalie Urrutia¹, Emilio Martínez², Marcelo Saldivia².

(1) Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Chile

(2) Universidad Austral de Chile, Chile

Introducción. Controlar la formación de metano en el rumen sería beneficioso, ya que el metano liberado a la atmósfera es un gas de efecto invernadero y una pérdida de energía para los rumiantes. Es importante redirigir el hidrógeno metabólico hacia compuestos aprovechables por el rumiante al inhibir la metanogénesis. En un estudio anterior observamos que inhibir la metanogénesis en cultivos microbianos ruminales creciendo en celulosa no aumentó la síntesis microbiana de aminoácidos. En este estudio, postulamos que inhibir la metanogénesis en cultivos ruminales con una fuente de energía y carbono rápidamente fermentable aumentaría la síntesis de aminoácidos microbianos. **Métodos.** Se realizó un experimento factorial 2x2x2: control o inhibidor de metanogénesis 9,10-antraquinona, celulosa o almidón como fuente de energía y carbono, y amonio o aminoácidos y péptidos (tripticasa) como fuente de nitrógeno. Se muestreó contenido ruminal de dos vacas fistuladas en rumen y se mezcló bajo dióxido de carbono con medio de cultivo (0.1%V/V) conteniendo amonio o tripticasa. Se agregaron 400 mL de inóculo a botellas de suero de 1 L conteniendo 3.5 g de celulosa o almidón, se selló bajo dióxido de carbono y se incubó a 39 °C por 72 (almidón) o 96 (celulosa) h. Al final de las incubaciones se determinó presión de gas y concentración de metano y dihidrógeno, pH, Eh, ácidos grasos volátiles y amonio. El contenido de las botellas se centrifugó y liofilizó para analizar el contenido de aminoácidos. La síntesis neta de aminoácidos fue calculada para los tratamientos con amonio como fuente de nitrógeno. **Resultados.** La antraquinona inhibió la metanogénesis, causó acumulación de dihidrógeno, disminuyó el Eh y el porcentaje molar de propionato, y aumentó el porcentaje molar de butirato. La antraquinona aumentó el nitrógeno aminoacídico total solamente con amonio y almidón, reflejando mayor síntesis de aminoácidos microbianos. **Conclusiones.** Inhibir la metanogénesis con dietas fermentables puede estimular la incorporación de amonio hacia la síntesis de aminoácidos. Esto podría permitir reemplazar la proteína vegetal por fuentes de nitrógeno no proteico más económicas como la urea.

Proyectos Fondecyt 1160764 y 1190574

16S rRNA-based analysis reveals differences in the bacterial community present in tissues of *Choromytilus chorus* (Mytilidae, Bivalvia) grown in an estuary and a Bay in southern Chile

Tamara Valenzuela¹, Milko Jorquera¹, Joaquín Riling¹, Giovanni Larama¹, Jacqueline J. Acuña¹, Macarena Araya¹, Marco Campos¹, Katherine Altamirano¹, So Fujiyoshi², Fumito Maruyama², Nitza Inostroza¹.

(1) Universidad de La Frontera, Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Ingeniería y Ciencias, Av. Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile (2) University Hiroshima, Academia-Government and Community Collaboration, Hiroshima, Japan

Studies have suggested the relevance of the microbiota in the fitness and growth of marine bivalves. However, although the mussel *Choromytilus chorus* is a valuable resource for Chilean aquaculture and fisheries, its microbiota is still unknown. In this study, the composition and predicted functions of the bacterial community in tissues of *C. chorus* specimens grown in an estuary (Nehuentue) and a bay (Hueihue) were studied. Using 16S rRNA genes as targets, the bacterial abundance in tissues was first estimated by quantitative PCR and sequenced using Illumina MiSeq. The abundances of bacteria ranged from 10³ to 10⁵ copies of 16S rRNA genes g⁻¹ tissue. In the Nehuentue estuary, the bacterial community in the tissues was dominated by the Tenericutes phylum, whereas the Tenericutes and Proteobacteria phyla were abundant in Hueihue Bay. A higher number of operational taxonomic units (OTUs) was observed in tissues from the Nehuentue Estuary than in those from Hueihue Bay. Differences in bacterial community compositions in tissues between both locations were confirmed by nonmetric multidimensional scaling (nMDS) and Venn diagram analysis. In addition, linear discriminant analysis effect size (LEfSe) revealed that the Mollicutes class and Actinomycetales order were key phylotypes in tissues from the Nehuentue Estuary and Hueihue Bay, respectively. Our analysis also predicted a high abundance of sequences assigned to heterotrophy; however, relatively high functional diversity was also found in tissues from Hueihue Bay. This work represents our first approach to elucidate the *C. chorus* microbiota in contrasting Chilean aquatic environments.

This study was funded by the Science and Technology Research Partnership for Sustainable Development (SATREPS; JST/JICA, Japan), Chilean Antarctic Institute (INACH), and the "Apoyo a Profesores Patrocinantes de Alumnos de Pre y Postgrado".

Biosíntesis de nanopartículas fluorescentes (Quantum Dots) de CdS fotoestables por bacterias resistentes a UV aisladas del Glaciar Unión, Antártica

Matias Vargas-Reyes¹, Nicolás Bruna¹, Claudio Navarro¹, José M. Pérez-Donoso¹.

(1) Universidad Andrés Bello, BioNanotechnology and Microbiology Lab, Center for Bioinformatics and Integrative Biology (CBIB), Facultad de Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile

Las nanopartículas semiconductoras fluorescentes (Quantum Dots, QDs) sintetizadas por organismo vivos han ganado considerable interés por sus propiedades únicas. En específico, recientemente hemos reportado que organismos extremófilos biosintetizan QDs con propiedades mejoradas, como estabilidad a sal y a bajos pH en el caso de bacterias halófilas y acidófilas, respectivamente. Un problema común que presentan los QDs es que su constante exposición a la radiación UV genera reacciones fotoquímicas que afectan su estructura y estabilidad. Por lo tanto, hipotetizamos que bacterias resistentes a radiación UV biosintetizan QDs fotoestables. Por otro lado, el continente Antártico presenta zonas hiper-extremas para el desarrollo de la vida. Entre ellas, el Glaciar Unión presenta altos niveles de radiación UV a nivel de superficie y temperaturas bajo cero durante todo el año, condiciones que favorecerían el desarrollo de bacterias psicrófilas/psicrotolerantes resistentes a la radiación UV. El objetivo de este trabajo fue evaluar la fotoestabilidad de QDs de CdS biosintetizados por bacterias resistentes a radiación UV aisladas desde el Glaciar Unión. Las bacterias resistentes a UV fueron aisladas desde muestras de suelo de dos zonas del Glaciar Unión, Elephant Head y Rossman Cove. Tres aislados pertenecientes a los géneros *Paracoccus* y *Arthrobacter*, identificados mediante secuenciación 16S, fueron capaces de tolerar dosis de UV-C sobre 100 J/m². Estas bacterias biosintetizaron QDs a 4 y 20 °C con excelentes propiedades ópticas (Quantum Yield, FWHM, band gap y tamaño), y con una alta fotoestabilidad en comparación a QDs biosintetizados por organismos mesófilos (*E. coli*). En base a los resultados obtenidos en este trabajo, surge la necesidad de identificar las biomoléculas que favorecen la fotoestabilidad de los QDs, pensando en su aplicación como biosensores y en la industria fotovoltaica.

Fondecyt 120087 e INACH RT-25_16.

Géneros bacterianos probablemente reclutados desde el sustrato por líquenes *Peltigera rufescens* creciendo en dos praderas en la región de Aysén, Chile

Karla Veas Mattheos¹, Katerin Almendras¹, Matias Pezoa¹, Diego Leiva¹, Margarita Carú¹, Julieta Orlando¹.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

Se ha propuesto que el componente bacteriano del microbioma líquénico cumple funciones claves para la supervivencia del holobionte, y que el líquen actúa como “filtro” ambiental, reclutando o excluyendo filotipos bacterianos de acuerdo con la identidad de los simbiontes y las condiciones ambientales en donde crecen. En este trabajo se caracterizó la comunidad bacteriana de talos y sustratos de líquenes *Peltigera rufescens* creciendo en dos praderas de la región de Aysén (Coyhaique y Tamango, ~200 Km de distancia) mediante secuenciación masiva (Illumina MiSeq) del gen 16S rRNA. Se definieron variantes únicas de amplicón (ASV) mediante la tubería de DADA2 y la asignación taxonómica se llevó a cabo con el paquete DECIPHER y la base de datos GTDB (Genome Taxonomy Database). En ambos sitios, las comunidades bacterianas de los sustratos presentaron un índice de diversidad de Shannon significativamente mayor que los talos. Los filos Acidobacteriota, Actinobacteriota, Bacteroidota, Planctomycetota y Proteobacteria fueron los más abundantes en ambos tipos de muestras, siendo este último el único significativamente mayor en talos que en sustratos. Posteriormente revisamos los géneros identificados para estos filos, encontrando 18 que presentaron mayor abundancia ($p < 0,05$) en talo que en sustrato (géneros probablemente reclutados). Los géneros probablemente reclutados por los talos en ambos ambientes fueron Terriglobus y Brycella de Acidobacteriota, 8 géneros de Actinobacteriota, Ferrubacter de Bacteroidota, Fimbrioglobus de Planctomycetota y varios géneros de los órdenes Sphingomonadales, Rhizobiales y Burkholderiales de Proteobacteria. Además, Granulicella (Acidobacteria) y Brevundimonas (Proteobacteria) estuvieron más representados en talos de Coyhaique, mientras que Methylobacterium (Proteobacteria) presentó mayor abundancia en talos de Tamango. El enriquecimiento de géneros en talo vs sustrato fue similar en ambos sitios, pero en diferentes niveles de abundancia en algunos casos, lo que posiblemente esté asociado a las condiciones particulares de los ambientes. Dentro de los géneros encontrados se han reportado simbiontes, tolerantes a estrés ambientales, fijadores de nitrógeno, metilótrofos facultativos, productores de antibióticos, productores de carotenoides, consumidores de liquenina y consumidores de quitina. Esto sugiere que los microorganismos que detectamos en este estudio como probablemente reclutados por los líquenes podrían estar contribuyendo mediante diversos mecanismos para la supervivencia del líquen.

FONDECYT 1181510

In silico* knockout predictions for the enhancement of the molecular hydrogen production in a degenerate strain of the anaerobic microorganism *Clostridium acetobutylicum

Fabian Veliz De la vega¹, Marcelo Rivas², Karlo Guerrero¹, Germán Aroca¹, Raúl Conejeros¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso., Escuela de Ingeniería Bioquímica, Av. Brasil 2085, Valparaíso, Chile., Valparaíso, Chile

(2) Universidad Tecnológica Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Santiago, Chile

Background: Molecular hydrogen (H₂) is a high energy density fuel for green energy. The major challenge lies in attaining inexpensive H₂ production processes. *Clostridium acetobutylicum* is a strain able to transform carbon-based substrates into organic compounds with the simultaneous production of H₂. This fermentation shows two identifiable phases, acidogenesis (lactic, acetic, and butyric acid production) and solventogenesis (acetone, butanol, and ethanol production). The former leads to H₂ production and the latter to spore formation. Solventogenesis and sporulation can be prevented by using a degenerate strain that lacks plasmid pSOL1. It has been reported for *C. acetobutylicum* wild type that butyrate and lactate production are detrimental to H₂ production, as they replace H₂ as the final electron acceptor when oxidizing NADH. The aim of this work was to carry out in-silico knockout predictions for the enhancement of the molecular hydrogen production in a degenerate strain of the anaerobic microorganism *C. acetobutylicum*. **Methods:** A modified *C. acetobutylicum* genome-scale model (GEM) was used to simulate the pSOL1 plasmid loss. Metabolic flux distribution was determined via flux balance analysis (FBA). A kinetic model of batch culture was proposed and fitted to experimental results. Thus, a dynamic FBA (dFBA) was implemented to simulate the production of H₂ and organic acids and their relation with ATP and NADH/+ production was analysed. **Results:** Using FBA, H₂ production was simulated at different specific proton flux (SPF) and glucose uptake, both within the range of 0 to 20 (mmol g⁻¹h⁻¹). SPF showed to have a higher impact on H₂ production. dFBA was used to simulate batch cultures considering SPF varying within the range of 0 – 20 mmol g⁻¹h⁻¹. In silico mutants with different knocked out reactions were considered. Results showed that the highest increment in H₂ production was obtained knocking out the lactate dehydrogenase (Δ ldh); 39 to 50% over the control strain. **Conclusion:** Δ ldh mutant of the degenerate *C. acetobutylicum* showed to be a good candidate for H₂ production. Further work will consider experimental verification of these results.

Caracterización bioinformática de posibles proteasas candidatas que participen en el procesamiento de SREBP (Sterol Regulatory Element-Binding Protein) en *Xanthophyllomyces dendrorhous*

Maximiliano Venegas¹, Salvador Barahona¹, Esteban Abarca¹, Dionisia Sepúlveda¹, Marcelo Baeza¹, Víctor Cifuentes¹, Jennifer Alcaíno¹

(1) Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Xanthophyllomyces dendrorhous es una levadura basidiomicete que produce carotenoides, principalmente astaxantina, que destaca por su interés biotecnológico. La biosíntesis tanto de carotenoides como esteroides comparten precursores y la biosíntesis de ambos es regulada a nivel transcripcional por la vía SREBP (Sterol Regulatory Element-Binding Protein). La vía SREBP se encuentra parcialmente descrita en *X. dendrorhous* donde se han descrito dos genes: SRE1 y STP1, que codifican el factor de transcripción Sre1 (ortólogo de SREBP) y la proteasa Stp1 de Sre1, respectivamente. Además, en otros organismos se ha visto que la proteína SREBP puede sufrir varios cortes para adoptar su forma activa, por lo cual se plantea que en *X. dendrorhous* podrían existir otras proteasas además de la ya descrita Stp1 que participen en la activación de Sre1. El genoma de 19 posibles mutantes de la vía SREBP de la levadura obtenidos por mutagénesis al azar fue secuenciado y analizado mediante "SNPs callers". Se seleccionaron todos aquellos genes mutados que posiblemente codifiquen proteasas para caracterizarlos de acuerdo con los siguientes criterios: i) Definición de estructura exón-intrón del gen, ii) Predicción de la localización subcelular y residuos de transmembrana del producto génico, iii) modelamiento de la proteína por homología y iv) revisión bibliográfica de las posibles funciones de estas proteínas. Estos análisis permitieron definir los principales genes candidatos que podrían estar involucrados en el procesamiento del factor de transcripción Sre1 de *X. dendrorhous*. El paso siguiente contempla la obtención de mutantes de estos genes para evaluar el fenotipo y estado de activación de Sre1 en cada uno de ellos.

FONDECYT 1160202, Beca de la fundación María Ghilardi Venegas.

La proteína efectora SopF contribuye a la localización intravacuolar y la supervivencia intracelular de *Salmonella* enterica serovar Typhimurium en *Dictyostelium discoideum*

Gabriel Alberto Vera Sánchez¹, Andrea Sabag¹, Jaime Ortega¹, Paulina Fernández¹, Camila Valenzuela^{1,2}, Sergio A. Álvarez¹, Carlos A. Santiviago¹.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santiago, Chile

(2) Institut Pasteur, Dynamics of Host-Pathogen Interactions Unit, París, Francia

Las bacterias del género *Salmonella* utilizan sistemas de secreción de tipo III (T3SS) para translocar proteínas efectoras dentro de la célula eucariote con el fin de manipular procesos celulares del hospedero. Una vez dentro de la célula, la bacteria permanece en la "vacuola contenedora de *Salmonella*" (SCV), donde sobrevive y se replica activamente durante la infección. Nuestro laboratorio reportó que *S. Typhimurium* requiere de los T3SS y de sus efectores para sobrevivir dentro de una SCV en *Dictyostelium discoideum*. Recientemente, se determinó que el efector SopF de *S. Typhimurium* posee actividad ADP-ribosiltransferasa y está involucrado en la supervivencia de la bacteria en células epiteliales HeLa y macrófagos murinos RAW264.7. De esta forma, nos propusimos determinar si el efector SopF contribuye a la supervivencia intracelular y localización intravacuolar de *S. Typhimurium* en *D. discoideum*. Para esto, se generó una mutante Δ sopF derivada de la cepa virulenta *S. Typhimurium* 14028s. Posteriormente, se evaluó la supervivencia intracelular de estas cepas en *D. discoideum* mediante ensayos de infección en competencia. También se realizaron ensayos de infección acoplados a microscopía confocal en los que se determinó la localización intracelular de las cepas en *D. discoideum*. Nuestros resultados mostraron que la cepa mutante Δ sopF presenta una deficiencia importante en la supervivencia intracelular en la ameba a partir de las 3 horas post infección (hpi). Por otra parte, la cepa mutante Δ sopF se asocia con menor frecuencia a compartimentos vacuolares VatM⁺ en *D. discoideum* en comparación con la cepa silvestre a las 3 hpi. Estos resultados sugieren que la proteína efectora SopF contribuye a la supervivencia intracelular de *S. Typhimurium* en *D. discoideum* y a su localización en un compartimento vacuolar en la ameba.

