SOMCH



XLVII

CONGRESO CHILENO DE MICROBIOLOGÍA

LIBRO DE RESÚMENES

24 al 27 de noviembre 2025

Hotel Enjoy, Viña del Mar

AUSPICIADORES

GRUPO SIBI
FERMELO Tecnologías para la Ciencia
MERCK
Incitec
GENEXPRESS Life Science Business
GRUPOBIOS
biko
ThermoFisher SCIENTIFIC
BD
AROUIMED INNOVACION
Novogene Advancing Genomics, Improving Life
HES HEALTH EQUIPMENT SUPPLY
bioquimica.cl

EDITORIAL

Entre el 24 y el 27 de noviembre de 2025 se celebró en Viña del Mar el XLVII Congreso de la Sociedad de Microbiología de Chile, que reunió a cerca de 400 investigadoras e investigadores, estudiantes, profesionales y representantes de los sectores público y privado. Como ha sido habitual en nuestras reuniones anuales, se destacó la activa participación de jóvenes investigadores: el 82% de las comunicaciones libres —orales y pósters— fueron presentadas por estudiantes e investigadores en etapas tempranas de su carrera.

El programa científico incluyó seis conferencias plenarias, doce simposios propuestos por socios y socias, sesenta comunicaciones orales coordinadas por nuevos miembros activos de la Sociedad y cerca de trescientos pósteres, que evidenciaron la amplitud y diversidad de la microbiología actual.

Por segundo año consecutivo se realizó la Plenaria Inaugural "Voces emergentes", una instancia que busca visibilizar el trabajo de jóvenes chilenos y chilenas que han desarrollado carreras científicas exitosas fuera del país. En esta ocasión, **Marcelo Barría** (University of Edinburgh) abrió el congreso con la conferencia titulada "Priones y enfermedades priónicas: nuevas miradas para un viejo desafío". Las demás plenarias estuvieron a cargo de **José Luis Puente** (Universidad Nacional Autónoma de México), **Nilton Lincopán** (Universidade de São Paulo) y **Virginia Albarracín** (Universidad Nacional de Tucumán), quienes abordaron temas relacionados con la patogénesis, la resistencia antimicrobiana y la microbiología de extremófilos. La plenaria de clausura "Más allá de la microbiología", presentada por **Roberto Rondanelli** (Universidad de Chile), invitó a reflexionar sobre la relación entre la vida, el clima y el futuro planetario, ampliando la conversación científica hacia horizontes interdisciplinarios.

El homenaje a la trayectoria recayó en **Susan Bueno** (Pontificia Universidad Católica de Chile, Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia), reconociendo su liderazgo en microbiología e inmunología, su contribución al desarrollo de diagnósticos y vacunas y su papel durante la pandemia de COVID-19. La presentación del homenaje fue realizada por **Alexis Kalergis**, quien ofreció una revisión emotiva de su labor científica, formativa y de servicio al país.

Entre las actividades colaborativas destacó la XI versión del Simposio SUR, que en esta oportunidad tuvo como temática la biominería. Participaron **Francisco Remonsellez** (Universidad Católica del Norte), en representación de SOMICH; **Gustavo Curutchet** (Universidad Nacional de San Martín), por SAMIGE; y **Silvana Alborés** (Universidad de la República), por SUM; consolidando la colaboración regional entre las sociedades de microbiología de Chile, Argentina y Uruguay.

La primera actividad del congreso fue la Mesa de Diálogo "Ciencia y Política: Creando puentes para la toma de decisiones", moderada por **Fernando Valiente**. En este espacio se discutieron los desafíos del ecosistema científico nacional, con énfasis en la gestión, el financiamiento y las políticas públicas de investigación. Participaron **Virginia Garretón** (Asesora Científica del Ministerio de Ciencia), **Adrián Palacios** (Comité Asesor Ministerial, MinCiencia), **Claudia**

Saavedra (representante SOMICH en el COSOC de la ANID), **Alex González** (representante SOMICH en el COSOC del INACH/MINCIENCIA) y **Luis Mercado** (Vicerrector de Investigación, PUCV).

En materia de apoyo a la participación estudiantil, como es tradición en nuestro Congreso, se otorgaron diez becas SOMICH y ocho becas ASOLA. Además, por primera vez se entregaron cuatro **becas Eliana Canelo – 4iD**. Esta nueva iniciativa recuerda el legado de Eliana Canelo, impulsora de los Coloquios de Microbiología y figura clave en la consolidación de espacios de encuentro científico en Chile. Estas becas beneficiaron este año a **Natalia Endo** (Universidad de Chile), **Sara Durán** (Universidad de Concepción), **Mayra Cayo** (Universidad de Antofagasta) e **Ignacia Roselló** (Pontificia Universidad Católica de Valparaíso).

Los trabajos científicos fueron evaluados por un Comité Científico, liderado por el vicepresidente de SOMICH, **Jorge Olivares**. Sobre la base de estas evaluaciones se otorgaron los siguientes reconocimientos:

- Mejor póster: **Valentina Mora** (Universidad Autónoma de Chile)
- Menciones honrosas pósteres: **Javiera Acevedo** (Universidad de Santiago), **María Almonacid** (Universidad Austral), **Sara Durán** (Universidad de Concepción), **Diego Lira** (Pontificia Universidad Católica de Valparaíso), **Sara Oliva** (Universidad Andrés Bello), **Sofía Reyes** (Universidad San Sebastián), **Nayla Serey** (Universidad de Chile), **Carolina Ramírez** (Universidad del Desarrollo).
- Mejor comunicación oral: **Wellasmín Pérez** (Universidad Andrés Bello)
- Menciones honrosas en comunicaciones orales: **Francisca Alarcón** (Universidad de Santiago), **Mayra Cayo** (Universidad Autónoma), **Fernanda Contreras** (Universidad Mayor), **Neri Vargas** (Pontificia Universidad Católica de Valparaíso), **Mariannys Chávez** (Universidad de la Frontera), **Magdalena Osorio** (Universidad de Chile), **Óscar Huanel** (Universidad Mayor), **Antonia Naciff** (Pontificia Universidad Católica de Valparaíso), **Eduardo Tobar** (Universidad Andrés Bello).