Este trabajo fue financiado por el proyecto FONDECYT 1171844.

Producción de biosurfactantes desde cepas bacterianas extremófilas: aplicaciones ambientales y clínicas

Nicolás Vera Vera¹, Eduardo Contreras², Paulina Pradel², Carla Bittner¹, Alex González².

(1) Universidad de Los Lagos, Departamento de Salud, Chiquihue km 6, Puerto Montt, Chile (2) Universidad de Los Lagos, Departamento de Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Avenida Fuchslocher 1305, Osorno, Chile

Introducción: Los microorganismos extremófilos tienen la capacidad de generar moléculas extracelulares con múltiples propiedades que les ayudan a tolerar condiciones adversas. Los biosurfactantes son moléculas de origen bacteriano con características específicas relacionadas con cambios en la tensión superficial, producidos durante el crecimiento de estos microorganismos en sustratos grasos. Además, poseen actividad emulsificante con cualidades anfífilas: contienen una cabeza hidrofílica y una cola hidrocarbonada. Su clasificación general se agrupa en: glicolípidos, lipopéptidos, fosfolípidos, ácidos grasos y biosurfactantes poliméricos. Sus diversas aplicaciones se han utilizado en la industria alimentaria, farmacéutica y como alternativa al uso de surfactantes convencionales. Ejemplo de esto, es la recuperación de ambientes contaminados por hidrocarburos, mejorando el proceso de degradación microbiana. Una capacidad adicional y poco estudiada es el efecto tóxico o inhibidor de microorganismos patógenos a través de la interacción con la membrana celular, ejerciendo una actividad similar a un detergente (bio-detergente). Esta característica sugiere interés de aplicación a las bacterias resistentes a los antibióticos o patógenos de prioridad estricta. Simultáneamente, se ha aplicado este principio a la reducción de biopelículas formadas por bacterias oportunistas en catéteres vinílicos. **Metodología:** El objetivo de este estudio es evidenciar la actividad emulsificante de moléculas producidas por microorganismos antárticos. Para esto, se extrajeron dos muestras desde sedimento, en la Isla Rey Jorge. Se traspasaron hacia medio de cultivo Luria Bertani modificado, suplementado con 1% de aceite automotriz, como fuente de hidrocarburo. Posteriormente, se realizó una caracterización morfológica y se extrajo DNA genómico a las cepas aisladas (GenElute™ Bacterial Genomic Kit), según indicaciones del fabricante. Más tarde, se realizó análisis del gen 16 S rRNA, mediante amplificación por PCR. Para ello se utilizaron los partidores universales 27F(5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') y 1492R(5'-ACGGCTACCTTGTACGACTT-3'). Para determinar la actividad emulsificante, se utilizó la metodología clásica: volúmenes 1:1 de kerosene y sobrenadante libre de células, agitados por dos minutos e incubados por 24 horas a 20° C. **Resultados y Conclusión:** Según la secuencia del gen rRNA 16 S, las cepas correspondieron a *Pseudomonas* sp. y *Pseudomonas japónica*. Además, evidenciaron actividad emulsificante (>50%) por lo que podrían utilizarse como fuente de compuestos biológicos de interés para la industria farmacéutica y biorremediación.

Genomic analysis of *Exiguobacterium aurantiacum* PN₄₇ strain shows that belong another unidentified species of salty ponds at Andes Mountains, suggesting rename it as *Exiguobacterium* sp. PN₄₇

Erwin Alejandro Strahsburger Figueroa¹, Sebastian Cabello¹, **Valentina Villaroel²**, Michael McClelland².

(1) Arturo Prat University, Faculty of Renewable Natural Resources, AV Arturo Prat S/N, Campus Huayquique, Iquique, Chile

(2) University of California Irvine, Microbiology and Molecular Genetics, School of Medicine, B240 Med Sci Bldg. Irvine, CA 92697-4025, Irvine, USA

Exiguobacterium aurantiacum PN₄₇ strain was isolated from the Huasco salty ponds located at the Altiplano area in the Andes Mountain, Tarapaca Region, Chile. The initial species identification was done according to the 16S rRNA sequence analysis, which showed a 99% identity with *E. aurantiacum* strain Q20 (accession number KU933354.1). However, a re-analysis of the PN₄₇ genome is reclassifying it as a new unidentified species of a group of bacteria isolated from the same places or other places with similar characteristics at the Andes mountain. The genomic multilocus analysis was done with conserved genes such as: 16SrRNA, *cshA*, *rpoE*, *dnaK*, *groL*, *infB*, *infA*, and *desA*. The phylogenetic tree shows a specific cluster for these bacteria of unidentified species and separated from *E. aurantiacum* species. In consequence, the strain is renamed *Exiguobacterium* sp. PN₄₇ and encourage more studies to propose a new species, maybe the *Exiguobacterium andicum*.

Biosynthesized selenium nanoparticles, a biotechnological alternative as feed supplement for salmonid fish nutrition

Francisco Yáñez Lemus¹, Rubén Moraga², Luis Mercado³, Carlos Jara⁴, Carlos Smith¹, Paulina Aguayo^{1,6,7}, Kimberly Sánchez¹, Apolinaria García¹, Ariel Valenzuela⁵, Víctor Campos¹.

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile

(2) Universidad Arturo Prat, Recursos Naturales Renovables, Iquique, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Biología, Ciencias, Valparaíso, Chile

(4) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigaciones Biomédicas, Medicina, Valparaíso, Chile

(5) Universidad de Concepción, Oceanografía, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción, Chile

(6) Universidad de Concepción, Ciencias Ambientales, Concepción, Chile

(7) Universidad de Las Américas, Recursos Naturales, Medicina Veterinaria y Agronomía, Concepción, Chile

Selenium (Se) has been proven to improve the growth performance, feed utilization, antioxidative status, immune response and tolerance against different stressors in fish, when supplied in adequate levels. Currently, cultured salmonids are mostly fed with sodium selenite (SeO_3Na_2)-supplemented food which is poorly absorbed by the intestinal epithelium and highly toxic. Se nanoparticles (SeNps), a new biotechnological tool has attracted attention in several areas including human and animal nutrition due to novel features like lower toxicity, higher chemical stability, biocompatibility, and ability to gradually release Se after ingestion. Reports confirmed that dietary SeNps supplementation is more efficient to improve health and productive parameters in *Pagrus major* and *Cyprinus carpio* when compared to organic or inorganic forms. We i) obtained SeNps from a Gram-negative bacteria *Pantoea agglomerans*, UC-32 strain, ii) functionalized them with L-cysteine (SeNps/L-cys) and iii) characterized SeNp/L-cys using physical and chemical methods. Later, we evaluate biological effects of SeNps/L-cys on rainbow trout *in vitro* and *in vivo* models to explore the use of these Nps as a biotechnological nutritional additive for being used in the salmon farming industry. Results showed a reduced scavenging activity of SeNp/L-cys (*in vitro*) compared to reference antioxidants (Vit.C, NAC, Trolox[®]) by DPPH, FRAP or TRAP *in vitro* assays. Administration of SeNp/L-cys to rainbow trout cell lines RTgill-W1 and RTS-11 and rainbow trout primary head kidney monocyte-like (T-PHKM) culture cells were significantly less toxic than SeO_3Na_2 . Similarly, SeNps/L-cys reduced oxidative stress in RTgill-W1, RTS-11 and T-PHKM co-incubated with hydrogen peroxide as a cellular ROS-inducing agent, and increased cell viability compared to SeO_3Na_2 . The effect of SeNps/L-cys supplemented food in rainbow trouts during 30 days (*in vivo* model), showed a constant growth within the expected ranges for this species given the culture conditions, a significant increase of both plasma lysozyme and respiratory burst of blood leukocytes. We conclude that SeNps/L-cys is a promissory biotechnological alternative for salmonids nutrition based on they are easy to produce at relatively low cost and to manipulate, produce less toxic effects on fish cells (compared to SeO_3Na_2) and to improve the fish innate immune response.

Generación de fusiones de proteínas efectoras de *Salmonella Typhimurium* al reportero CyaA' y detección de su translocación a células eucariontes durante el proceso de infección

Marcela Zabner¹, Paulina Fernández¹, Constanza Morgado¹, Jaime Ortega¹, Gabriel Vera¹, Fernando Baisón-Olmo¹, Camila Valenzuela^{1,2}, Sergio A. Álvarez¹, Carlos A. Santiviago¹.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santos Dumont 964, Santiago, Chile

(2) Institut Pasteur, Dynamics of Host-Pathogen Interactions Unit, Department of Cell Biology and Infection, 25 rue du Docteur Roux 75015, París, Francia

Los sistemas de secreción de tipo III (T₃SS) de *Salmonella* translocan proteínas efectoras desde el citoplasma bacteriano al de una célula eucarionte para tomar control de procesos celulares importantes en la infección, permitiendo establecer un nicho replicativo para la bacteria. Para caracterizar este tipo de efectores, se pueden utilizar fusiones génicas al reportero CyaA' de *Bordetella pertussis*. CyaA' es una adenilato ciclasa dependiente de calmodulina que sólo es activa dentro de una célula eucarionte. De esta forma, mediante la detección de un aumento en los niveles intracelulares de cAMP se puede determinar si una proteína de fusión entre un efector y CyaA' ha sido translocada hacia la célula eucarionte. Utilizando los vectores pCyaA'-Kan y pCyaA'-Cat previamente construidos por nuestro grupo, se generaron cepas de *S. Typhimurium* que expresan fusiones cromosomales de al menos 10 proteínas efectoras a CyaA' mediante recombinación homóloga. Estas fusiones tienen la ventaja de contener un cassette de resistencia a kanamicina o cloranfenicol flanqueado por sitios FRT, el cual fue eliminado mediante recombinación entre estos sitios. Todas las proteínas de fusión generadas fueron detectadas mediante WB a partir de cultivos *in vitro* de las cepas que las expresan. Adicionalmente, se determinó un aumento de la actividad adenilato ciclasa en células epiteliales HeLa y macrófagos RAW264.7 a distintos tiempos de infección usando cepas que expresan algunas de estas fusiones. Por tanto, las fusiones cromosomales al reportero CyaA' generadas de acuerdo al método aquí descrito son funcionales y permiten el estudio de la translocación de efectores de los T₃SS de *Salmonella* a distintas células eucariontes

Este trabajo fue financiado por los proyectos FONDECYT 1171844 y 3180437

Identificación de duplicaciones génicas en el gen G de metapneumovirus humano

Elisabeth Zambrano¹, Loreto Fuenzalida¹, Nicolás Cifuentes-Muñoz¹.

(1) Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile, San Miguel, Santiago, Chile

El metapneumovirus humano (hMPV) es un virus respiratorio que causa infecciones en el tracto respiratorio inferior, especialmente en niños pequeños, ancianos y personas inmunodeprimidas a nivel mundial. Este virus posee un genoma de ARN negativo monohebra que contiene 8 genes. Análisis filogenéticos basados en los genes de las proteínas de fusión (F), la proteína de unión (G), y la pequeña proteína hidrofóbica (SH), indican que hMPV se divide en dos linajes genéticos principales A y B, que a su vez se dividen en 1 y 2. El subtipo A2 también se diferencia en clados A2a/A2b y B2 en B2a/B2b. Desde el 2016 se han reportado a nivel mundial mutaciones en el gen de la proteína G, en el subgrupo A2b principalmente, que constaría de dos tipos de duplicaciones, de 180 nucleótidos y de 111 nucleótidos. En este trabajo, se obtuvieron y analizaron muestras clínicas para identificar si las duplicaciones en el gen G se encuentran presentes en las variantes de hMPV circulantes en el país. Para esto, se estudiaron 17 muestras de aspirados nasofaríngeos de pacientes pediátricos positivos por RT-qPCR para hMPV, recolectadas entre los años 2016 y 2018 en Santiago y 2019 en Temuco, los cuales fueron obtenidos previa firma de consentimiento informado. Se sintetizaron partidores específicos para los genes N y G de hMPV para el análisis por RT-PCR de las muestras positivas para el virus. Mediante análisis de secuenciación del gen viral conservado N, se determinaron los subgrupos de hMPV que circularon en Santiago y Temuco, siendo más prevalente el subtipo A2 en Santiago y el B1 en Temuco. Ninguna de las muestras analizadas demostró tener la presencia de una duplicación en el gen G del genoma viral, pero sí se encontró una inserción en la región intergénica de 60 nucleótidos entre los genes G y L en una de las muestras. Adicionalmente, se encontró una gran variabilidad entre las secuencias del gen G que podrían modificar potenciales sitios de glicosilación en la proteína. Nuestros datos permiten entender la diversidad viral de hMPV circulante en Chile, los cuales esperamos expandir a futuro con más muestras de pacientes.

FONDECYT DE INICIO 11180269

Efecto de la suplementación de hierro sobre la microbiota asociada al sistema radicular de *Jarava frígida*

Maria Constanza Aguado^{1,2,3}, Mauricio González^{2,3}.

(1) Universidad de Chile, Doctorado en Nutrición y Tecnología de los alimentos (DOCNUTAL), Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Centro de Regulación del Genoma (CRG)

Una relación microbiota-hospedero adecuada es esencial en diferentes procesos fisiológicos de animales y plantas, en particular cuando esta relación se establece en tejidos especializados en la absorción de nutrientes. Sin embargo, las reglas que permiten predecir cómo cambios en la disponibilidad de nutrientes afectan la estructura de la microbiota del hospedero se desconocen. El objetivo del presente estudio fue evaluar el efecto de la suplementación (48 h) de FeSO_4 (5 mM) sobre la estructura de la microbiota de la rizosfera asociada al sistema radicular de *Jarava frígida*. Los resultados indican que la disponibilidad de Fe en el suelo se incrementó significativamente (de 600 a 1500 mg/L). A partir de 2.9×10^6 lecturas (región V1-V3 del gen 16S rRNA) secuenciadas mediante la plataforma Illumina, se identificó un total de 3672 OTUs en 48 muestras de suelo, cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01 %. Los OTUs fueron clasificados en 29 filo y 197 géneros. En general, las filos dominantes fueron Proteobacteria, Acidobacteria y Actinobacteria. El patrón de OTUs permite clasificar (índice de disimilitud, bray-curtis) las muestras en dos grupos según el tipo de suelo (rizósfera y suelo desnudo). El análisis de alfa diversidad (Shannon) mostró que la diversidad es significativamente mayor (ANOVA $p \leq 0.05$) en las muestras de rizósfera respecto al suelo desnudo. El tratamiento con FeSO_4 provocó un aumento de la riqueza en la rizosfera (desde 2218 a 2510 OTUs), así como también en el suelo desnudo (desde 2218 a 2510 OTUs), conservando aproximadamente un 50 % de OTUs en común. En conclusión, un aumento en la disponibilidad de hierro provocó un aumento en la riqueza en la microbiota de la rizosfera asociada al sistema radicular de *Jarava frígida*.