El Premio a la Mejor Tesis Doctoral SOMICH 2025, auspiciado por Genexpress, fue otorgado a **Constanza Méndez** de la Pontificia Universidad Católica de Chile por su trabajo doctoral en el área de microbiología e inmunología, entre 14 postulantes de programas de doctorado de diversas universidades del país.

Durante la Asamblea de Socios, conducida por la presidenta de SOMICH, **Julieta Orlando**, se presentó la cuenta anual del Directorio de SOMICH, que incluyó las actividades científicas realizadas durante el año, la organización del congreso y el balance financiero, y abrió un espacio de discusión sobre los desafíos y las proyecciones de la Sociedad para los próximos años.

El congreso contó con el apoyo fundamental de nuestros auspiciadores, quienes enriquecieron el espacio con exhibiciones tecnológicas, presentaciones técnicas y actividades de vinculación. Agradecemos especialmente a **Incitec, Hes, Fermelo, Biko, BD Medical, Grupo**

SIBI, Bioquímica, Merck, Grupo Bios, Genexpress, Novogene, Arquimed y ThermoFisher, así como a la **Universidad de Santiago de Chile** y a la Universidad Austral de Chile, que difundieron sus programas de posgrado.

Las actividades logísticas contaron con el apoyo de estudiantes **voluntarios de la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso**, quienes contribuyeron al buen desarrollo del congreso, y de parte del equipo del Laboratorio de Genética Molecular de la Universidad de Santiago, que facilitó la ya tradicional presencia de bebidas fermentadas con levaduras nativas que acompañaron la sesión de pósteres, convertidas en un símbolo de encuentro y conversación científica.

El Congreso SOMICH 2025 se desarrolló en un ambiente de alta calidad científica, de colaboración y de participación intergeneracional. La riqueza de las discusiones y el entusiasmo de los participantes reafirmaron el valor de encontrarnos y de construir colectivamente los desafíos futuros de nuestra disciplina.

Nos vemos en en el congreso SOMICH 2026.

Julieta Orlando
Presidenta



PLENARIAS



PRIONES Y ENFERMEDADES PRIÓNICAS: NUEVAS MIRADAS PARA UN VIEJO DESAFÍO.

Marcelo Barría[1]

(1) Centre for Clinical Brain Sciences, Institute for Neuroscience and Cardiovascular Research, University of Edinburgh



ARMANDO EL ROMPECABEZAS DE LA REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL DE FIMBRIAS CHAPERONA-USHER EN BACTERIAS ENTEROPATÓGENAS

José Luis Puente[1]

(1) Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México.



CARBAPENEMASAS EN LATINO AMÉRICA: UN ABORDAJE "UNA SOLA SALUD"

Nilton Lincopán[1]

(1) Department of Microbiology, Institute of Biomedical Sciences, Universidade de São Paulo. Brasil.



EXTREMÓFILOS DE LA PUNA A LA CIUDAD: RESISTOMAS Y APLICACIONES BIOTECNOLÓGICAS

Virginia Albarracín[1]

(1) Centro Integral de Microscopía Electrónica (CIME), Universidad Nacional de Tucuman / CONICET. Argentina.



PLENARIA HOMENAJE A LA TRAYECTORIA (PRESENTA: ALEXIS KALERGIS)

Susan Bueno[1]

(1) Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia.



VIDA Y CLIMA EN NUESTRO PLANETA: ¿QUÉ NOS DEPARA EL FUTURO?

Roberto Rondanelli[1]

(1) Departamento de Geofísica, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile. Chile.

SIMPOSIOS

EXTRENOPHILE MICROORGANISMS FOR THE RECOVERY OF CRITICAL ELEMENTS: ALTERNATIVES FOR MORE SUSTAINABLE MINING

Andrea Jara[3], Amanda Suarez[3,6], Genesis Serrano[6], Catalina Jimenez[1], Liey-si Wong[1], Catalina Kusch[4], Juan Castro[4], Claudia Saavedra[4], Andrés Marcoleta[5], **Francisco Remonsellez Fuentes**[2,3]

(1) Universidad Católica del Norte, Geología, Antofagasta, Chile
(2) Universidad Católica del Norte, Ingeniería Química y Medio Ambiente, Antofagasta, Chile
(3) Universidad Católica del Norte, Centro Lithium I+D+i, Antofagasta, Chile
(4) Universidad Andrés Bello, Ciencias de la Vida, Santiago, Chile
(5) Univesidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile
(6) Universidad Católica del Norte, Doctorado en Ingeniería Sustentable, Ingeniería y Ciencias Geológicas, Antofagasta, Chile

The main challenges for sustainable urban development are increasing demand for resources, the scarcity of primary resources, environmental pollution, and increasing waste generation caused by urbanization and industrialization. The urban mining approach employs recycling and circular solutions inspired by principles such as industrial metabolism, industrial ecology, and the circular economy. Although it is a recent concept, it embodies the growing demand for alternative techniques to obtain resources and reduce the impacts, with the systematic recovery of materials from urban stocks. This approach introduces a new dimension to the concept of a renewable resource, since anthropogenic stocks are constantly being replenished through the production, consumption and disposal of products. Reliance on non-renewable resources, the scarcity of primary raw materials, and lack of space for waste disposal suggest a need for a new paradigm based on value recovery.

Urban biomining is based on the value recovery of secondary raw materials from anthropogenic sources through biological properties and technological input. The use of by-products as secondary resources rather than treating them as waste can keep the circular economy moving. Biotechnological techniques are promising in comparison with traditional methods, such as pyrometallurgy or hydrometallurgy, due to the low cost and energy-efficient procedures. Biohydrometallurgy, also known as biomining or mineral bioprocessing, uses microbial consortia such as bacteria, fungi and algae to recover metals from a given substrate, converting them into soluble salts in an aqueous medium [5]. Bioleaching is an emerging type of leaching procedure through bacterial activity, which can recover valuable metals such as Co, Li, Ni, and Mn.The critical advantage of LIBs bioleaching over the conventional recycling processes is that it generates mild acid waste and emits low levels of harmful gases, eliminating the need for additional treatment.

Keywords: Extreme Microorganisms, Critical elements, Sustainability, Mining
Financing: Proyecto Anillo ATE240012Centro Lithium I+D+i UCN
Acknowledgments: Leibniz Institute for New Materials, Germany

SEDIMENTOS ANAERÓBICOS EN RIOS URBANOS....POTENCIALES MINAS DE METALES VALIOSOS?

Gustavo Curutchet[1,2]

(1) Universidad Nacional de San Martín., 3iA. Escuela de Habitat y Sostenibilidad, San Martín, Argentina
(2) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas CONICET, Argentina

La contaminación de cursos de agua con efluentes domésticos e industriales es un problema grave en muchos países del Sur Global. Los procesos biogeoquímicos que se generan en estos entornos llevan a la acumulación de contaminantes en los sedimentos que se vuelven un material peligroso, anaeróbicos con concentraciones grandes de sulfuros y metales pesados. Ante potenciales cambios en el entorno redox, por ejemplo ante un dragado o desecación, se generan situaciones de riesgo de acidificación y liberación de metales muy semejantes a las del drenaje ácido de minas. Estos mismos procesos pueden ser utilizados en condiciones controladas para realizar la biolixiviación de metales y la remediación de los sedimentos.

En este trabajo se discutirán algunos aspectos de los procesos biogeoquímicos asociados a la contaminación – autodepuración y como a modo de un nudo Borromeo se afectan de manera recíproca e inextricable la estructura de los sedimentos, los diferentes contaminantes y las comunidades microbianas y cómo se puede aprovechar el conocimiento generado para el desarrollo de procesos de decontaminación eficientes por biolixiviación, con la posibilidad adicional de recuperar metales valiosos. Se mostrarán ejemplos obtenidos en la cuenca del Rio Reconquista en el Area Metropolitana de Buenos Aires. Argentina

Keywords: Biolixivición, Biorremediación, Sedimentos, Rio Reconquista
Financing: UNSAM INVESTIGA 2025. Universidad Nacional de San MartínDesafío N°99. Programa IMPACTAR. Mincyt 2022
Acknowledgments: Universidd Nacional de San MartínCONICET

DE LA BIOMINERÍA A LA NANO-BIOFABRICACIÓN: MICROORGANISMOS PARA LA VALORIZACIÓN DE METALES Y BIORREMEDIACIÓN.

Silvana Alborés[1]

(1) Universidad de la República (UDELAR), Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Gral. Flores 2124, Montevideo, Uruguay

La contaminación ambiental por metales pesados representa un problema crítico debido a su toxicidad y persistencia. Diversos estudios han demostrado que bacterias y hongos han desarrollado mecanismos de tolerancia a estos metales, incluyendo la bioadsorción en la pared celular, la formación de complejos con biomoléculas y la reducción enzimática de iones metálicos. Estas capacidades no solo les permiten sobrevivir en ambientes contaminados, sino que han sido aprovechadas en estrategias de biorremediación, donde se emplean cepas resistentes para eliminar o transformar metales tóxicos en formas menos peligrosas. Además de su rol en la remediación ambiental, los microorganismos resistentes a metales han cobrado gran interés en la biosíntesis de nanopartículas metálicas con aplicaciones en biotecnología, catálisis y biomedicina. Bacterias y hongos han sido utilizados para sintetizar nanopartículas de diversos metales, mediante procesos intracelulares o extracelulares. Estas nanopartículas biogénicas presentan propiedades útiles en remediación y otras áreas, y su biosíntesis ofrece ventajas frente a métodos químicos tradicionales, como menor toxicidad y mayor sostenibilidad.

Desde hace más de dos décadas, nuestro grupo de investigación se ha enfocado en el estudio de microorganismos con aplicaciones biotecnológicas, particularmente hongos productores de enzimas que degradan contaminantes. Hemos desarrollado trabajos exitosos en biodegradación de residuos y biorremediación de colorantes con cepas nativas de basidiomicetes, y fuimos pioneros en Uruguay en la síntesis biológica de nanopartículas metálicas mediante microorganismos, estudiando su producción, caracterización y aplicaciones. En particular, se obtuvieron nanopartículas de plata con filtrados extracelulares de hongos, las cuales mostraron propiedades antimicrobianas y estabilidad coloidal por tiempos muy prolongados, con potencial uso en procesos de detoxificación ambiental, entre muchas otras aplicaciones biotecnológicas.

Recientemente, con un enfoque orientado a la valorización de microorganismos tolerantes a metales pesados, se seleccionaron tres cepas previamente aisladas en Uruguay para evaluar su capacidad de tolerar metales pesados, bioadsorberlos y sintetizar nanopartículas metálicas, integrando conocimientos en microbiología, nanotecnología y sostenibilidad. Los resultados respaldan su potencial como plataformas microbianas para remediación ambiental y producción sustentable de nanomateriales con valor agregado.

Keywords: microorganismos, metales, nanoparticulas, biorremediación
Acknowledgments: UDELAR, PEDECIBA, SUM (URUGUAY), SOMICH (CHILE).

POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE BACTERIAS PATAGÓNICAS PIGMENTADAS PARA LA PRODUCCIÓN DE CAROTENOIDES Y ENZIMAS EN SALMONICULTURA

Alex Gonzalez[1], Nancy Calisto[2], Nathalia Dias[3], Barbara Seguel[1], Michel Abanto[3]

(1) Departamento de Salud, Universidad de Los Lagos (ULAGOS), Osorno, Chile.
2) Facultad de Ingeniería, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de Magallanes (UMAG), Punta Arenas, Chile.
(3) Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO), UFRO, Temuco, Chile.