Este trabajo fue financiado por proyecto ANID/FONDAP/15090007

High summer activity of surface Ammonia-Oxidizing Prokaryotes in a coastal Antarctic zone

Maria Estrella Alcaman Arias^{1,2}, Jerónimo Cifuentes-Anticevic³, Giovanni Testa¹, Macarena Trocoso², Beatriz Diez^{2,3}, Laura Farías^{1,2}.

(1) Universidad de Concepción, Oceanografía, Ciencias Naturales y Oceanográficas

(2) Centro de Ciencia del Clima y la Resiliencia, CR2

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas

Geochemical evidence suggests that the effective nitrification rates during the winter in the deeper Antarctic mixed layer mainly result from Thaumarchaeota activity. However, the temporal variability in the shallow surface Antarctic waters during the summer remains unknown. The composition and dynamics of active bacteria (AOB) and archaea (AOA) ammonia-oxidizing were evaluated during three consecutive late summers (2017, 2018, and 2019) within the photic layer (up to 50 m) of Chile Bay (South Shetland Island, Antarctica). Besides, measurements of inorganic nitrogen (ammonium and nitrate), carbon, and nitrification rates and environmental variables were correlated. Results showed seasonal variability in physicochemical variables, registering an alternation between a stratified column water and mixing events in a short timescale. The AOB was 2-fold higher in the upper surface layer, but an average AOB:AOA showed a ratio of 1.5:1 with spatial difference in their activities. Thaumarchaeota such as *Candidatus Nitrosopelagicus*, *Candidatus Nitrosomarinus*, and *Nitrosopumilus*, were the principal AOA which were phylogenetically related to the surface families NP-ε and NP-γ. In turn, the bacterium *Nitrosomonas* was the most active ammonia-oxidizer microbe in our photic layer. High nitrification rates were detected in the last two years, supporting with >70% of new-NO₃⁻ in the upper surface layer, but completely support the new production at 30 m depth. Environmental variables as temperature, light, and oxygen modulate the ammonia-oxidizer activity principally, showing a stretch positive correlation with the nitrous oxide concentration. Our results confirm the active ammonia-oxidizers' presence in a highly productive coastal system, expanding their distribution superficially in the shallow polar ecosystems. These invaluable results should be taken into account to develop future NO₃-based global production budgets in polar systems.

This work was supported by the ANID/FONDECYT-INACH N°3170807, ANID/FONDAP/15110009.

El contexto ambiental influye más que la identidad del micobionte en la estructuración del microbioma de cianolíquenes *Peltigera* del sur de Chile

Katerin Almendras¹, Karla Veas¹, Matías Pezoa¹, Margarita Carú¹, Julieta Orlando¹.

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Chile

Los líquenes albergan una gran diversidad de microorganismos sobre la superficie de sus talos (microbioma), de los cuales las bacterias son las más abundantes y estudiadas. Se ha propuesto que estas comunidades aportan con diversas funciones a la simbiosis líquénica, no obstante, todavía falta entender cómo estas comunidades están estructuradas y cómo son adquiridas y transmitidas. En este trabajo estudiamos las comunidades bacterianas asociadas a talos de cianolíquenes *Peltigera* creciendo en dos contextos ambientales diferentes de la Reserva Nacional Coyhaique, Región de Aysén: *P. frigida* y *P. fuscopraetextata* en bosque; *P. rufescens* y *P. antarctica* en pradera. Las comunidades se caracterizaron mediante secuenciación masiva del gen 16S rRNA utilizando partidores que excluyen cianobacterias (para descartar la amplificación del cianobionte) y se analizó el microbioma core de cada especie, correspondiente a los ASVs presentes en al menos 9 de las 10 réplicas (prevalencia ≥ 0.9). En las 4 especies de líquenes se observó que los filos más abundantes correspondieron a Proteobacteria (~64%) y Actinobacteriota (~24%), mientras que Alphaproteobacteria y Actinomycetia fueron las clases predominantes. A un nivel taxonómico menor se encontró que el ASV1 perteneciente a la familia Acetobacteraceae fue el más abundante en todas las muestras, excepto en *P. antarctica*, donde fue el ASV992 de la familia Bulkholderiaceae, pero este no fue detectado en las otras especies. Además, se pudo determinar que solo un 12,8% de los ASVs totales se compartieron entre las 4 especies y que *P. frigida* fue la especie que presentó el mayor número de ASVs exclusivos (22%) de. Análisis multivariados demostraron que las diferencias encontradas entre las distintas especies se explican mayoritariamente por el ambiente y en menor medida por la identidad del líquen, aunque ambas separaciones fueron significativas. Estos resultados sugieren que las distintas especies de *Peltigera* tienen una comunidad bacteriana característica y que el contexto ambiental en donde crecen los líquenes estaría determinando en mayor medida la estructura del microbioma líquénico; lo que apoya la propuesta de que los líquenes actúan como "filtro" ambiental, reclutando o excluyendo grupos bacterianos no sólo según su identidad sino también por las condiciones ambientales en donde se desarrollan.

FONDECYT 1181510, CONICYT-PCHA/Doctorado Nacional/2016-21160637

Niveles plasmáticos del receptor soluble de IL7 (sIL7Ra) y su variante rs6897932 asociados a una evolución grave en adultos con neumonía adquirida en comunidad

Sandra Ampuero¹, Guillermo Bahamonde¹, Luis Lizama¹, Ariel Toledo¹, Mauricio Ruiz², Rolando Pizarro³, Patricio Rossi⁴, Lucía Huenchur⁴, María Luisa Garmendia⁵, Vivian Luchsinger¹.

(1) Universidad de Chile, Programa de Virología, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

(2) Hospital Clínico Universidad de Chile, Santiago, Chile

(3) Hospital Lucio Córdova, Santiago, Chile

(4) Complejo Hospitalario San José, Santiago, Chile (5) Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Santiago, Chile

La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es una enfermedad infecciosa pulmonar con alta morbilidad y mortalidad principalmente en adultos mayores. Existen escalas pronósticas (PSI, CURB65) para el manejo clínico al momento del diagnóstico, pero no siempre discriminan la evolución grave. IL7 y su receptor de membrana (IL7R) y soluble (sIL7Ra) juegan un rol fundamental en la homeostasis de las células T y B, función clave en el control de infecciones. Variantes genéticas de *il7r* como c.731C>A (rs6897932) se asocian a enfermedades inmunes. Para estudiar si hay asociación entre los niveles plasmáticos de sIL7Ra y la variante rs6897932 con la gravedad de la NAC, se enrolaron 153 adultos chilenos con NAC (68% ≥ 65 años, 50,3% mujeres) (período 2017-2019). Se detectaron antígenos bacterianos urinarios por inmunocromatografía, y virus y bacterias en muestras respiratorias mediante PCR tiempo real. La genotipificación se realizó por PCR con análisis de fusión de alta resolución (muestra sanguínea) y la concentración plasmática de sIL7Ra por ELISA (RayBiotech®). Análisis estadístico: Mann-Whitney. En 62,7% se detectó agente infeccioso: 57,3% correspondió a virus, 23,9% bacteria y 18,8% infección mixta. Las concentraciones de sIL7Ra no fueron significativamente diferentes según el patógeno detectado. Los adultos NAC ≥ 65 años presentaron mayores concentraciones de sIL7Ra que adultos < 65 años (24,6 vs 17,5 vs ng/ml, $p = 0,0016$). También existió diferencias entre el grupo con < 7 días de síntomas ($n: 95$; 23,9 ng/ml) y ≥ 7 días ($n: 57$; 19,5 ng/ml; $p = 0,034$). Según categorización de gravedad, el grupo NAC grave (categoría IV-V; $n: 81$; 25,8 ng/ml) por PSI presentó concentraciones mayores que el grupo leve (I-II; $n: 39$; 17,2 ng/ml; $p = 0,0008$). Se obtuvieron resultados similares según CURB65. Los adultos NAC que fallecieron ($n: 30$; 30,4 ng/ml) presentaron mayores concentraciones que los que sobreviven (20,9 ng/ml; $p = 0,0003$). Por otro lado, los adultos NAC con el genotipo TT ($n: 22$; 9,8 ng/ml) presentaron niveles muy bajos frente al homocigoto CC ($n: 71$; 28,0 ng/ml) y el heterocigoto CT ($n: 60$; 19,1 ng/ml; $p < 0,00001$). La significativa asociación entre niveles plasmáticos más altos de sIL7Ra y el mayor riesgo de mortalidad sugieren su utilidad como biomarcador de gravedad en NAC con una posible contribución genética.

Proyecto financiado por: FONDECYT 1171643

Biosíntesis de nanopartículas fluorescentes (Quantum Dots) de CdS recubiertos por exopolisacáridos utilizando el aislado antártico *Pseudomonas* sp. 198P

Giovanna Anziani-Ostuni¹, Jessica Campo-Giraldo¹, Jose Manuel Pérez-Donoso¹.

(1) Laboratorio de BioNanotecnología y Microbiología, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello. República 330, Santiago, Chile

Las nanopartículas (NPs) semiconductoras fluorescentes o Quantum Dots (QDs) son un tipo de nanomaterial con características optoelectrónicas de gran interés tecnológico. Para su obtención, una alternativa simple y ecoamigable es la biosíntesis, donde microorganismos controlan la formación del QD, y las biomoléculas generadas por ellos (ácidos nucleicos, proteínas, entre otros) otorgarían nuevas propiedades. Como estrategia para la modificación de la superficie de las NPs está la adición de exopolisacáridos (EPS), los que luego de ser purificados desde diferentes microorganismos, son añadidos a la solución con NPs ya formadas. En este contexto, a la fecha no existe un método que permita la síntesis de NPs unidas a EPS en un solo paso. El aislado antártico *Pseudomonas* sp. 198P secreta grandes cantidades de EPS al ser cultivado en presencia de glicerol. Sabiendo que el género *Pseudomonas* ha sido utilizado para la biosíntesis de distintos tipos de NPs, se planteó la hipótesis que *Pseudomonas* sp. 198P es capaz de biosintetizar nanopartículas recubiertas por exopolisacáridos, teniendo como objetivo desarrollar un protocolo de biosíntesis de QDs recubiertos por EPS sin pasos previos de purificación de ninguno de los agentes. En este trabajo se reportan dos protocolos de biosíntesis de QDs de CdS con el aislado, utilizando CdCl₂, cisteína y dos medios de síntesis [Buffer Borax-Citrato (BC) y Medio M63 pH 9.0 (M63-9)]. Los QDs obtenidos fueron purificados y caracterizados. CdS BC y CdS M63-9 presentan un rendimiento cuántico de 15.27 y 11.93%, un band gap de 3.04 y 3.14 eV, y un tamaño de 14.97 ± 1.24 nm y 46.15 ± 6.54 nm, respectivamente. Análisis de FT-IR reveló la presencia de materia orgánica unida a los QDs biosintetizados, encontrándose señales que sugieren la presencia de exopolisacáridos en la superficie de los QDs. Los resultados de este estudio demuestran que es posible controlar las condiciones de biosíntesis de QDs para su modificación. La adición selectiva de EPS y otras biomoléculas a la superficie de bionanomateriales permitirá controlar distintas propiedades (i.e. solubilidad o estabilidad), favoreciendo el desarrollo de nuevas aplicaciones basadas en QDs producidos por métodos biológicos.

Fondecyt 120087 (JMP-D) e INACH RT-25_16 (JMP-D)

Diseño *in silico* de una proteína quimérica candidata a vacuna contra la Enfermedad Bacteriana del Riñón (BKD) utilizando vacunología inversa

Jeffrey Araneda Yáñez¹, Constanza Cárdenas Carvajal¹, Waldo Acevedo Castillo¹, Sergio Marshall González¹, Fernando Gómez Carmona¹.

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Ciencias, Av. Universidad 330, Curauma, Valparaíso, Chile

Durante las últimas décadas, el desarrollo en las técnicas de ADN recombinante y secuenciación masiva han dado lugar a increíbles avances al entendimiento de los diferentes patógenos que afectan no solamente la salud humana, sino que también a las industrias agrícola, ganadera y agropecuaria. Los avances científico - tecnológico han dado paso al surgimiento de la denominada "Vacunología Inversa", técnica de estudio *in silico* que utiliza como punto de partida una búsqueda de proteínas codificadas en el genoma de los microorganismos patógenos, y una posterior selección de los antígenos más probables a ser candidatos en el desarrollo racional de vacunas, acelerando enormemente el proceso. La Enfermedad Bacteriana del Riñón, BKD o Renibacteriosis, causada por el patógeno *Renibacterium salmoninarum*, es la segunda enfermedad de mayor relevancia para la industria salmonera en Chile. En los últimos años han aumentado significativamente los nuevos brotes de BKD principalmente en las plantas acuícolas situadas en las regiones de Aysén y Magallanes, lo que ha traído consigo un constante uso de antibióticos como medida de control, esto debido a la ausencia de otras alternativas para combatir la enfermedad. En este contexto, el desarrollo de una nueva vacuna que genere una protección eficiente se visualiza como la mejor alternativa de control contra el BKD. Para el diseño de la candidata a vacuna, se obtuvo *in silico* el proteoma de *R. salmoninarum* en base a los genomas disponibles y posteriormente se identificaron proteínas implicadas en patogenicidad e infectividad, desde las cuales se seleccionaron epítopes y regiones antigénicas potencialmente inmunógenas, las que pudiesen inducir una respuesta inmune en teleósteos. Los epítopes seleccionados fueron unidos mediante linkers aminoacídicos generando un constructo quimérico multiantigénico y multiepitópico y se incluyó finalmente una predicción de la estructura tridimensional y un refinamiento por dinámica molecular. El modelo fue utilizado para análisis posteriores de antigenicidad y predicción de propiedades fisicoquímicas. Visualizamos nuestra proteína tipo quimera no solamente como una potencial candidata a vacuna para el control del BKD en Chile, sino que también como un novedoso producto biotecnológico a ser comercializado en plantas de cultivo de salmón con prevalencia de la enfermedad.

Proyecto DI consolidado 039.353/19, PUCV

Cepas de *Piscirickettsia salmonis* pertenecientes a distintos genogrupos activan diferentes mecanismos de respuesta inmune en la célula hospedera

Pamela Aravena^{1,2,3}, Christian Hodar^{1,2}, Verónica Cambiazo^{1,2}.

(1) Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, INTA, Universidad de Chile, Av El Libano 5524, Macul, Chile

(2) Center for Genome Regulation (CGR), Av El Libano 5524, Macul, Chile

(3) Programa de Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Campus Sur Universidad de Chile. Santa Rosa 11315, La Pintana, Santiago, Chile. CP: 88208084

Piscirickettsia salmonis, el agente causal de la Piscirickettsiosis, una infección sistémica de peces salmónidos, presenta dos genogrupos que reciben el nombre de las cepas de referencia, LF-89-like o EM-90-like. Mediante un modelo de infección *in vitro* utilizando la línea celular SHK-1 y un análisis de expresión transcripcional dual, examinamos los cambios de expresión en el hospedero durante una infección con las cepas patógenas CGR02 y EM-90, pertenecientes a los dos genogrupos descritos de *P. salmonis*. Los resultados indican que la infección disminuyó significativamente la viabilidad celular después de 10 días en el caso de la cepa CGR02 y después de 17 días para la cepa EM90, junto con un incremento significativo en el número de bacterias intracelulares, medido como genomas equivalentes de *P. salmonis*. El análisis transcripcional reveló que existen grupos de ortólogos diferencialmente expresados ambos entre patógenos. Ensayos de qPCR demostraron una sobre-expresión de los genes claves de la ruta de estrés nutricional, de adquisición de hierro y de genes del sistema de secreción de tipo IV durante la etapa de multiplicación intracelular de ambas cepas de *P. salmonis*. Por otra parte, entre los genes diferencialmente expresados en el hospedero en respuesta a ambas cepas del patógeno se observa un perfil funcional diferencial: la cepa CRGo2 activa genes relacionados con las rutas de síntesis de colesterol y ácidos grasos, entre otras. En cambio, la cepa EM90 activa genes relacionados con rutas de inflamación y respuesta inmune. Nuestros resultados sugieren que la respuesta de las células SHK-1 a la infección es dependiente de la cepa de *P. salmonis* y nos permiten identificar las cascadas bioquímicas desencadenadas en respuesta a los mecanismos de defensa del hospedero. Estos resultados contribuyen a identificar los genes/proteínas que son blancos para para el diseño de nuevas terapias y para el seguimiento de las infecciones con *P. salmonis* *in vivo* e *in vitro*.

Este trabajo fue financiado por el Proyecto FONDECYT 1160802 y ANID/FONDAP/15090007

Direct RT-qPCR for SARS-CoV-2, a complementary method RNA extraction free to increase the number of samples analyzed for Covid19 diagnosis.

Erwin Alejandro Strahsburger Figueroa^{1,2}, Juan Moreno³, Wilson Huanca⁴, **Gissela Araya**³, Tamara Godoy³, Carolina Navea³, Estefania Cifuentes³, Josefa Cuello³, Aida Castillo³, Marcela Castro³, Sallyra Toledo³, Karina Rosales³, Nicole Fernandez³, Joselyn Araya³, Carlos Miranda³, Ignacio Candia³, Gonzalo Romero³, Manuel Alamos³, Sofia Echeverria³, Stephanie Muñoz³, Jennifer Caroca³, Javiera Miranda³, Kaitlin McConnell².

(1) Arturo Prat University, Renewable Natural Resources, Av. Arturo Prat S/N, Campus Huayquique, Iquique, Chile.

(2) Arturo Prat University, Viceretory of Research, Innovation, and Postgrade, Laboratory of Molecular Diagnosis Wintata, Av. Playa Brava 3256, Iquique, Chile.

(3) Servicio de Salud Iquique, Laboratory of Molecular Diagnosis Wintata, Av. Playa Brava 3256, Iquique, Chile.

(4) University of Tarapaca, Faculty of Agronomic Science, Casilla 6-D, Arica, Chile.

RT-qPCR is the most common technique for Covid19 diagnosis and involves RNA extraction of respiratory samples and one-step RT-qPCR amplification with specific probes and primers for the SARS-CoV-2 virus. However, in laboratories that lack automatic nucleic acid extraction, this procedure is time demanding and hard to apply for a high number of samples, and the bottleneck is in the manual RNA extraction. For that reason, we propose a direct RT-qPCR methodology as the first analysis of clinical samples to process and validate most of them, followed by common manual RNA extraction for those samples that did not were informed before. The direct RT-qPCR methodology was validated with 298 clinical samples obtained from Arica and Iquique City and using two commercial one-step amplification kits with endogenous control: the real-time fluorescent RT-PCR kit for detecting SARS-CoV-2 (BGI) and the TaqMan™ 2019-nCoV Assay Kit v1 (Thermo Fisher). The results show a good correlation between direct RT-qPCR and manual RNA extraction RT-qPCR for the amplification of Orf1ab target gene. The accuracy was 80% and 87.8% for each kit, respectively. The sensitivity and specificity of the direct RT-qPCR by the BGI Kit was of 87.3% and 90.3%, while for the Thermo Fisher kit these values were 86.0% and 97.9%, respectively. The Likelihood rate was 8.98 and 40 for the BGI and Thermo Fisher kits, while the Kappa value was 0.77 (substantial agreement) for the BGI Kit and 0.86 (almost perfect agreement) for the Thermo Fisher kit. For samples with Ct>32 (Orf1ab) some false-positive results were found, but under this value, the results did not show any false-positive results. In consequence, we propose this technique as a complementary method for the Covid19 diagnosis, complementing the RNA RT-qPCR procedures. The successful methodology allows processing a higher number of samples with the same human and laboratory resources, reducing the volume of manual RNA extraction and keeping the confidence and liability on the clinical diagnosis. A brief guideline to use it as a complementary technique to the manual RNA extraction RT-qPCR is described.

Financing by FICOV20017 ANID, and by financial support from: CORPESCA, ZOFRI, Ministerio de Salud, Servicio de Salud de Iquique, Ministerio de Ciencia Tecnología, Conocimiento e Innovación, Universidad Arturo Prat.

Uso de una levadura aislada de Glaciar Unión en Antártica para la biosíntesis de nanopartículas fluorescentes de CuInS₂ y su aplicación en celdas solares

C. Arriaza-Echanes¹, J.L Campo-Giraldo¹, J.M. Pérez-Donoso¹.

(1) Universidad Andrés Bello, BioNanotechnology and Microbiology Laboratory, Center for Bioinformatics and Integrative Biology (CBIB), Facultad de Ciencias de la Vida, Av. República # 330, Santiago, Chile

La síntesis de nanopartículas (NPs) puede llevarse a cabo mediante variados procesos, sin embargo, la síntesis biológica o biosíntesis se considera una forma más ecológica para sintetizar nanomateriales. Un tipo de NPs biosintetizadas corresponde a los quantum dots (QDs), destacando por sus interesantes propiedades y sus aplicaciones tecnológicas. La biosíntesis de QDs en general involucra microorganismos modelos, sin embargo, recientemente nuestro grupo reportó la síntesis en microorganismos extremófilos, los cuales generan QDs con mejores propiedades. Los principales QDs biosintetizados por microorganismos son los de cadmio, azufre, telurio, selenio, y zinc. Además, existen reportes que han demostrado que los microorganismos pueden sintetizar nanopartículas ternarias por ejemplo CdAgS. En este contexto, un QDs ternarios de interés son los de CuInS₂ debido a que están constituidos por metales con baja toxicidad y son utilizados en biomedicina y celdas solares. Sin embargo, a la fecha este tipo de nanomateriales solo son producidos químicamente. En este trabajo se aislaron levaduras provenientes de muestras de suelo cercanas a la base científica Glaciar Unión – Antártica y se evaluó su capacidad para biosintetizar QDs de CuInS₂. Un aislado que correspondía a *Filobasidium stepposum* fue capaz de sintetizar QDs de CuInS₂. Los QDs producidos por esta levadura presentaron propiedades espectroscópicas características de CuInS₂, determinándose un espectro de absorbancia con un peak a los 500 nm y una emisión de fluorescencia sobre los 650 nm. Además, mediante dispersión dinámica de la luz se determinó que las NPs tienen un tamaño promedio de 9 nm. Posteriormente se evaluó la fotoestabilidad de los QDs biosintetizadas y se comparó contra QDs de CuInS₂ sintetizadas químicamente. Se determinó que las nanopartículas biosintetizadas presentan mayor fotoestabilidad que aquellas sintetizadas químicamente; la emisión de fluorescencia se mantiene durante más de 7 días. Además, se evaluó la capacidad de las nanopartículas biosintetizadas de funcionar como fotosensibilizadores en celdas solares, siendo 10 veces mayor que una celda solar sin fotosensibilizar. Este trabajo es el primer reporte de biosíntesis de QDs de CuInS₂ por microorganismos, y abre la posibilidad de utilizar la biosíntesis para otros nanomateriales de cobre; dando una nueva alternativa para dar valor agregado al cobre.

Fondecyt 120087 (JMP-D) e INACH RT-25_16 (JMP-D)

Biosensores bacterianos para la detección de fucosa y ácido siálico

María José Barra¹, Daniel Garrido¹, Tal Danino².

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Ingeniería Química y Bioprocesos, Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile (2) Columbia University, Biomedical Engineering, 1210 Amsterdam Ave, New York, USA

Las glicosilaciones son altamente relevantes para la estructura y funcionamiento de diversos tipos de compuestos que afectan la salud humana. Pueden determinar el funcionamiento de las glicoproteínas relacionado a la comunicación celular, incluyendo diferenciación, crecimiento y apoptosis. Por otro lado, los oligosacáridos de leche materna también presentan glicosilaciones que pueden tener efectos protectores sobre la salud de los recién nacidos. Por ejemplo, pueden aportar a evitar la colonización de patógenos en el intestino y a desarrollar un sistema inmune fuerte. Dos de los monosacáridos terminales más abundantes e importantes presentes en las glicosilaciones son fucosa y ácido siálico. Determinar la presencia de estos azúcares terminales en compuestos de interés puede aportar información importante sobre el funcionamiento de estas moléculas. Sin embargo, actualmente, la cuantificación se basa en métodos complejos y/o de alto costo, incluyendo cromatografía, espectrometría de masa o kits de cuantificación. El objetivo de este trabajo es crear un método de detección de fucosa y ácido siálico rápido, sencillo y de bajo costo. Por lo tanto, la hipótesis de este trabajo es que *Escherichia coli* puede ser genéticamente modificada para detectar fucosa y ácido siálico y producir una proteína fluorescente verde (GFP) como respuesta a su detección, actuando como biosensor. Los biosensores se crearon en diferentes plásmidos utilizando promotores del genoma de *E. coli* K-12 MG1655 con Gibson Assembly o con enzimas de restricción. Se crecieron las bacterias transformadas con los plásmidos modificados bajo diferentes concentraciones de los azúcares correspondientes y se cuantificó la producción de GFP mediante lecturas de fluorescencia. Para el biosensor de fucosa, se observó una relación positiva y aproximadamente lineal entre la concentración de la azúcar y la producción de GFP entre 0-30 mM de fucosa. Para el sensor de ácido siálico, se observaron resultados similares pero entre 0-90 M de ácido siálico. Se puede concluir que los biosensores pueden detectar un rango de concentraciones fisiológicamente relevantes y actualmente llegan a concentraciones de saturación.

The Clover Ingeniería 2030 - Seed fund 2018ANID - Beca Nacional de Magíster 2020

Costras biológicas del suelo como ingenieros ecosistémicos en la Antártica

Andrea karime Barrera valenzuela¹, Ian S. Acuña-Rodríguez¹, Gabriel I. Ballesteros¹, Marco A. Molina-Montenegro¹.

(1) Universidad de Talca, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Avda. Lircay s/n, Talca, Chile.

A través de su efecto sobre la estructura y composición bioquímica del suelo, las Costras Biológicas del Suelo (CBS) constituyen un elemento ecológico fundamental en los ecosistemas áridos del mundo. En estos ambientes, estas comunidades pioneras pueden constituir un claro ejemplo de ingenieros de ecosistemas, mejorando las propiedades del suelo, que podría tener un efecto directo en la flora acompañante. En este estudio se describió la composición de las CBS de la Antártica Marítima y se evaluó su efecto sobre la aptitud de *Colobanthus quitensis*, planta vascular nativa de la Antártica, que se observa con frecuencia creciendo dentro de algunas CBS. En este contexto, caracterizamos mediante secuenciación metagenómica la composición y diversidad de la comunidad de la corteza del suelo de la costa oeste de Admiralty Bay en la isla King George, y estimamos el efecto de las CBS en varias propiedades del suelo como: retención de agua, contenido de nutrientes (N, P, K) y (actividad enzimática). De manera complementaria, también cuantificamos el efecto de CBS al desempeño y desarrollo de *C. quitensis*, a través de diferentes proxies de aptitud: rendimiento fotosintético (Fv/Fm), contenido de nutrientes foliares, ganancia de biomasa (g) e inversión reproductiva (número de flores) entre individuos que crecieron con y sin la influencia de CBS. Nuestros resultados revelaron una alta diversidad de procariotas en estas comunidades del suelo, con dominancia de proteobacterias (43,18%), cianobacterias (16,2%) y actinobacterias (12,5%). Además, observamos que en comparación con los suelos control, en los suelos donde las CBS estaban presentes se observó un aumento significativo en la retención de agua, niveles de nutrientes (N, P y K) y actividades enzimáticas (Ureasa, Deshidrogenasa y B-glucosidasa). Con respecto al efecto de CBS sobre *C. quitensis*, pudimos evidenciar que los niveles de Fv/Fm, contenido de nutrientes foliares (N y K), biomasa total y número de flores, fueron significativamente mayores en plantas en presencia de CBS. Concluimos que la presencia de CBS en suelos antárticos es un elemento clave para diversos procesos bioquímicos que pueden dinamizar el desarrollo edáfico y que esta mejora ejerce un impacto directo en el desarrollo de la flora acompañante.

Este estudio fue financiado gracias a proyecto INACH DT_20-18 y beca Doctoral CONICYT 21191647.

Aislamiento de Actinobacterias de géneros raros a partir de ambientes antárticos

Leticia Ximena Barrientos Díaz^{1,2}, Damian Quezada-Solis¹, Kattia Nuñez-Montero^{1,2,3}, Andrés Santos^{1,2}, Rodrigo Salazar^{1,2}, Claudia Troncoso^{1,2}, Catalina Hoffmann¹, Damaris Melivilu¹, Carolina Ponce¹, Catalina Leal¹.

(1) Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Medicina, Avenida Alemania 0458, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO), Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(3) Instituto Tecnológico de Costa Rica, Centro de Investigación en Biotecnología, Cartago 30101, Cartago, Costa Rica

Las actinobacterias son uno de los grupos más importantes y eficientes en la producción de metabolitos bioactivos. Actualmente, los descubrimientos de nuevos compuestos se están centrando en actinobacterias no-*Streptomyces* o raras, cuya característica principal es la dificultad en su aislamiento. Por otro lado, en el territorio antártico, los microorganismos se han visto obligados a desarrollar estrategias para sobrevivir las condiciones ambientales extremas que podrían significar la producción de compuestos nuevos y poco explorados. De esta forma el objetivo de este trabajo fue evaluar tratamientos que permitan el aislamiento de géneros raros de actinobacterias desde varios ambientes antárticos, para establecer una colección de bacterias poco estudiadas. Diez muestras de la Península Antártica, incluyendo sedimentos, suelos y agua marina, se incubaron a 100°C durante una hora, seguido por tres tratamientos químicos distintos (fenol 1,5%, SDS 0,05% y cloramina-T 1,0%) durante 30 minutos, para la selección de géneros raros de actinobacterias. El cultivo se realizó en medios R2A y agar suelo entre 10 a 60 días. Los aislamientos fueron identificados mediante amplificación, secuenciación del gen 16S rRNA y asignación taxonómica por similitud utilizando la herramienta BLAST. Adicionalmente, se realizó un análisis filogenético mediante la construcción de un árbol de máxima verosimilitud. Con estos tratamientos fue posible aislar 36 cepas bacterianas, de las cuales se identificaron actinobacterias de familias previamente reportadas como raras, entre ellas, *Lapillicoccus* (Intrasporangiaceae), *Janibacter* (Intrasporangiaceae), *Allobranchiibius* (Dermacoccaceae) y *Kribbella* (Nocardoidaceae). Este estudio confirma la efectividad del uso de pretratamientos físicos y químicos para el aislamiento selectivo de actinobacterias de géneros raros. El posterior estudio de los compuestos bioactivos confirmará el potencial biotecnológico de esta colección bacteriana.

INACH RT_14-12; DI17-0116 y DI20-2018 Dirección de Investigación, UFRO; NEXER (NXR17-0003); Becas Doctorales CONICYT- PFCHA/Doctorado Nacional 2017-21170263 (KNM), 2017-21171392 (AS) y 2017-21171513 (CT).

Perfil de resistencia y caracterización genómica de cepas de *Leclercia adecarboxylata* aisladas durante un brote de IAAS en México

Edwin Barrios Villa¹, Ivan de Jesús Asencio Montiel², Margot González Leon², Rodolfo del Campo Ortega², Concepción Grajales Muñiz³, Teresita Rojas Mendoza³, Clara Esperanza Santacruz Tinoco³, Julio Elias Allanado Yaah³, Bernardo Martínez Miguel³, Francisco Javier Gaytan Cervantes⁵, Carolina González Torres⁵, Joaquín González Ibarra⁴, Francisco Javier Torres López⁷, Haydeé Rosas Vargas Cervantes⁶, César Raúl González Bonilla⁴, Rosa del Carmen Rocha Gracia⁸. (1) Universidad de Sonora, URN, campus Caborca, Departamento de Ciencias Químico Biológicas y Agropecuarias, Laboratorio de Biología Molecular y Genómica de Microorganismos de Interés Clínico y Económico, Universidad e Irigoyen SN, Caborca, Sonora, México. (2) Instituto Mexicano del Seguro Social, Coordinación de Vigilancia Epidemiológica, México. (3) Instituto Mexicano del Seguro Social, Coordinación de Control Técnico de Insumos, México. (4) Instituto Mexicano del Seguro Social, Coordinación de Investigación en Salud, México. (5) Instituto Mexicano del Seguro Social, Laboratorio de Secuenciación, México. (6) Instituto Mexicano del Seguro Social, Unidad de Investigación en Genética Humana, México. (7) Instituto Mexicano del Seguro Social, Unidad de Investigación en Enfermedades Infecciosas y Parasitarias, México. (8) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Posgrado en Microbiología, Laboratorio de Microbiología Hospitalaria y de la Comunidad, Puebla, México.