La acuicultura chilena, especialmente la salmonicultura, continúa experimentando presiones derivadas de la intensificación productiva, la aparición recurrente de enfermedades infecciosas, la dependencia histórica de antimicrobianos y el impacto ambiental asociado al manejo de residuos y efluentes. Frente a este escenario, la identificación y aplicación de herramientas biotecnológicas basadas en microorganismos y sus metabolitos secundarios se perfilan como alternativas estratégicas para avanzar hacia sistemas de cultivo más sostenibles. Entre ellas los pigmentos microbianos y las enzimas extracelulares de origen bacteriano destacan por su versatilidad funcional y su potencial para aportar soluciones de bajo impacto a problemas sanitarios y productivos.

Los pigmentos microbianos como carotenoides, prodigiosinas, violaceínas y xantofilas poseen propiedades antioxidantes, fotoprotectoras, inmunomoduladoras y antimicrobianas que han sido ampliamente documentadas. Su incorporación como aditivos funcionales en dietas, recubrimientos protectores o en matrices de liberación controlada podría mejorar la fisiología de los peces al disminuir el estrés oxidativo, estabilizar membranas celulares y reforzar la respuesta inmune innatas frente a patógenos bacterianos y hongos. Paralelamente, las enzimas microbianas como proteasas, lipasas, amilasas, celulasas y quitinasas podrían contribuir a procesos digestivos, aumentar la eficiencia de conversión alimenticia en el pez y reducir la carga orgánica que se depositada en el sedimento de los centros de cultivo. Su aplicación en alimentos, bioprocesos de pretratamiento o formulaciones para mejorar la biodisponibilidad de nutrientes constituye una estrategia potencial para disminuir costos, reducir pérdidas y favorecer un uso más eficiente de los recursos.

Este trabajo analiza la viabilidad y el potencial de uso de pigmentos y enzimas derivados de microorganismos aislados desde ambientes marinos, lacustres y terrestres de la Patagonia chilena, orientados a su aplicación en una salmonicultura moderna y ambientalmente responsable.

La prospección y el desarrollo de pigmentos y enzimas microbianas proyectan la generación de bioinsumos sostenibles para la salmonicultura. El avance hacia nuevas formulaciones aplicadas al manejo sanitario, junto con marcos regulatorios que faciliten su adopción, permitirá fortalecer un ecosistema productivo innovador y ambientalmente responsable para la industria chilena.

PATAGONIA MICROBIANA: INNOVACIÓN Y VALORIZACIÓN DE BIORRECURSOS PARA EL DESARROLLO REGIONAL

Nancy Calisto Ulloa[1], Alex González[2], Nathalia Dias[3], Michel Abanto[3]

(1) Universidad de Magallanes, Ingenieria Quìmica, De Ingenieria, Avenida Bulnes 01855, Punta Arenas, Chile
(2) Universidad de los Lagos, de Salud, Programa de Investigacion en Biomedicina y Biotecnologìa, Avda Fuchslocher 1305, Osorno, Chile
(3) Universidade la Frontera, Scientific and Technological Bioresource Nucleus BIOREN-UFRO, Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

La región patagónica, caracterizada por una elevada heterogeneidad ambiental que incluye glaciares, estepas áridas, bosques templados, volcanes, entre otros ambientes, representa un ecosistema extremo que alberga una biodiversidad microbiana adaptada a condiciones de frío, salinidad y otros factores de estrés abiótico. Esta diversidad microbiana autóctona constituye un reservorio de microorganismos con características fisiológicas y metabólicas singulares, cuyo potencial biotecnológico ha sido escasamente explorado.

Este simposio tiene como objetivo consolidar una red multidisciplinaria de investigadores e instituciones de la región Patagónica con interés en la bioprospección, caracterización molecular y funcional de estos microorganismos autóctonos, adaptados a condiciones extremas de la macrozona sur-Austral. En este se presentarán y discutirán los avances de las investigaciones en tópicos de genómica y diversidad funcional de bacterias patagónicas, mostrando su relevancia para diferentes aplicaciones de tipo biotecnológica, así como estrategias analíticas innovadoras para la búsqueda, aislamiento y caracterización de biomoléculas de alto valor agregado.

Esta iniciativa busca potenciar y relevar la innovación científico-tecnológica con foco en la solución de problemas de la macrorregión sur-austral a través del uso sostenible de los bioproductos obtenidos desde recursos microbianos autóctonos. La consolidación de esta red representa una oportunidad estratégica para I+D regional en los sectores de relevancia como la agricultura, la medicina, la producción de alimentos y la sustentabilidad ambiental.

Keywords: Patagónia, biorrecursos, innovación, biotecnología, bacterias
Financing: RTI21-22 DI-Ulagos “Desarrollo biotecnológico de valorización de residuos de la industria láctea mediante el uso de microorganismos extremófilos patagónicos”.Innova Sur Sur “Evaluación del Potencial Biotecnológico de Bacterias Patagónicas Pigmentadas para la Producción de Carotenoides y Enzimas en Salmonicultura” UFRO-UlLAGOS-UMAG

DEL MICROORGANISMO A LA MOLÉCULA: ESTRATEGIAS ANALÍTICAS PARA DESCUBRIR COMPUESTOS BIOACTIVOS.