Introducción. *Leclercia adecarboxylata* es un bacilo gram negativo, miembro de la familia de los Enterobacterales, raramente ocasiona infecciones en humanos, principalmente en pacientes inmunocomprometidos. Es un microorganismo oportunista que puede aislarse de sangre, heces, orina, líquido peritoneal y pus. Frecuentemente se identifica equivocadamente como *Escherichia coli* debido a sus características bioquímicas. Las cepas de *L. adecarboxylata* son comúnmente susceptibles a los antibióticos, aunque hay reportes que indican resistencia a betalactámicos. En este estudio describimos 16 cepas de *L. adecarboxylata* aisladas durante un brote de Infecciones Asociadas a la Atención de la Salud en un Hospital público en México. **Objetivo.** Caracterizar 16 cepas de *L. adecarboxylata* aisladas durante un brote de IAAS en dos hospitales de México mediante secuenciación genómica y resistotipo. **Métodos.** Las cepas fueron aisladas en medios convencionales de cultivo como agar MacConkey y EMB, posteriormente identificadas mediante pruebas bioquímicas, adicionalmente se realizaron pruebas de PCR convencional utilizando los genes *ybbW* y *uidA* específicos de *E. coli*. Se realizaron pruebas fenotípicas de resistencia a los antimicrobianos por Kirby Bauer de acuerdo con los criterios del CLSI 2019. Se extrajo el DNA mediante un kit comercial y se sometió a secuenciación masiva mediante secuenciación con Illumina Miseq con adaptadores Nextera xt, las lecturas obtenidas se ensamblaron utilizando las herramientas SPAdes y Velvet a una profundidad de 10x y anotados utilizando las herramientas PROKKA y Rast. De igual manera, se realizó el análisis filogenético mediante Máxima Verosimilitud (ML) mediante el software VAMPhyre. **Resultados.** Las 16 cepas fueron multidrogo resistentes y el análisis genómico demostró la presencia de genes de resistencia a colistina, betalactámicos, sulfonamidas, aminoglucósidos, trimetoprim, cloranfenicol, quinolonas y bombas de expulsión de carbapenémicos. Los 16 genomas tienen en promedio 5.4 Mpbs y un contenido de G+C de aproximadamente el 55% y el análisis filogenético sugiere una relación clonal indicando un brote epidémico a pesar de ser obtenidas en instituciones diferentes. **Conclusiones.** Cepas comensales de *L. adecarboxylata* pueden adquirir determinantes de resistencia que, de co-ocurrir con factores de virulencia, pueden representar un riesgo patogénico y terapéutico en la atención de los pacientes que cursen con una infección por dichos microorganismos.

FIS/IMSS/PROY/LABSE

Geomicrobiología en los Montes Ellsworth, Antártica: interacción entre microorganismos y rocas como estrategia de supervivencia en este ambiente hiper-extremo

Nicolás Bruna¹, Matias Vargas-Reyes¹, Claudio Navarro¹, Carolina P. Quezada^{1,2}, Giovanna Anziani-Ostuni¹, Mauricio Calderón³, Francisco Fuentes⁴, José M. Pérez-Donoso¹.

(1) BioNanotechnology and Microbiology Lab, Center for Bioinformatics and Integrative Biology (CBIB), Universidad Andrés Bello, Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile

(2) Centro Integrativo de Biología y Química Aplicada (CIBQA), Universidad Bernardo O'Higgins, General Gana 1702, CP 8370993, Santiago, Chile

(3) Carrera de Geología, Universidad Andrés Bello, Facultad de Ingeniería, Sazie 2119, Santiago, Chile

(4) Carrera de Geología, Universidad Central, Facultad de Ingeniería, Santiago, Chile

Los Montes Ellsworth son el cordón montañoso de mayor altitud en el continente antártico, presenta temperaturas bajo el punto de congelación del agua durante todo el año y alta radiación UV en los meses de verano. En este lugar, a tan solo 1000 km del Polo Sur, se encuentran las montañas llamadas Elephant Head, Rossman Cove y Charles Peak. Estos sitios son geográficamente cercanos, sin embargo, presentan diferencias a nivel microbiológico y geológico. Se analizó la composición mineralógica, estructural y elemental de muestras de suelo de Elephant Head. El análisis XRD reveló la presencia de calcita, dolomita y cuarzo, y el análisis elemental (SEM-EDS) reveló la presencia de O, Si, Ca, Al, K, Mg y Fe. Además, mediante microtomografía de rayos X (Micro-CT) determinamos que las rocas de este sitio tienen mayor porosidad que las que se encuentran en Rossman Cove y Charles Peak. Las muestras presentaron muy bajos niveles de materia orgánica, con porcentajes de carbono y nitrógeno mucho menores que los reportados para otros sitios extremos en la Antártida, como los Valles Secos (zona de McMurdo). Adicionalmente, se determinó una concentración muy baja de ADN por gramo de suelo. Mediante metagenómica 16s identificamos los microorganismos presentes en las muestras de suelo de Elephant Head obtenidas durante dos expediciones (2017 y 2018). Los resultados obtenidos revelaron la presencia de cianobacterias (particularmente en muestras superficiales), resultado que permitió establecer posibles asociaciones entre el tipo de roca presente en Elephant Head y las comunidades microbianas. En este sentido, el cuarzo es un mineral traslúcido que permite el paso de la luz dentro de la roca y considerando su porosidad podría actuar como un refugio protegiendo a los microorganismos de condiciones ambientales hiper-extremas permitiendo un metabolismo impulsado por la luz mediado por cianobacterias. Finalmente, aislamos bacterias endolíticas a partir de estas muestras y actualmente estamos estudiando su potencial en procesos de biomineralización que nos permitan comprender la interacción mineral-bacteria. En particular, estudiamos la bioprecipitación de calcita y la generación de nanocristales metálicos.

Fondecyt 120087 e INACH RT-25_16.

Biomíneralización de litio: síntesis de nanopartículas de litio por *Pseudomonas rhodesiae* aislada desde el Salar de Atacama

Nicolás Bruna¹, Enzo Galliani¹, Poldie Oyarzún², Denisse Bravo³, Francisco Fuentes⁴, José M. Pérez-Donoso¹.

(1) Universidad Andrés Bello, BioNanotechnology and Microbiology Laboratory, Center for Bioinformatics and Integrative Biology (CBIB), Facultad de Ciencias de la Vida, Av. República # 330, Santiago, Chile

(2) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Análisis de Sólidos (LAS), Departamento de Ciencias Químicas, Facultad de Ciencias Exactas, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología Oral, Facultad de Odontología, Santiago, Chile

(4) Universidad Central, Carrera de Geología, Facultad de Ingeniería, Santiago, Chile

El Desierto de Atacama es considerado el desierto más árido del mundo, posee altos niveles de radiación ultravioleta y registra grandes diferencias de temperatura durante un mismo día. En este sitio con características extremas existen diversos Salares, algunos de los cuales son las fuentes de litio más importantes del mundo. Este metal es utilizado en la fabricación de grasas lubricantes, vidrios cerámicos y baterías recargables. El efecto del litio sobre las comunidades de microorganismos que habitan ambientes con altas concentraciones de este metal ha sido poco estudiado y hasta la fecha no se ha reportado la existencia de procesos de biomíneralización de Li. Las comunidades bacterianas que habitan el suelo del salar fueron caracterizadas mediante metagenómica 16S determinándose una alta abundancia de *Cellulomonas* sp., *Arcticibacter* sp., *Mucilaginibacter* sp. y *Pseudomonas* sp. Se evaluó la presencia de bacterias cultivables resistentes al litio y se aislaron tres cepas bacterianas capaces de crecer en presencia de altas concentraciones de LiCl (> 700 mM). La secuenciación de 16s de los aislados resistentes reveló que corresponden a *Pseudomonas rodhesiae*, *Planomicrobium koreense* y *Pseudomonas veronii*. Para evaluar la capacidad de estos aislados para producir nanomateriales de sulfuro de litio, se determinó la generación de sulfuro en presencia de cisteína. Se detectaron altos niveles de S²⁻ en los cultivos de *P. rodhesiae* y *P. veronii*. De estas bacterias, *P. rodhesiae* presentó una alta biomíneralización de nanomateriales que contienen sulfuro de litio al ser expuesta a sales de litio y cisteína. El análisis de microscopía electrónica de transmisión (TEM) de secciones ultrafinas de células de *P. rodhesiae* que biomíneralizan el litio reveló la presencia de materiales nanométricos dentro de las células. Estos nanomateriales fueron purificados y se determinó su tamaño y forma mediante TEM y dispersión dinámica de luz (DLS). El análisis de TEM reveló que *P. rodhesiae* produce nanopartículas esféricas con un tamaño promedio menor a 40 nm y el DLS evidenció un tamaño hidrodinámico cercano a 44,62 nm. En resumen, en este trabajo reportamos por primera vez la biosíntesis de nanopartículas de Li por bacterias resistentes a este metal aisladas desde el desierto de Atacama.

Fondecyt 120087 e INACH RT-25_16.

Evaluación del potencial antibacteriano de cuatro especies de la Familia Apocynaceae sobre bacterias de relevancia clínica

Oscar Ivan Camacho-Romero^{1,3}, Henry González-Torres^{2,4}, María Anaya-Torres¹, Luz Sánchez Ortiz¹, William Vallejo Lozada³.

(1) Universidad del Atlántico, Grupo de Investigación Fitoquímica (GIF-UdelA), Facultad de Química y Farmacia, Barranquilla, Colombia

(2) Universidad Simón Bolívar, Facultad de Ciencias de la Salud, Barranquilla, Colombia

(3) Universidad del Atlántico, Doctorado en Medicina Tropical, Facultad de Ciencias Básicas, Barranquilla, Colombia

(4) Universidad del Valle, Doctorado en Ciencias Biomédicas, Valle, Colombia

Introducción. Las plantas medicinales han sido utilizadas en el tratamiento de enfermedades infecciosas, y en la actualidad estas prácticas aún se mantienen desde la creencia popular por los beneficios otorgados a los especímenes vegetales. Es por ello, que existe la necesidad plantear las bases científicas que soporten la seguridad, efectividad y calidad de los productos a base de plantas medicinales. **Métodos.** Se realizó una caracterización del material vegetal de las especies de la familia Apocynaceae -*Plumeria rubra* (azucena), *Allamanda aubletii* (Jazmín de Cuba), *Thevetia peruviana* (cedrón) y *Catharanthus roseus* (cortejo)-, a partir de las cuales se obtuvieron los extractos etanólicos de las hojas utilizados para la evaluación de composición química cualitativa a través de marcha fitoquímica y la actividad antibacteriana por difusión de disco y concentración mínima inhibitoria (CMI) por microdilución frente a *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Staphylococcus aureus*. Se utilizaron pruebas no paramétricas como Kruskal Wallis con Statgraphics VIII. **Resultados.** Se identificaron rangos de cenizas entre 1,6% y 3,75%, lo que podría indicar altos contenidos de minerales, mientras que en su composición química todas las especies evidenciaron la presencia de alcaloides, saponinas, fenoles, esteroides y sesquiterpenos, se destaca la presencia de flavonoides en *C. roseus* y *A. aubletii*, lo cual muestra similitudes frente a lo mostrado en la literatura. Al evaluar la acción antibacteriana, se evidenció que los extractos etanólicos de *A. aubletii* presentó acción inhibitoria de 8.1 ± 0.25 mm y 3.2 ± 0.15 mm sobre *E. coli* y *S. aureus*, respectivamente. Para *C. roseus*, *P. rubra* y *T. peruviana* no se observó una respuesta significativa para *E. coli*, y todas estuvieron entre 0,2 y 1,8 mm de halo de inhibición para *K. pneumoniae* ($P = 0,014$) y *S. aureus* ($P = 0,022$) sin diferencias estadísticas ($P < 0,05$), lo cual mostraron una resistencia de las bacterias. Al analizar la CMI se observaron valores superiores a 2000 ppm. **Conclusión.** Se sugiere continuar evaluando la actividad antibacteriana en especies de la Familia Apocynaceae, y en otro tipo de bacterias de importancia clínica, debido al potencial presentado en los extractos vegetales; así como el aislamiento de los bioactivos causantes del efecto.

Agradecimiento al Departamento de Microbiología por el acompañamiento al estudio, y a la Facultad de Química y Farmacia de la Universidad del Atlántico por parte del financiamiento del presente trabajo de investigación.

Spatiotemporal variations and relationships of phosphorus, phosphomonoesterases and bacterial communities in sediments from two Chilean rivers during winter and summer seasons

Marco Campos^{1,2}, Joaquin Rilling^{1,2}, Jacqueline Acuña^{1,2}, Tamara Valenzuela^{1,2}, Milko Alberto Jorquera^{1,2}.

(1) Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada (EMALab), Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(2) Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN, Universidad de La Frontera, Temuco, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

Here, we studied the physicochemical properties, phosphorus (P) content, phosphomonoesterase (APase) [M₁] activity and bacterial APase genes (*phoD*, *phoC* and *phoX*) in river sediments (Imperial and Toltén rivers, Chile) collected in sampling points with less and higher degree of anthropogenic influence during summer and winter seasons. The richness, diversity, composition and predicted function of the bacterial communities in river sediments was also addressed using high-throughput sequencing of 16S rRNA genes. The spatiotemporal variations, relationships between P-associated parameters and bacterial communities, and putative microbial indicators were then determined and discussed. In general, our results showed spatiotemporal variations in river sediments, highlighting significant ($P < 0.01$) higher values of the T^o, Conductivity, total carbon (TC), total nitrogen (TN), P content (organic [Po] and inorganic [Pi] fractions), APase activity (acid [ACP] and alkaline [ALP] isoforms) and APase genes in sediments collected in summer and sampling points with higher anthropogenic influence. In contrast, significant ($P < 0.01$) higher richness, diversity and abundance of total bacteria (4.7×10^9 to 5.4×10^{12} 16S rRNA gene copy g⁻¹ sediment) were found in sediments collected in winter. Proteobacteria phylum (47.3 to 51.4 %) and heterotrophy (37.4 to 38.4%) were the most relatively abundant bacterial taxa and function predicted in sediment rivers, respectively. Our analysis coincidentally suggested the Coxiellaceae family (Proteobacteria) as keystone taxa for sediments in winter. The differentiation among winter and summer sediments were revealed by both principal component and principal coordinate analysis. The relationships between bacterial community and P-associated parameters (Pi, ALP, Po, *phoC*, ACP and *phoD*) were also confirmed by redundancy analysis (RDA). RDA also highlighted the positive relation between APase genes with Gemmataceae, Xanthomonadaceae and Chitinophagaceae families, and between APase activity and Po with Chromatiaceae and Desulfobacteraceae families. This study represents our first approach aimed to unravel the composition and relationship of bacterial community with the P recycling in sediments from Chilean rivers, which are threatened by anthropogenic activity and eutrophication.

National Fund for Scientific and Technological Development (FONDECYT) postdoc fellowship no. 3180198, FONDECYT project no. 1201386, International Cooperation Project Chile-USA (code REDES190079) and Chile-China (code NSFC190012) from National Research and Development Agency of Chile (ANID).

Evaluating the presence of putative human respiratory tract infection bacteria in air samples from Temuco city

Elizabeth Carrazana¹, Jacqueline Acuña^{1,2}, Milko Jorquera^{1,2}.

(1) Universidad de La Frontera, ¹Applied Microbial Ecology Laboratory, Departamento de Ciencias Químicas en Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, ²Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Francisco Salazar 1145 Casilla 54-D, Temuco, Chile

Aerosols harbor particles of biological origin, also called bioaerosols, which include live or dead microorganisms (bacteria and fungi), virus, microbial endotoxins, and fragments of plants, insects and animals. It is known that bioaerosols can cause various effects on human health, including respiratory tract infections (RTI). RTI are usually more severe in people exposed to high doses of air contamination by particulate matter that causes damage to the mucosa of the respiratory tract. However, although several Chilean cities (including Temuco) are currently placed at the top of the list of most polluted air cities in Latin America, the air quality monitoring does not include bioaerosols. The objective of this study is to detect the presence of putative human pathogenic bacteria of the respiratory tract in the air samples of the Temuco city. For this, the DNA was extracted from the air quality monitoring filters used at the Las Encinas station managed by the environmental regional office from the Environmental Ministry of Chile. The presence of bacteria in air samples was firstly determined by endpoint PCR to amplify 16S rRNA regions. Quantitative PCR (qPCR) was used with specific primer sets for *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Neisseria meningitidis*, *Streptococcus pyogenes* and *Novosphingobium* spp. In concordance with previous data done by sequencing of 16S rRNA genes, it was possible to detect the presence of bacterial origin DNA, as well as of the presence of members of *Novosphingobium* genus. However, the presence of specific RTI bacteria was not detected in the samples under our used protocol. Although the detection of these species was not possible, this study represents our first approach directed to the detection of RTI bacteria in outdoor and indoor air samples in Temuco city.

Establishment of a platform for evaluating the impact on health through integrated analysis of air pollution and bioaerosol (...). KAKENHI, 19KK0263 Seeds as reservoirs and carriers of plant growth-promoting bacteria for Chilean agriculture, FONDECYT 1201386, ANID.

Estudio de AT-RvD₁ como terapia farmacológica en la infección crónica con *T. cruzi*: modelo murino de Cardiomiopatía Chagásica Crónica

Ileana Carrillo Werner^{1,3}, Rayane Rabelo², Daniela Guzmán-Rivera¹, Fabiola González-Herrera¹, Helena Quintero¹, Fabiana S. Machado², Guillermo Díaz Araya³, Juan Diego Maya¹.

(1) Universidad de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina - Programa de Farmacología Molecular y Clínica, Santiago, Chile

(2) Universidad Federal de Minas Gerais, Bioquímica e Inmunología - Laboratorio de Enfermedades Infecciosas y Medicina Tropical., Instituto de Ciencias Biológicas, Belo Horizonte, Brasil

(3) Universidad de Chile, Departamento de Química Farmacológica y Toxicológica, Facultad de Ciencias químicas y farmacéuticas, Santiago, Chile

Introducción. La Cardiomiopatía chagásica crónica (CCC) es considerada la manifestación más frecuente y severa de la Enfermedad de Chagas (EC) crónica. Se caracteriza por infiltrados inflamatorios focalizados, hipertrofia y fibrosis que conllevan a anomalías en el sistema de conducción eléctrica y falla cardíaca. La inflamación crónica es el mayor determinante de la progresión de la CCC. Se ha demostrado que citoquinas proinflamatorias como TNF α e IFN γ contribuyen a la destrucción tisular cardíaca y pérdida de función progresiva. En la actualidad se requieren nuevas estrategias farmacológicas que tengan efectividad en reducir la progresión del daño cardíaco. AT-RvD₁, es un mediador proresolutivo de la inflamación, que además ha demostrado tener efectos antiinflamatorios mediante el receptor FPR2. En el presente trabajo se busca estudiar el efecto de AT-RvD₁, como estrategia terapéutica para prevenir el daño cardíaco producido por *T. cruzi* en la fase crónica de la EC. **Metodología:** Ratones C57Bl/6 WT y FPR2 -/- fueron infectados con 1000 tripomastigotes de la cepa Dm28c, de *T. cruzi*. Una vez alcanzado el día 40 post infección (p.i) se dió inicio a la administración diaria de AT-RvD₁ (5 μ g/kg), durante 20 días. Se realizaron electrocardiogramas de los grupos experimentales (25, 40 y 60 día p.i) para evaluar la conducción eléctrica cardíaca. Al día 60 p.i se realizó la eutanasia y la extracción del tejido cardíaco para su análisis. **Resultados:** Los ratones infectados con *T. cruzi* y tratados con AT-RvD₁ muestran una disminución significativa del infiltrado inflamatorio en tejido cardíaco, una menor expresión de citoquinas proinflamatorias como IFN γ , y un incremento de citoquinas antiinflamatorias como IL-10, con respecto a los ratones no tratados. Conjuntamente, el tratamiento con AT-RvD₁ previene la aparición de alteraciones electrocardiográficas, especialmente en el intervalo QT, siendo esta característica el principal hallazgo en la CCC en humanos y modelos experimentales. **Conclusión:** La administración de AT-RvD₁ durante la fase crónica temprana de la infección con *T. cruzi*, previene el daño en el tejido cardíaco generado por el infiltrado inflamatorio y citoquinas proinflamatorias, y a su vez, evita el desarrollo de las alteraciones en la conducción eléctrica cardíaca en el modelo murino experimental empleado.

Financiamiento: Proyectos FONDECYT N° 1170126 y N° 1170425

Efecto inhibitorio de derivados de cumarinas sobre *Helicobacter pylori* ATCC 43504 y sobre su α -anhidrasa carbónica recombinante

Romina Carvajal^{1,2}, Felipe Zúñiga², Edgar Pastene⁴, Julio Alarcón⁴, Valeska Ormazábal³, Apolinaria García¹.

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Víctor Lamas 1290, Barrio Universitario, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Víctor Lamas 1290, Barrio Universitario, Concepción, Chile

(3) Universidad de Concepción, Departamento de Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas, Víctor Lamas 1290, Barrio Universitario, Concepción, Chile

(4) Universidad del Bío-Bío, Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Avenida Andrés Bello 720, Chillán, Chile

Helicobacter pylori (Hp), es un patógeno Gram negativo que afecta a más del 50% de la población a nivel mundial, responsable de las distintas patologías gástricas que incluyen úlceras pépticas, adenocarcinoma gástrico y linfoma MALT. Pese a que existe un tratamiento para Hp, actualmente la OMS lo considera un patógeno de alta prioridad por su incremento progresivo a la resistencia antibiótica. Es por esto, que se necesita de manera urgente identificar nuevos blancos farmacológicos que permitan afectar la viabilidad de esta bacteria. La anhidrasa carbónica (AC, EC 4.2.1.1) es un blanco importante para Hp, ya que participa en neutralizar el pH ácido del estómago humano, por lo tanto, es clave para su supervivencia. Se ha descrito que derivados de cumarinas poseen la capacidad de inhibir la AC, además, de presentar una fuerte actividad antibacteriana. Es por esto, que el objetivo de este trabajo fue clonar y caracterizar la anhidrasa carbónica proveniente de la cepa Hp ATCC 43504 altamente virulenta y determinar los efectos de los derivados de cumarinas sobre la proteína recombinante y sobre la viabilidad bacteriana. Para ello se clonó la α -AC, se expresó en línea celular HEK 293 y se purificó para ser caracterizada por actividad esterasa y protonografía. Se determinó el efecto de los derivados de cumarinas sobre la proteína recombinante mediante actividad esterasa y sobre la viabilidad de Hp, determinando su CMI y CMB. Como resultados se obtuvo una α -AC de Hp recombinante funcional de 50 kDa que forma un dímero en solución. Está estrechamente relacionada con la cepa F78 teniendo un 99.1% de identidad con 2 aminoácidos distintos. Se determinó su actividad enzimática y se obtuvieron parámetros cinéticos con una V_{max} de 4,8 nmol/min, K_m de 8,6 mM y de K_{cat} de $1,25 \times 10^5 s^{-1}$. Respectos a las cumarinas estudiadas, seis mostraron actividad contra Hp con rangos de CMI que iban desde los 125 $\mu g/mL$ a 15 $\mu g/mL$, siendo 6-hidroxi-4-propilcumarina el compuesto más activo sobre Hp y 4-hidroxycumarina sobre la α -AC recombinante. La caracterización de esta AC y la determinación de los efectos de las cumarinas, las hace candidatas potenciales para la erradicación de Hp.

Agradecimientos: Proyecto FONDECYT 1150948.

Un modelo matemático unificado del crecimiento e inhibición bacteriano: efectos de la temperatura, el nivel de pH y uso de bacteriocinas

Benjamín Castillo¹, Luis Pastenes¹, Fernando Córdova¹.

(1) Universidad Católica del Maule, Doctorado en Modelamiento Matemático Aplicado, Facultad de Ciencias, San Miguel, Avenida San Miguel 3605, Talca, Chile

El crecimiento e inhibición bacteriana es consecuencia de los efectos de competencia intra e inter-específica, los cambios en las condiciones del medio o la intervención del ser humano. Este fenómeno, es de gran interés en la preparación de alimentos, industria alimentaria, reutilización de insumos médicos, entre otros contextos. El conocimiento del impacto de diversos métodos de control microbiano, otorga los insumos necesarios para su utilización sin presentar un riesgo para la salud humana. Para dar respuesta a esta necesidad, existen diversos modelos matemáticos y estadísticos que la literatura científica ha estimado conveniente, sin embargo, el problema de muchos de esos casos de modelación es la replicabilidad, ya que se suele describir situaciones muy precisas, por lo que los parámetros estimados están sujetos dichas circunstancias. Se postula un modelo unificado tridimensional mediante un sistema de ecuaciones diferenciales para el crecimiento bacteriano (i.e., modelo logístico adaptado), la concentración de bacteriocinas y el nivel de pH (i.e., modelos cinéticos de Luedeking-Piret modificados). Estas tres dimensiones, están siendo influenciadas por la temperatura del medio en todo momento. De manera complementaria, un análisis estocástico describe la sensibilidad de sus parámetros. La unificación de distintos modelos matemáticos de crecimiento bacteriano permite obtener un modelo que si bien puede ser extenso, provee de herramientas trascendentes de aplicación. Los principales resultados obtenidos a raíz del análisis y simulaciones del modelo matemático, fue descubrir que a temperaturas bajas, si bien, se logra frenar el crecimiento bacteriano, la inhibición completa necesita de temperaturas inferiores a 0 °C, de manera antagonista, temperaturas altas aceleran el crecimiento bacteriano. En otro aspecto, el uso y eficiencia de bacteriocinas son una alternativa eficaz en el corto y mediano plazo. Más aún, un indicador del crecimiento bacteriano es un nivel de pH bajo. Por último, los tiempos de procesamiento son un factor secundario de preocupación cuando se controlan el resto de factores. El presente estudio genera un insumo logístico con un amplio espectro de aplicación, logrando replicar la dinámica de crecimiento e inhibición bacteriana para diversos escenarios. Los métodos de control bacteriano pueden ser simulados y analizados aún antes de ser implementados en situaciones realistas.

Agradecemos a la Línea de Análisis Epidemiológico del programa de Doctorado en Modelamiento Matemático Aplicado, Universidad Católica del Maule, Chile.

Composition, structure and functional insights of poly-extremophilic bacterial communities along a saline/arsenic gradient in Salar de Huasco – Chilean Altiplano

Juan Pablo Castro Severyn¹, Coral Pardo Esté², Francisco Remonsellez^{1,3}, Eduardo Castro-Nallar⁴, Claudia Saavedra S².

(1) Universidad Católica del Norte, Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Facultad de Ingeniería y Ciencias Geológicas, Antofagasta, Chile

(2) Universidad Andres Bello, Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

(3) Universidad Católica del Norte, Centro de Investigación Tecnológica del Agua en el Desierto-CEITSAZA, Antofagasta, Chile

(4) Universidad Andrés Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology-CBIB, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

Polyextremophilic bacteria can thrive in environments with multiple stressors, where they are exposed to low atmospheric pressure, high UV radiation, high salinity, wide temperature ranges and the presence of toxic compounds like arsenic (As). Specifically, Salar de Huasco (SH) is one of those poly-extreme habitats where very particular bacterial communities can be found thriving under this high abiotic pressures. Hence, we aimed to shed light on the effects of arsenic and salinity over the bacterial community composition and structure of five different SH sites. Also, we addressed their functional potential as well as the distribution and abundance of genes related to abiotic stress resistance, especially As metabolism, osmotic and global stress tolerance. Furthermore, starting from sediment samples from each SH site within gradient of As (9 to 321 mg/kg) and a wide salinity range (2.2 to 84.5 %), we carried out a shotgun metagenomic approach. Our results showed a clear dominance exerted by the Proteobacteria and Bacteroidetes phyla (in different proportions) over the composition of the sampled communities. Interestingly, the phyla Cyanobacteria, Chloroflexi and Acidobacteria showed a highly variable distribution among the five communities. On the other hand, their functional potential showed convergent patterns, contrasting with their great taxonomic composition variability. Besides, the distribution and abundance of stress response genes roughly showed no differences. However, those related to arsenic do show differences, increasing their presence and abundance following the As gradient. In particular, approximately 60% of the detected sequences for As metabolism belong to expulsion mechanism, being *arsJ* and *arsP* apparently related to sites with higher As concentrations. Additionally, As respiration mechanism was the one which presented the most variation among the sites. Moreover, this diversity is also reflected in 7 high-quality reconstructed MAGs (Metagenome Assembled Genome), displaying photosynthetic, anoxic, nitrogen fixation and sulfur reduction traits; which belong to the Cyanobacteria (1), Chlorobi (1), Bacteroidetes (2) and Proteobacteria (3) phyla. To conclude, SH communities are diverse and adapted/shaped to bear a broad genetic repertoire and strategies to physiologically overcome these challenging conditions, among which As pressure could be driving these processes.

ANID-FONDECYT regular 1160315, ECOS-ANID 170023 Universidad Andres Bello Núcleo DI-3-17/N. ANID 2015 National Doctoral Fellowship. UCN 2020 Postdoctoral Fellowship.

Inactivación térmica de *Escherichia coli* en jugo mezcla zanahoria-naranja adicionado con los antimicrobianos naturales vainillina y citral emulsionado

Cielo Char¹, Eva Orizano¹, Cecilia Hernando¹.

(1) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología Aplicada, Departamento de Ciencias de los Alimentos y Tecnología Química, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Independencia, Santiago, Chile

En los últimos años han aumentado los brotes de enfermedades transmitidas por los alimentos (ETA) asociadas al consumo de vegetales, frutas y jugos no pasteurizados. Los patógenos involucrados incluyen *Escherichia coli* O157:H7 y *Salmonella* sp, entre otros. Los tratamientos de preservación de jugos deben reducir la carga del microorganismo pertinente por al menos 5 ciclos logarítmicos (FDA). Sin embargo, los tratamientos térmicos tradicionales inducen cambios químicos y físicos que deterioran las propiedades sensoriales y degradan los compuestos bioactivos de los jugos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la efectividad de procesos mínimos para inactivar *E. coli* en jugos mezcla zanahoria-naranja (1:1). Se estudió el efecto individual y combinaciones de procesos térmicos suaves (58 y 60 °C), vainillina (V; 0,8 y 1,0 g/L) y citral emulsionado (C; 0,0125 y 0,0250 mL/L). Se modelaron las curvas de supervivencia de *E. coli* y se obtuvieron las distribuciones de resistencia de Weibull para seleccionar los tratamientos más efectivos, los cuales fueron validados utilizando una cepa patógena (*E. coli* O157:H7) y mediante un estudio de estabilidad microbiológica del jugo almacenado a 4°C. Las combinaciones antimicrobiano-temperatura presentaron un efecto aditivo/sinérgico, respecto de los controles individuales, con una inactivación de *E. coli* entre 4,0 y 4,7 ciclos log adicionales para los tratamientos con V + C a 58 y 60°C, respectivamente. El parámetro de Weibull "b" (grado de inactivación) presentó valores entre 0,34 y 4,29. Este parámetro permitió analizar las cinéticas de inactivación no lineales, resultando los tratamientos más efectivos aquellos con 1 g/L V + 0,0125 mL/L C tanto a 58 como a 60°C. Los tratamientos seleccionados inactivaron la cepa patógena y el estudio de estabilidad demostró que durante el almacenamiento refrigerado los recuentos de aerobios mesófilos, *E. coli* y hongos y levaduras se encontraron en niveles aceptables durante los 21 días del ensayo; mientras que el control superó los límites permitidos al tercer día. En conclusión, la adición de los antimicrobianos naturales vainillina y citral emulsionado permitió reducir la severidad de los tratamientos térmicos, provocando un efecto sinérgico que superó los 5 ciclos logarítmicos de inactivación requeridos, minimizando la pérdida de calidad del jugo.