Nathalia Baptista Dias[1], Alex González[2], Nancy Calisto[3], Javiera Concha[1], Veronique Amiard[1], Michel Abanto[1]

(1) Universidad de la Frontera, BIOREN, Avenida San Sebastian 02240, Temuco, Chile, Temuco, Chile
(2) Universidad de Los Lagos (ULAGOS), Departamento de Salud, Avenida Fuchslocher 1305, Osorno, Chile
(3) Universidad de Magallanes, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Avenida Bulnes #01855, Punta Arenas, Chile

La Patagonia chilena constituye un ecosistema extremo caracterizado por bajas temperaturas, elevada radiación, variaciones de salinidad y condiciones ambientales dinámicas que favorecen la presencia de comunidades microbianas altamente adaptadas. Estas bacterias autóctonas poseen rutas metabólicas especializadas asociadas a la producción de pigmentos, carotenoides, lípidos estructurales y otros metabolitos secundarios de alto potencial biotecnológico. Frente a la creciente demanda de compuestos naturales en industrias como la acuicultura, la cosmética, los alimentos y la farmacéutica, resulta esencial integrar herramientas analíticas avanzadas que permitan vincular la biodiversidad microbiana con la caracterización funcional de sus biomoléculas. Este trabajo presenta un enfoque integral que combina microbiología, extracción dirigida, cromatografía, espectrometría de masas y metabolómica multivariante para identificar y caracterizar metabolitos bioactivos producidos por bacterias pigmentadas aisladas de la Patagonia.El objetivo principal fue optimizar las estrategias de extracción de metabolitos secundarios, principalmente carotenoides, y caracterizar cualitativa y cuantitativamente los extractos mediante cromatografía y espectrometría de masas, con el fin de identificar cepas candidatas para futuras etapas de optimización, elucidación estructural y validación funcional. Se trabajó con cultivos pigmentados, previamente centrifugados y lavados. Las extracciones se realizaron con solventes de distintas polaridades, destacando MeOH:TBME (1:1 v/v), seguidas de evaporación controlada y de reconstitución en metanol para análisis cromatográfico. Complementariamente, se evaluaron técnicas de microextracción asistida por ultrasonido y métodos de fase sólida. Los extractos se cuantificaron mediante HPLC-DAD, mientras que la espectrometría de masas se empleó para su caracterización estructural. Las cepas bacterianas aisladas mostraron una marcada variabilidad en sus perfiles metabólicos, lo que refleja las adaptaciones evolutivas propias de los ambientes patagónicos. Los extractos revelaron carotenoides en concentraciones comparables a las reportadas para organismos de referencia utilizados en la industria. Tres cepas destacaron por sus perfiles cromatográficos definidos y por su producción consistente. Estos hallazgos confirman el potencial de los microorganismos australes como recurso renovable de pigmentos naturales, antioxidantes y otros compuestos bioactivos, con aplicaciones directas en la acuicultura chilena, especialmente para sustituir pigmentos sintéticos.

Keywords: carotenoides, cromatografía, metabolómica, bacterias pigmentadas.
Financing: 2024SURSUR10, FRO RED23994
Acknowledgments: Unidad de Proteómica y Metabolómica, BIOREN, UFRO

GENÓMICA DE BACTERIAS PATAGÓNICAS PIGMENTADAS, SU DIVERSIDAD FUNCIONAL Y POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO

Michel Francisco Abanto Marin1, Alex Gonzalez2, Nancy Calisto Ulloa3, Nathalia Baptista Dias1

(1) Universidad de La Frontera, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO), Av. Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile
(2) Universidad de Los Lagos (ULAGOS), Departamento de Salud, Osorno, Chile
(3) Universidad de Magallanes (UMAG), Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Punta Arenas, Chile

Los ecosistemas únicos de la Patagonia Chilena son una fuente inexplorada de diversidad microbiana con gran potencial aplicado. Este estudio caracterizó un conjunto de bacterias pigmentadas aisladas de este reservorio natural, revelando su riqueza genómica y funcional sugiriendo potenciales aplicaciones biotecnológicas.

A partir de aislados de bacterias patagónicas pigmentadas, la secuenciación genómica se realizó utilizando tecnología ONT con un PromethION P2 Solo junto con el kit Native Barcoding Kit 96 V14 (SQK-NBD114.96). Se utilizó el programa MinKNOW para la gestión de la secuenciación, y la identificación de bases se realizó utilizando el modelo de máxima precisión. Los ensamblajes fueron realizados usando Flye, visualizados en Bandage; y la anotación genómica y perfil metabólico se realizó utilizando las herramientas Bakta y metabolic, respectivamente.

El análisis identificó cepas con perfiles metabólicos especializados. Algunas demostraron un perfil versátil, con alta capacidad de biosíntesis y producción de energía, mientras que otras sugieren una marcada especialización en la degradación de compuestos complejos, destacando su papel en la biorremediación. La evaluación del potencial por aplicación específica confirmó que diferentes cepas son óptimas para distintos usos: algunas poseen el mayor potencial para la producción de bioenergía, otras para la industria alimentaria, y un grupo distinto para el desarrollo de biofertilizantes.

A nivel genético, el análisis de componentes principales evidenció una clara diversificación, con distintas cepas enriqueciéndose en enzimas clave como dioxigenasas y dehalogenasas, cruciales para la detoxificación ambiental. Esta complementariedad funcional sugiere que, individualmente, cada cepa representa un recurso valioso para procesos específicos. Sin embargo, es su papel sinérgico al formar consorcios microbianos diseñados lo que maximiza su potencial, permitiendo abordar desafíos biotecnológicos complejos de una manera integrada y eficiente.

Keywords: genómica; bacterias patagónicas; metabolismo; aplicación biotecnológica
Financing: Proyecto Innova Sur-Sur - 2024SURSUR10; Proyecto Fondecyt Regular #1251164

OPTIMIZACIÓN BIOINSPIRADA: TÉCNICAS DERIVADAS DE LOS MECANISMOS DE LA NATURALEZA

Rodrigo Olivares[1], Claudia Ibacache-Quiroga[2], Alejandro Dinamarca[2]

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Informática, Ingeniería, General Cruz 222, Valparaíso, Chile
(2) Universidad de Valparaíso, Escuela de Nutrición y Dietética, Farmacia, Av. Gran Bretaña 1093, Valparaíso, Chile

Durante millones de años, la naturaleza ha resuelto problemas complejos de búsqueda, adaptación y cooperación. De esa experiencia natural derivan principios operativos como, por ejemplo, la variación, selección, cooperación, autoorganización y memoria, que encauzan las estrategias de solución. Sobre esa base, la optimización bioinspirada traduce mecanismos de evolución, enjambres, inmunidad, ecología y morfogénesis en técnicas robustas de resolución. Operadores de variación y cooperación, reglas de memoria y nichos ecológicos permiten equilibrar las fases de exploración–explotación, manteniendo diversidad y trazabilidad de decisiones. El enfoque se apoya en una formulación y desarrollo de métricas, para comprender qué rasgos guían la convergencia. El resultado es un marco práctico para diseñar o mejorar algoritmos bioinspirados, con criterios de desempeño comparables y reproducibles.

Keywords: Algoritmos bioinspirados, Mecanismos evolutivos, Cooperación, Autoorganización

COBETIA MARINA: DESPLIEGUE COORDINADO DE CIRCUITOS DE REGULACIÓN EN RESPUESTA A DIFERENTES TEMPERATURAS DE CRECIMIENTO

Claudia Ibacache-Quiroga[1,2], Karoll González-Pizarro[2], Alejandro Dinamarca[1,2]

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Nutrición y Dietética, Facultad de Farmacia, Gran Bretaña 1093, Valparaíso, Chile
(2) Universidad de Valparaíso, Centro de Micro-Bioinnovación, Facultad de Farmacia, Gran Bretaña 1093, Valparaíso, Valparaíso

Cobetia marina es una bacteria marina es capaz de crecer en un amplio rango de temperaturas que van desde los 0 °C a los 41 °C, con una temperatura óptima a los 35 °C. Por otro lado esta bacteria es un modelo para estudios relativos a la formación de biopelículas y para la producción de biomoléculas como exopolisacáridos y beta amieloides. En este escenario, la presente ponencia presenta un estudio RNA seq en el que se pueden establecer de forma diferencial frente a variaciones de la temperatura de crecimiento, diferentes circuitos de regulación definidos por teoría de conjuntos y en los que es posible apreciar la emergencia de conducta social para la colonización y almacenamiento de recursos, la diseminación de información, la formación de estructuras de complejidad y, para la protección de la información frente a condiciones de extinción.

Keywords: *Cobetia marina*, Biofilm, Adaptación
Financing: Proyecto Exploración 13220184, ANID. Centro de Micro-Bioinnovación, DIUV-CIDI 15/2024, Universidad de Valparaíso.
Acknowledgments: Proyecto Exploración 13220184, ANID. Centro de Micro-Bioinnovación, DIUV-CIDI 15/2024, Universidad de Valparaíso.

MODELOS BIOLÓGICOS Y SISTEMAS INFORMÁTICOS BIOINSPIRADOS: DE CIRCUITOS DE REGULACIÓN GÉNICA A DESARROLLOS Y OPTIMIZACIONES EN EL CONTEXTO DE LA NUEVA ERA DE CONVERGENCIA CYBER-BIO-DIGITAL

Alejandro Dinamarca[2], Claudia Ibacahe[2], Rodrigo Olivares[1]

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Informática, Facultad de Ingeniería, Valparaíso, Chile
(2) Universidad de Valparaíso, Centro de MicrobioInnovación, Facultad de Farmacia, Valparaíso, Chile

En esta serie de ponencias, investigadores de diferentes disciplinas exploran innovaciones en optimización bioinspirada y el estudio del microorganismo Cobetia marina, que tiene implicancias significativas en biotecnología y adaptabilidad. El Dr. Rodrigo Olivares presenta un marco práctico de optimización bioinspirada, fundamentado en principios operativos derivados de la naturaleza, como variación, selección y cooperación. Su enfoque permite equilibrar la exploración y explotación en la resolución de problemas complejos, respaldado por el desarrollo de métricas para evaluar la convergencia de algoritmos bioinspirados. La Dra. Claudia Ibacache-Quiroga profundiza en las capacidades de evoluci´n y adaptabilidad de Cobetia marina, destacando su capacidad de crecimiento y formación de biopelículas en un amplio rango de temperaturas, mediante RNA seq, se identifican circuitos de regulación con paralelismos sociales como es la emergencia de conductas sociales a través de la formación de biopelículas, fundamentales para la colonización y almacenamiento de recursos en ecosistemas con variaciones físicas y químicas. Por su parte, el Dr. Alejandro Dinamarca explora cómo Cobetia marina, sin sistemas neuronales, exhibe conductas complejas mediante sistemas de regulación transcripcional. Su investigación sugiere que fenotipos como la velocidad de crecimiento y la formación de biopelículas pueden ser modelados para desarrollar clasificaciones predictivas, abriendo camino a aplicaciones en la intersección de los ámbitos cyber-bio-digital. Estas presentaciones subrayan la importancia de la naturaleza como fuente de inspiración para abordar desafíos biotecnológicos y resaltar la adaptabilidad de los microorganismos en entornos dinámicos.

Keywords: Algoritmos/bio-inspirados; Inteligencia no-humana; Cobetia; Regulación Génica
Financing: Proyectos Exploración N°13220184 y Fondequip N° EQM230165, Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), Ministerio de Ciencia Tecnología, Conocimiento e Innovación. Proyecto DIUV-CIDI N°15/2024, Universidad de Valparaíso.

COMBINING SEQUENCE, STRUCTURE, AND FUNCTION DATA TO UNVEIL THE REMARKABLE DIVERSITY OF ANTARCTIC BETA-LACTAMASES

Andrés Marcoleta[1], José Coche-Miranda[1], Patricio Arros[1], Iyaray Céspedes[1], Nicolás Canales[1], Jorge Vielma[1,2], Camilo Berríos-Pastén[1], Rosalba Lagos[1], Julieta Orlando[3], Francisco Chávez[2]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Universidad de Chile, Las Palmeras 3425 Ñuñoa, Santiago, Chile.
(2) Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Universidad de Chile, Las Palmeras 3425 Ñuñoa, Santiago, Chile.
(3) Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Universidad de Chile, Las Palmeras 3425 Ñuñoa, Santiago, Chile.