Proyecto FONDECYT de Iniciación n° 11121548.

El sensor quinasa híbrido BarA de *Salmonella Typhimurium* participa en la respuesta a estrés oxidativo generado por hipoclorito de sodio (NaOCl)

Agustín Cofré¹, Carolina Cabezas², Diego Lorca¹, Gabriel Krüger¹, Coral Pardo-Esté¹, Claudia Saavedra¹.

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile

(2) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, República 440, Santiago, Chile

Salmonella Typhimurium es una bacteria gram negativa anaerobia facultativa capaz de infectar humanos y generar salmonelosis, ingresando al organismo por medio de aguas y alimentos contaminados. *Salmonella* al ingresar al organismo y penetrar el intestino se encuentra con los neutrófilos y macrófagos que la fagocitarán para facilitar su eliminación por medio de distintos tipos de estrés. El estrés oxidativo se genera por las especies reactivas de oxígeno (ERO), tales como, peróxido de hidrógeno (H₂O₂), anión hidroxilo (OH^o), superóxido (O⁻) e hipoclorito (OCl⁻), las que pueden interactuar con distintos componentes celulares, dañando a la bacteria, llevando a su destrucción y eliminación. Los sistemas de dos componentes (SDC) cumplen un rol clave para la adaptación y sobrevivencia de las bacterias a las distintas condiciones. El SDC ArcAB se activa y modula la expresión de diversos genes cuando la bacteria está en condiciones de estrés oxidativo. No obstante, se ha observado que los sistemas presentan comunicación entre sí y que la similitud estructural puede jugar un rol clave en este proceso. El sensor BarA se ha observado que responde a estrés por H₂O₂ y tiene alta similitud estructural con el sensor ArcB, por lo que postulamos que BarA responde en conjunto con el factor transcripcional ArcA en condiciones de estrés generado por hipoclorito de sodio. Determinamos, por medio de unidades formadoras de colonias, acumulación de ERO e NaOCl una disminución de la viabilidad de *Salmonella* cuando se enfrenta a 1,0075 mM de NaOCl. En esta condición, ERO e NaOCl se acumulan más en *Salmonella* cuando hay ausencia del sensor BarA. Además, por medio de q-PCR y Western blot se determinó en esta condición un incremento en la expresión relativa del gen barA y en la síntesis de la proteína BarA, respectivamente. Finalmente se llevó a cabo un ensayo de fosforilación utilizando el compuesto Phos-tag[®] in vivo y aunque se logró observar que BarA interacciona con ArcA no logramos determinarlo de manera concluyente. Por lo tanto, BarA es requerido por *Salmonella* para sobrevivir a condiciones de estrés oxidativo generado por hipoclorito de sodio.

Este trabajo fue dirigido por la Dra. Claudia Saavedra y financiado por el proyecto Fondecyt N°1160315

Actividad inhibitoria de bacteriocinas y otros productos metabólicos de cepas de *Lactobacillus plantarum* autóctonos sobre cepas de *Helicobacter pylori* resistentes a antibióticos

María Paz Díaz-Pizarro¹, José Cortés-Valdivia¹, Alberto Cuevas¹, **Dagianna González¹**, Nicole Urriola-Urriola¹.
(1) Laboratorio de Microbiología y Parasitología, Departamento de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.

Helicobacter pylori, constituye una de las infecciones crónicas más prevalentes, afectando al 50% de la población mundial y hasta un 90% en países subdesarrollados. Este patógeno se encuentra relacionado con enfermedades gastrointestinales graves y con el tiempo ha mostrado un aumento de la resistencia a antibióticos, siendo la principal causa del fracaso en la erradicación de la infección. El objetivo de este estudio es detectar la actividad anti- *Helicobacter pylori* de nueve cepas de *Lactobacillus plantarum* autóctonos de la región de Coquimbo, determinando si esta inhibición de crecimiento se debe a la presencia de bacteriocinas. Se probaron tres tratamientos con 9 cepas de *L. plantarum*, caldo con células, sobrenadante y sobrenadante filtrado, observando la inhibición de crecimiento sobre tres cepas de *H. pylori* cag (+), *H. pylori* 43504, *H. pylori* J99, *H. pylori* G27 y una cepa de origen clínico *H. pylori* O. C. 565. Se seleccionaron las cuatro cepas de *Lactobacillus plantarum* que presentaron los halos de inhibición de crecimiento mayores o iguales a 6 mm (A1; V2; M8 y M12) y se probaron 9 tratamientos, caldo con células y sobrenadante libre de células y sobrenadante filtrado, los cuales fueron neutralizados a pH 7,0 y tratado con proteinasa K (1 mg/ml). Las cuatro cepas de *L. plantarum* ejercieron inhibición contra *H. pylori*, no presentando diferencias significativas entre ellas, mientras que los halos de inhibición de crecimiento para los tratamientos de caldo con células, sobrenadante y sobrenadante filtrado fluctuaron entre 6 mm y 9 mm. Las cuatro cepas de *L. plantarum* probadas produjeron sustancias inhibitorias de crecimiento similares a bacteriocinas, lo cual pudo ser observado al tratar el sobrenadante y sobrenadante filtrado con proteinasa K, de igual forma al neutralizar los ácidos estos presentaron inhibición de crecimiento, por lo cual existe otro compuesto orgánico que inhibe el crecimiento de *H. pylori*, como es el peróxido de hidrógeno. De esta forma, las cuatro cepas de *Lactobacillus plantarum* autóctonas probadas contra cepas de *H. pylori* podrían ser utilizadas como tratamiento profiláctico o adyuvante al tratamiento farmacológico administrado a pacientes infectados por este patógeno, incluso en pacientes con cepas resistentes a antibióticos.

Autofinanciado

Similarity networks to bioprospect antimicrobial compounds from marine actinobacteria

Andrés Cumsille Montesinos¹, Matt Woolery¹, Fernando Reyes², Beatriz Cámara¹.

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química y Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Bari 699, Valparaíso, Chile

(2) Fundación MEDINA, Centro de Excelencia en Investigación de Medicamentos Innovadores en Andalucía, Avenida del Conocimiento, 34 Parque Tecnológico de Ciencias de la Salud, Granada, España

There is an urgent need to discover novel antimicrobial compounds to cope with current and future antibiotic-resistant strains. Since the last decades, bioprospection strategies have led to the rediscovery of already known compounds instead of discovering new ones, therefore the use of different strategies to prioritize and identify novel compounds is fundamental. This work uses novel bioprospection approaches, incorporating analytics, bioinformatics, and microbiology to discover antimicrobial compounds of actinobacteria from Chilean marine environments. From an actinobacterial collection, some strains were selected for fermentations and the following crude extracts were assessed for antimicrobial activity. Among this collection, strain *Streptomyces* sp. VS₄-2 isolated from the Valparaíso Bay is selected for having antibacterial activity against antibiotic-resistant clinical pathogens. Molecular masses from metabolites present in an active crude extract of this strain were compared to databases, showing the potential to present novel antimicrobial metabolite(s). To evaluate the nature of this compound, a molecular network from tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) data was performed to compare the fragmentation pattern of the metabolite present in the crude extract of this strain with other fragmentation patterns from public datasets. Similar fragmentation patterns group together in molecular families in this network, facilitating the annotation and the prioritization of novel metabolites. Later, to gain better insights into the mentioned metabolite, the genome of the strain VS₄-2 was sequenced, assembled, and the biosynthetic gene clusters (BGCs) were predicted to construct a BGCs network. This network groups different known and unknown BGCs by sequence similarity into gene cluster families, providing a powerful visualization tool to better understand the nature and the possible products of the BGCs of strain VS₄-2. Both similarity networks highlight the potential of this strain to produce a novel antimicrobial compound, therefore remarking the need to purify this compound to determine its structure and antimicrobial potential. This work shows the genetic and metabolic potential of marine Chilean bacteria to produce novel antimicrobial compounds.

Proyecto Fondecyt regular 1171555, CONICYT PIA GAMBIO Proyecto Anillo N° ACT172128, beca de doctorado ANID N° 21191625 y programa de Incentivos a la Iniciación Científica de la Dirección de Postgrado y Programas de la UTFSM

Identificación de *Lactobacillus rhamnosus*, *Lb. fermentum*, *Lb. plantarum* en leche bronca de vaca y queso Poro Balancán, México

María Concepción De la Cruz-Leyva¹, Lázaro de la Torres-Gutiérrez¹, Rosalva Pérez-Morales², Jessica Jossé Pérez Palma¹, Karla Susana Escalante-Herrera³, José Ulises González-de la Cruz¹.

(1) Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, División Académica Multidisciplinaria de los Ríos, Carrtera Tenosique-Estapilla Km 1, Tenosique Tabasco, México

(2) Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD), Microbiología, CONACYT, Carretera a la Victoria Km 0.6 CP 83000, Hermosillo Sonora, México

(3) Universidad Nacional Autónoma de México, Unidad Multidisciplinaria de Docencia e Investigación del SISAL Depto. de Manejo de Zonas Costeras, Sisal Puerto de Abrigo s/n CP 97356, Sisal Yucatán, México.

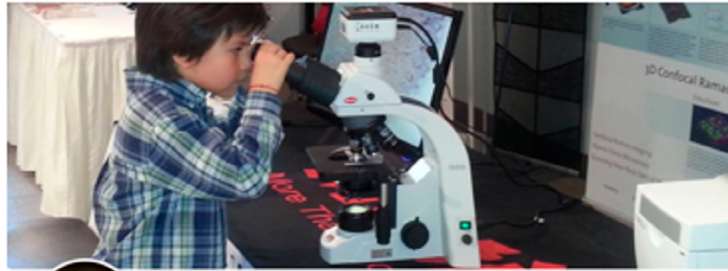
El sabor y aroma de los quesos se debe a una diversidad de compuestos como: ácido láctico, ácido acético, etanol, CO₂, benzoato, diacetilo, entre otros, que son sintetizados por bacterias ácido-lácticas que actúan durante el cuajado de la leche y maduración de los mismos. Estos compuestos varían según las cepas bacterianas nativas presentes o utilizadas para fermentar cada tipo de queso. En este sentido, el queso Poro Balancán tiene alrededor de 30 % de humedad, acidificado por 7 días en almacenamiento en anaqueles de madera después del salado en superficie. Se elabora con leche sin pasteurizar, por lo que no se garantiza su inocuidad. Por lo anterior, el presente tuvo el objetivo de identificar bacterias ácido-lácticas nativas de la leche bronca de vaca y queso Poro Balancán distribuido en Tenosique, Tabasco, México. El aislamiento de las bacterias lácticas (BAL) en las muestras de interés se llevó a cabo sobre agar MRS, LBS y M17 estéril. Las cepas aisladas fueron caracterizadas por morfología, tinción de Gram, pruebas bioquímicas y habilidad para crecer a diferentes concentraciones de cloruro de sodio (NaCl) y pH. La identificación genética de las cepas aisladas inició de la extracción del ADN con un sistema comercial, amplificación del gen ARN ribosomal 16S con cebadores universales para bacterias. Los fragmentos de ADN amplificados se secuenciaron en un laboratorio externo. Entre las cepas bacterianas aisladas (80) y caracterizadas con técnicas de cultivo tradicional, fue posible identificar genéticamente 31 BAL donde 38.71 % eran *Lactobacillus rhamnosus*, 29.03 % *L. fermentum* y 6.45 % fueron *L. plantarum* en muestras de leche y queso Poro. Las BAL han sido reportadas por sus características biotecnológicas y por su potencial como cultivo iniciador. Así que, estos resultados son importantes para continuar con un estudio para la estabilización de un cultivo iniciador, que pueda ser propuesto para elaborar el queso Poro con leche pasteurizada, sin que pierda sus características organolépticas que agradan a los consumidores y con la posibilidad de que cumpla con las especificaciones de inocuidad. Palabras clave: bacterias ácido-lácticas, identificación genética, queso Poro.

Los autores agradecen al Programa de Mejoramiento del Profesorado-Secretaría de Educación Pública (PROMEP-SEP) del gobierno mexicano (2018-2019) por su apoyo financiero.

GENE X PRESS

Life Science Business

Somos una compañía Chilena fundada en el año 2001.
Nos dedicamos a la distribución de productos en las áreas de investigación científica y biotecnológica con cobertura nacional.



Gene X-Press
Empresa de biotecnología

GENE X PRESS
Life Science Business



MoticEasyScan

THE PERFECT IMAGING RESOURCE
FOR HEALTHCARE, RESEARCH AND EDUCATION



Escáner de Láminas Portaobjetos
Microscopía Virtual

Motic®
MORE THAN MICROSCOPY

FANTHERA



Microscopio Motic Modelo Panthera U –Trinocular LED

Motic®
MORE THAN MICROSCOPY

SMZ171

FLEXIBLE STEREO MICROSCOPE SOLUTION



Microscopio Estereoscópico o Lupa Modelo SMZ171 –Trinocular LED

Motic®
MORE THAN MICROSCOPY

AE31E

LIVE CELL MICROSCOPE PLATFORM



Microscopio invertido Motic Modelo AE31E –Trinocular con Fluor

Motic®
MORE THAN MICROSCOPY

En Genexpress, somos representantes de la marca Motic y tenemos más de 10 años de experiencia en cámaras digitales y sistemas de microscopía. Consúltanos por el de tu interés a: microscopia@genex.cl

Motic® | 30+ YEARS



ÍNDICE DE AUTORES

- A**
- Abarca Esteban 127
Abente Sonia 65
Acevedo Castillo Waldo 139
Acosta-Grinok Mauricio 26
Acuña Jacquelinne 150, 151
Acuña Jacquelinne J. 106, 123
Acuña Marco 60
Acuña-Rodríguez Ian S. 144
Adell Aiko 76
Aedo Fernanda 121, 122
Aguado Maria Constanza 134
Aguayo Paulina 131
Aguila Patricia 61
Aguilar Gustavo 65
Aguilera Matías 51
Alamos Manuel 141
Alarcón Julio 153
Albin Tyler 48
Alcaíno Jennifer 73, 127
Alcalde-Rico Manuel 45
Alcaman Arias Maria Estrella 135
Alfonso Laura 65
Allanado Yah Julio Elias 146
Almendras Katerin 97, 125, 136
Almonacid Leonardo I. 18
Altamirano Katherine 123
Álvarez Ricardo 34
Álvarez Sergio A. 128, 132
Ampuero Sandra 81, 117, 137
Anaya-Torres María 149
Andrade Derly 92
Andreote Fernando 88
Andrews Barbara 83
Anziani-Ostuni Giovanna 138, 147
Aranda Carlos 100
Araneda Yáñez Jeffrey 139
Araos Rafael 38
- Aravena Pamela 140
Araya Gissela 141
Araya Joselyn 141
Araya Macarena 123
Arenas-Salinas Mauricio 28
Arias Dayana 59
Arias Loreto 69
Aroca Germán 126
Aroca Arcaya Germán 86
Aroca Arcaya Germán Eduardo 85
Arriaza-Echanes C. 142
Asencio Montiel Ivan De Jesús 146
Asenjo Juan 83
Avellaneda Melany 82
Avenidaño Luis F 81
Avenidaño María José 18
- B**
- Badilla-Zambrano Nicolás 105
Baeza Marcelo 73, 127
Bahamonde Guillermo 117, 137
Bain William 43, 44
Baisón-Olmo Fernando 132
Ballesteros Gabriel I. 144
Barahona Salvador 73, 127
Barra María José 143
Barrera Valenzuela Andrea Karime 144
Barrientos Leticia 88, 109, 110, 111
Barrientos Díaz Leticia Ximena 107, 145
Barrios Villa Edwin 146
Becerra José 119
Benavides Hector 96
Bernasconi Humberto 96
Bernasconi-Muñoz Humberto 108
Bittner Carla 129
Blondel Carlos 30
Bomberger Jennifer 43
Bravo Denisse 90, 148
Bravo Gastón 119