Antarctica is emerging as a critical reservoir of ancient antimicrobial resistance genes (ARGs), shaped by evolutionary isolation and now increasingly exposed through permafrost thawing and human encroachment. Studying ARGs, particularly beta-lactamases, in this context is essential to understand the natural resistome and anticipate resistance trajectories under a One Health framework. However, most ARG databases are biased toward clinical pathogens, and distant environmental orthologs often fall below detection thresholds when relying solely on amino acid identity. To overcome this, we developed PROSSAF, a structure-guided metagenomic pipeline that integrates sequence, structure, and functional similarity to identify bona fide ARGs. Applying PROSSAF to 81 Antarctic and Subantarctic soil metagenomes, we uncovered 1,916 beta-lactamase orthologs spanning all major structural classes, with a predominance of metallo-beta-lactamases and several putative novel families. Many encoded conserved catalytic motifs despite low sequence identity, and a likely underestimated number was found associated with mobile genetic elements.

We extended this analysis to 120 Antarctic isolates of the *Pseudomonas fluorescens* complex, identifying 100 class C beta-lactamases with high genetic diversity. Notably, several variants harbored natural amino acid substitutions previously linked to extended-spectrum activity. Functional assays confirmed that these enzymes conferred resistance to ceftazidime and other clinically relevant beta-lactams, correlating genotype with phenotype. Together, our findings reveal the Antarctic microbiota as a reservoir of diverse and potentially emergent beta-lactamases. They underscore the power of integrative OMICS and microbiological approaches to decode hidden resistomes and inform global AMR surveillance beyond clinical boundaries.

Financing: FONDECYT 1221193

CULTUROMICS AND SOCIAL AMOEBA TO STUDY THE VIRULENCE OF ENVIRONMENTAL PATHOGENS IN THE CLIMATE CHANGE ERA

Ian Pérez Ramírez[1,2], Belén Andrade[1], Javiera Castillo[1], Andrés E. Marcoleta Caldera[3], Francisco P. Chávez Espinosa[1]

(1) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias,, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago de Chile, Chile
(2) Universidad de Santiago de Chile, Ph.D Program in Microbiology, Facultad de Química y Biología, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins nº 3363, Santiago de Chile, Chile
(3) Universidad de Chile, Santiago, Chile, Grupo de Microbiología Integrativa, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago de Chile, Chile

Environmental change is reshaping microbial ecosystems, intensifying the emergence of virulence and antimicrobial resistance beyond clinical settings. Within a One Health perspective, understanding how ecological reservoirs contribute to infectious threats requires coupling genomic surveillance with functional phenotyping. Here, we present an integrated framework combining culturomics and Dictyostelium-based Indicator of Virulence Assays (DIVA) to evaluate the pathogenic potential of environmental bacteria in the context of climate change. Building on our validated host-pathogen assays for hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*, we applied the same phenotypic logic to Antarctic isolates of the *Pseudomonas* complex, taxa that frequently carry ancestral resistomes and virulomes revealed through comparative genomics. Using amoeba-based assays, including predation, social development, and live-cell motility tracking, we demonstrate that *D. discoideum* functionally discriminates among edible, virulent, and hypervirulent phenotypes, even within environmental strains. Strikingly, several Antarctic isolates triggered developmental arrest or rapid amoebal paralysis, matching or exceeding responses induced by known pathogenic controls. These results underscore that environmental bacteria can express clinically relevant virulence traits and highlight the urgency of incorporating phenotypic biosensors into One Health surveillance pipelines. Our approach provides a scalable, ethical platform for identifying emerging microbial threats from environmental reservoirs exposed by climate change.

Keywords: Dictyostelium discoideum, One Health, comparative genomics, comparative genomics
Financing: PROJECT ANILLO ACT210044; PROJECT FONDECYT 1221193

AI-ASSISTED DESIGN OF INHIBITORS TARGETING TRANSIENT STEPS IN BACTERIAL PROTEIN SYNTHESIS

Alejandro Cadillo[1], Álvaro Pacheco[1], Ana Sanchez-Castro[1], Andrea Dallapé[1], Mia Somocurcio[1], Sebastian Leyva[1], Pohl Milon[1]

(1) Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Laboratorio de Biomoléculas, Ciencias de la Salud, Alameda San Marcos 395, Lima, Perú

The rapid rise of multidrug-resistant (MDR) bacteria necessitates the continuous discovery of novel antimicrobials, particularly targeting previously underexploited and species-specific processes. Bacterial translation initiation represents an ideal therapeutic target as it is the most divergent phase of protein synthesis between prokaryotes and eukaryotes. We focus on the transient and highly regulated steps involved in forming the 30S pre-initiation complex (30S pre-IC), a critical fidelity checkpoint where factors coordinate the selection of mRNA and initiator tRNA. Specifically, we target the cooperative and allosteric interaction of Initiation Factors IF1 and IF3 on the 30S subunit, an essential regulatory hub that modulates translational fidelity. This interaction triggers conformational changes in the ribosome (such as the movement of the 30S head relative to the body) and defines a critical transient window, lasting approximately 0.1 to 1 second, before the recruitment of the 50S subunit locks the complex into the elongation-ready state.

We employed a strategy integrating structural biology and computational molecular design. High-resolution cryo-electron microscopy (cryo-EM) was utilized to capture structural intermediates of the 30S pre-IC, providing atomic detail of the IF1-IF3 binding sites. Based on these structural coordinates, AI-assisted computational methods, docking and molecular dynamics, guided the de novo design of peptides intended to specifically disrupt the transient IF1-IF3 coordination mechanism. The resulting candidates were studied through a comprehensive suite of in vitro and in vivo assays. Their mechanism of action was analyzed by transient kinetics (stopped-flow fluorescence/FRET), characterizing interactions in real-time on the millisecond-to-second timescale. Specifically, we utilize multifactor FRET signals to monitor rapid binding and subsequent conformational changes induced by the inhibitor. Functional activity was confirmed via cell-free protein synthesis (CFPS) assays using the FAST (split-GFP complementation) protocol for quantitative detection of inhibitory activity. Finally, in vivo characterization, including macromolecular synthesis inhibition profiling, validated the translational specificity of our engineered compounds.