Briones Alan 95
Bruna Nicolás 124, 147, 148
Bruna Pablo 111
Bueno Susan 10, 46, 77
Bustamante Paula 33

C

Cabello Sebastian 130
Cabezas Carolina 95, 157
Cadiz Leandro 28
Calderón Mauricio 147
Calisto Nancy 100
Camacho-Romero Oscar Ivan 149
Cámara Beatriz 120, 159
Cambiaso Verónica 93, 140
Camilli Andrew 27, 32
Campo-Giraldo J.I 142
Campo-Giraldo Jessica 138
Campo-Giraldo Jessica L. 101
Campo-Giraldo Jessica Liliana 103
Campos Marco 123, 150
Campos Víctor 68, 96, 108, 131
Campusano Sebastián 73
Candia Ignacio 141
Canedo Gisela 46
Capon Robert 88
Cárdenas Carvajal Constanza 139
Caroca Jennifer 141
Carrazana Elizabeth 151
Carreño Leandro 28
Carrillo Werner Ileana 152
Carú Margarita 125, 136
Carvajal Marcela 79
Carvajal Romina 153
Cassataro Juliana 21
Castillo Aida 141
Castillo Benjamín 154
Castillo Luis 58
Castro Marcela 141
Castro Severyn Juan Castro-severyn 80
Castro Severyn Juan Pablo 155
Castro-Nallar Eduardo 95, 155

Castro-Severyn Juan 95
Celis-Plá Paula S.m. 19
Céspedes Sandra 28
Char Cielo 156
Chávez Renato 63, 91
Chu Weiping 115
Cifuentes Estefania 141
Cifuentes Melanie 101
Cifuentes Víctor 73, 127
Cifuentes-Anticevic Jerónimo 135
Cifuentes-Muñoz Nicolás 133
Cofré Agustín 80, 157
Collado Luis 89
Conejeros Raúl 85, 102, 126
Contreras Eduardo 100, 129
Córdova Fernando 154
Córdova Pamela 53
Corsini Gino 100
Cortés-Valdivia José 158
Coyle Nicola 111
Cuadros-Orellana Sara 19
Cuello Josefa 141
Cuevas Alberto 158
Cumsille Montesinos Andrés 159

D

Dalia Ankur 27
Dalia Triana 27
Danino Tal 143
Davies Huw 48
Davies Jenny 48
De La Cruz-Leyva María Concepción 160
De La Torres-Gutiérrez Lázaro 160
Del Campo Ortega Rodolfo 146
Del Canto Felipe 28
Demergasso Cecilia 26
Devotto Luis 89
Díaz Anaí 91
Diaz Luis Antonio 18
Díaz Romina 64
Díaz Araya Guillermo 152
Díaz Morales Anai Rallen 63

Díaz-Pizarro María Paz 158
Díaz-Yáñez Fernando 34
Diez Beatriz 135
Dinamarca Miguel Alejandro 75
Dobrindt Ulrich 15
Doi Yohei 43
Duré Carolina 65

E

Echeverría Sofía 141
Eissler Yoanna 19
Enninga Jost 29
Escalante-Herrera Karla Susana 160
Escuti Camila 26
Espinoza Karen 66
Esser-Khan Aaron 48

F

Farfan Mauricio J. 12
Farías Laura 135
Farías León Mónica 67
Fariña Norma 65
Favi Javiera 69
Felgner Jiin 48
Felgner Philip 115
Fernández Fabiola 89
Fernandez Nicole 141
Fernández Paulina 128, 132
Fernández Fonseca Italo Antonio 68
Fiore Nicola 53
Flores Ríos Rodrigo 69
Fourati Slim 18
Fuentes Francisco 147, 148
Fuenzalida Loreto 133
Fujiyoshi So 123

G

Gaete Alexis 22, 61, 70
Gaete Sergio 60
Galliani Enzo 71, 148
Gálvez Matias 97
Gálvez Nicolás 46

Ganga Muñoz María Angelica 72
García Apolinaria 112, 131, 153
García Patricia 114
García Verónica 51
García Cañete Patricia 45
García-Cancino Apolinaria 96, 108
García-Salum Tamara 18
Garmendía María Luisa 137
Garrido Daniel 54, 64, 74, 143
Gaytan Cervantes Francisco Javier 146
Gentina Morales Juan Carlos 86
Gil Fernando 34
Gil Magdalena 29
Godoy Tamara 141
Gómez Carmona Fernando 139
Gómez Ríos Melissa 73
Gonzales Mauricio 134
Gonzalez Alex 100, 129
González Claudia 18
González Dagianna 66, 158
González Mauricio 22, 61, 70
González Pablo 116
González Ruth 34
González Valentina 120
González Bonilla César Raúl 146
González Ibarra Joaquín 146
González Leon Margot 146
González Muñoz Pablo 67
Gonzalez Muñoz Pablo Alberto 39
Gonzalez Poblete Camila 72
González Romo Ernesto Alejandro 85
González Torres Carolina 146
González-De La Cruz José Ulises 160
González-Herrera Fabiola 152
González-Morelo Kevin José 74
González-Nilo Fernando 94
González-Pizarro Karoll 75
González-Rocha Gerardo 45
González-Torres Henry 149
Gophna Uri 14
Grajales Muñiz Concepción 146

Graumann Peter 113
Guerrero Karlo 126
Guillén Rosa 65
Gutiérrez María Soledad 73
Gutiérrez Sebastián 76
Guzmán Benjamín 101
Guzmán-Rivera Daniela 152

H

Hengst López Martha Brigitte 19
Hernando Cecilia 156
Herrera Rodrigo 53
Hidalgo Alejandro 77
Higuera Gastón 50, 53
Hinton Jay 7
Hodar Christian 140
Hoffmann Catalina 145
Huanca Wilson 141
Huenchur Lucía 81, 117, 137
Hulver Mei 43

I

Ibacache-Quiroga Claudia 75
Inostroza Nitza 123
Inostroza Osvaldo 34
Isla Eduardo 105

J

Jain Aarti 48
Jan Sharon 48
Jara Andrea 101
Jara Carlos 131
Jorquera Milko 123, 151
Jorquera Milko A. 106
Jorquera Milko Alberto 150
Jorth Peter 43

K

Kalergis Alexis 46, 77, 116
Katz Assaf 84
Khalil Zeinab 88
Kramm Karina 50

Krammer Florian 17, 18, 48
Krüger Gabriel 77, 80, 95, 157

L

Lagos Rosalba 122, 158
Larama Giovanni 123
Lascu I 23
Lavergne Celine 19
Leal Catalina 145
Lee Janet 42
Lee Janet S. 43
Leiva Diego 97, 125
Leiva Lorenzo Eugenio 84
Leonario Marcell 78
Levicán Jorge 18
Lizama Luis 18, 81, 117, 137
Lobaina Esli 79
Lorca Diego 77, 80, 157
Luchsinger Vivian 81, 117, 137

M

Maass Alejandro 93
Machado Fabiana S. 152
Mafla Andrade Santiago Xavier 82
Maldonado Jonathan 61
Marchant Francisca 83
Marín-Eliantonio Sabrina 26
Marshall González Sergio 139
Martínez Emilio 121, 122
Martínez José Rodrigo 114
Martínez Sofía 51
Martínez Huaiquimilla Juan Pablo 84
Martínez Miguel Bernardo 146
Martínez Ruano Jimmy Anderson 85
Martínez-Urtaza Jaime 109, 111
Maruyama Fumito 123
Más Siannah 79
Mau Incháustegui Silvia 86
Maya Juan Diego 152
Mayer Benjamin 113

Mcclelland Michael 115, 130
Mcconnell Kaitlin 141
Medina Rafael A. 18
Melivilu Damaris 145
Meng Jianghong 76
Mera Moraima 82
Mercado Luis 131
Mettus Roberta 43
Miki Takeshi 25
Miranda Carlos 141
Miranda Claudio 50
Miranda Javiera 141
Miranda-Cárdenas Camila 87
Molina Trincado Veronica Andrea 19
Molina-Montenegro Marco A. 144
Molina-Quiroz Roberto 27, 32
Monasterio Octavio 92
Montanares Mariana 63, 91
Montero David A. 28
Mora Aracely 77
Moraga Rubén 131
Moreno Juan 141
Moreno Switt Andrea 35, 52, 76
Morgado Constanza 132
Munita José Manuel 45, 114
Muñoz Camila 121, 122
Muñoz Edith 66
Muñoz Stephanie 141
Muñoz Villagrán Claudia 90

N

Nagel Maria 40
Nakajime Rie 115
Navarro Claudio 124, 147
Navea Carolina 141
Neilson Julia 24
Nelson Martha 16
Nouraié Mehdi 43
Nuñez Figueroa Paulina 56
Núñez Montero Kattia Rebeca 88
Nuñez-Montero Kattia 145

O

Ochoa Astudillo Sofía 89
Oehlert A.m. 23
Oetiker Mancilla Nia Carolina 90
Olano Carlos 120
Oliva Vicente 63
Oliva Galleguillos Vicente 91
Olivares Jorge 92
Olivares-Pacheco Jorge Andrés 45
Olonisakin Tolani 42
Oñate Ángel 28
Orellana Guillermo 64
Orellana Omar 69, 87
Orizano Eva 156
Orlando Julieta 19, 97, 125, 136
Ormazábal Valeska 153
Ortega Jaime 128, 132
Ortega Marcos 18
Ortega-Fuentes Constanza 34
Ortiz-Severín Javiera 93
Osorio Manuel I. 94
Oyarce Gabriela 119
Oyarzún Poldie 148
O'ryan Gallardo Miguel 60

P

Pacheco Gaspar 46
Pacheco Rodrigo 77
Palma Diego 91
Pardo Esté Coral 80, 95, 155
Pardo-Esté Coral 77, 157
Pardo-Roa Catalina 18
Parra Sepúlveda Cristian Andres 96, 112
Parra-Sepúlveda Cristian 108
Pasten Alice 58
Pastene Edgar 153
Pastenes Luis 154
Pavéz Boris 110
Peñaloza Hernán 42
Peñaloza Hernán F 43
Pereira Alicia 65

Pereira-Montecinos Camila 105
Pérez Claudia 119
Perez Yosbany 97
Pérez Donoso José Manuel 71, 90
Pérez-Cruz Ligia 111
Pérez-Donoso J.m. 142
Pérez-Donoso José M. 101, 124, 147, 148
Pérez-Donoso José Manuel 94, 103, 138
Pérez-Morales Rosalva 160
Pérez-Stuardo Diego 98
Pezoa Matías 97, 125, 136
Piazza Roxane M. F. 13
Piggot A.m. 23
Pilewski Joseph 43
Pizarro Rolando 81, 117, 137
Plaza Daniel 99
Plaza Santana Veronica 58
Ponce Carolina 145
Pone Egest 48
Porwollick Steffen 115
Pradel Paulina 129
Pradel Almonacid Paulina Andrea 100
Prado Aurora 110
Prado Carolina 77
Pratt Loreto 53

Q

Qu Yanyan 42
Quera Rodrigo 55
Queraltó Camila 34
Quezada Carolina P. 147
Quezada-Solis Damian 145
Quintero Helena 152

R

Rabelo Rayane 152
Ramiro De Assis Rafael 47
Ramos-Zúñiga Javiera 101, 103
Razmilic Valeria 83
Reid Pamela 23
Remonsellez Francisco 155
Retamal-Díaz Angello 67

Reyes Fernando 159
Reyes-Cerpa Sebastián 98
Reyes-Jara Angélica 76, 114
Riling Joaquín 123
Rilling Joaquin 150
Riquelme Arnoldo 18
Rivas Lina María 45
Rivas Marcelo 126
Rivas Mariella 59
Rivas Astroza Marcelo 102
Rivas Astroza Marcelo Alejandro 85
Rivas-Álvarez Paula 103
Rocha Gracia Rosa Del Carmen 146
Rodríguez Salas Camila 104
Rodríguez-Palma Jessica José 160
Rojas Carolina 65
Rojas Masyelly 105
Rojas Rodrigo 50
Rojas Mendoza Teresita 146
Rojas-Celis Victoria 105
Rojas-Fuentes Cecilia 105
Romero Gonzalo 141
Romero Jaime 50, 53
Rosales Karina 141
Rosas Vargas Cervantes Haydeé 146
Rossi Patricio 81, 117, 137
Ruiz Mauricio 81, 117, 137
Ruiz Gil Tay 106

S

Saavedra Claudia 77, 95, 157
Saavedra S Claudia 80, 155
Sabag Andrea 29, 128
Salas José Antonio 120
Salazar Juan Carlos 28
Salazar Rodrigo 145
Salazar Celedón Rodrigo Antonio 107
Saldivia Marcelo 121, 122
Salinas Erick 18
Salmond George 99
Samudio Margarita 65
Sánchez Kimberly 112, 131

Sánchez Ortiz Luz 149
Sánchez-Alonzo Kimberly 96, 108
Santacruz Tinoco Clara Esperanza 146
Santiviago Carlos 29
Santiviago Carlos A. 128, 132
Santos Andres 109, 110, 111, 145
Seeger Michael 79
Sekaly Rafick-pierre 18
Sepúlveda Dionisia 73, 127
Serna Néstor 120
Serrano Eileen 18
Silva Camila 110
Silva Evelyn 58
Silva Fabiola 112
Silva Marcial 92
Silva Guzmán Marcial 113
Silva Valenzuela Cecilia Alejandra 27
Silva-Mieres Fabiola 108
Simpfendorfer Robert 100
Smith Carlos 131
Solar Zamora Camila 114
Soto Jorge 46
Soto-Rifo Ricardo 105
Standiford Theodore 42
Strahsburger Figueroa Erwin Alejandro 115, 130, 141
Strohmeier Shirin 18, 48
Stuardo Camila 93
Suosaari Erica 23

T

Tello Mario 87, 100
Testa Giovanni 135
Thomson Morales Pamela 57, 104
Tognarelli Eduardo 116
Toledo Ariel 117, 137
Toledo Sallyra 141
Toro Adriana 18
Toro Magaly 76
Toro-Ascuy Daniela 105
Torres Alexis 64
Torres Alfredo 31

Torres Galán Solange Katherine 119
Torres López Francisco Javier 146
Trocoso Macarena 135
Troncoso Claudia 145

U

Undabarrena Agustina Natalia 120
Ungerfeld Emilio 121, 122
Urriola Nicole 66
Urriola-Urriola Nicole 158
Urrutia Araxi 111
Urrutia Ítalo M. 29
Urrutia Natalie 121, 122
Urrutia-Fucugauchi Jaime 111

V

Vaca Inmaculada 63, 91
Valderrama Sebastián 18
Valenzuela Ariel 131
Valenzuela Bernardita 109
Valenzuela Camila 29, 128, 132
Valenzuela Gonzalo 18
Valenzuela Tamara 123, 150
Valiente Fernando 118
Vallejo Lozada William 149
Van Der Geest Rick 42
Vargas-Reyes Matias 124, 147
Vásquez Claudio 90
Vásquez Pérez Mónica 92, 113
Veas Karla 97, 136
Veas Mattheos Karla 125
Vega Felipe 91
Véliz Roberto 26
Veliz De La Vega Fabian 126
Veliz De La Vega Fabian Andres 85
Venegas Maximiliano 127
Vera Alejandra 45
Vera Francisca 53
Vera Gabriel 132
Vera Nicolas 100
Vera Sánchez Gabriel Alberto 128
Vera Vera Nicolás 129

Vicencio Franscheska 66
Vidal Elena A. 98
Vidal Roberto 87
Vidal Roberto Mauricio 28
Villanueva Pablo 91
Villaroel Valentina 130

W

Woolery Matt 159
Wozniak Aniela 45

X

Xiong Zeyu 42

Y

Yáñez Lemus Francisco 131
Ybe Joel 42

Z

Zabala Torres Beatriz 60
Zabner Marcela 132
Zambrano Elisabeth 133
Zamorano Alan 53
Zamorano Pedro 109
Zúñiga Felipe 153
Zupetic Jill 43



Sociedad de Microbiología de Chile

① MÁS INFORMACIÓN EN SOMICH.CL

AUSPICIADORES:



FERMELO BIOTEC