Together, this work establishes a generalizable framework that couples high-resolution structural and kinetic data with AI-assisted molecular design to selectively target transient essential checkpoints in bacterial protein synthesis, offering a path toward a new class of mechanism-driven antibacterial agents.

Keywords: Antibióticos, Resistencia antimicrobiana, Ribosoma, Inteligencia Artificial

EXPLORING HOST-PATHOGEN INTERACTIONS AT THE SINGLE-CELL AND MOLECULAR LEVELS WITH ATOMIC FORCE MICROSCOPY (AFM)

Sebastian Aguayo[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Instituto de Ingeniería Biologica y Médica

Understanding how microorganisms are able to adhere to, colonize, and modify host tissues requires tools capable of capturing events that occur at extremely small scales and under physiological conditions. In this context, atomic force microscopy (AFM) has become an essential platform for this purpose, as it allows for the quantification of single-cell and single-molecule adhesion forces, elasticity, and structural changes ranging from bacteria to biofilms. In this presentation, I will discuss several approaches that have been developed in recent years to investigate host–pathogen interactions in the context of human disease models, including single-cell and single-molecule force spectroscopies to probe bacterial adhesins, nanomechanical elastic mapping in biofilms and tissues, and cell-surface adhesion assays that reveal how host-related factors—such as matrix glycation or adhesin expression—can influence early surface colonization. This presentation will also highlight examples in which AFM can be used to probe extracellular vesicle–mediated communication across species, and how high-speed AFM can be harnessed to explore antimicrobial strategies at fast time scales. Taken together, these findings illustrate how integrating high-resolution mechanical measurements into microbiological research can provide a more complete picture of the processes that shape virulence, tissue susceptibility, and ultimately disease progression in human pathology.

Financing: ANID FONDECYT Regular 1220804

BIOCONTROL DE ENTEROBACTERIAS MULTIRRESISTENTES MEDIANTE FAGOS VIRULENTOS AISLADOS EN URUGUAY Y REINO UNIDO: CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL Y GENÓMICA, Y POTENCIAL TERAPÉUTICO

María Victoria Gutiérrez[1,2], Sebastián Rey[1,2], Daniela Megrian[3], Julieta Gurméndez[1], Guadalupe Liste[3], Federica Ferreira[4], Álvaro Olivera[5], Paula Perbolianachis[1,2], Natalia Echeverría[1,2]

(1) Universidad de la República, Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Investigaciones Nucleares, Facultad de Ciencias, Mataojo 2055, Montevideo, Uruguay
(2) Institut Pasteur Montevideo, Laboratorio de Evolución Experimental de Virus, Mataojo 2020, Montevideo, Uruguay
(3) Institut Pasteur Montevideo, Unidad de Bioinformática, Mataojo 2020, Montevideo, Uruguay
(4) Universidad de la República, Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Av. Dr. Alfredo Navarro 3051, Montevideo, Uruguay
(5) Universidad de la República, Laboratorio de Alta Resolución, Centro Universitario Regional Este, sede Rocha, Ruta Nacional N°9 intersección con ruta N°15, Rocha, Uruguay

Las infecciones causadas por enterobacterias multirresistentes, como *Klebsiella pneumoniae* y *Escherichia coli*, representan un creciente problema de salud pública, y Uruguay no es la excepción. Ante la disminución de alternativas terapéuticas efectivas, los bacteriófagos virulentos resurgen como herramientas prometedoras para su biocontrol. A nivel académico, nuestro grupo es pionero en Uruguay en abordar la caracterización funcional y genómica de fagos con potencial bioterapéutico contra patógenos de relevancia clínica. Este trabajo presenta resultados de dos estudios complementarios enfocados en conformar un biobanco de fagos aislados localmente y evaluar su capacidad lítica, así como la de fagos aislados en Reino Unido, frente a cepas clínicas uruguayas multirresistentes y formadoras de biofilms. Se aislaron 17 fagos virulentos en Uruguay (13 anti-*K. pneumoniae* y 4 anti-*E. coli*) y estamos trabajando con 26 fagos anti-*K. pneumoniae* previamente caracterizados en Reino Unido. Se evaluó su rango de hospedero sobre aislamientos clínicos locales representativos de los últimos 15 años, encontrando que entre el 10–30 % fueron susceptibles a al menos un fago, siendo los rangos de hospedero más acotados en *K. pneumoniae*. Los fagos más eficientes, y aquellos con indicios de codificar depolimerasas, fueron seleccionados para estudios en profundidad.

Mediante microscopía electrónica se confirmó su pertenencia a la clase Caudoviricetes y morfología myovirus. La secuenciación por Oxford Nanopore confirmó su naturaleza virulenta, ausencia de genes de virulencia y resistencia, y sugirió que algunos podrían representar nuevas especies virales. El análisis genómico y estructural permitió identificar dos depolimerasas distintas en un mismo genoma.

Los ensayos de estabilidad mostraron buena tolerancia a condiciones fisiológicas y de almacenamiento (pH 5–9; 4–42 °C), con pérdida de viabilidad en pH 3 y 60 °C. En cultivos líquidos, la mayoría logró inhibir tempranamente el crecimiento bacteriano, aunque se detectó emergencia de resistencia a las 5–6 h post-infección con los fagos de *K. pneumoniae*. Algunos

fagos también redujeron hasta un 50 % la biomasa de biofilms preformados, especialmente aquellos con depolimerasas putativas.

Estos resultados destacan el potencial de fagos locales y europeos como herramientas de biocontrol frente a enterobacterias multirresistentes en Uruguay, y sientan bases para el desarrollo de estrategias terapéuticas basadas en bacteriófagos.

Keywords: biofilms, biocontrol, fagos virulentos, enterobacterias MDR
Financing: Este trabajo ha sido financiado por un Proyecto Fondo María Viñas FMV_3_2024_1_180874 de la Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII) y con una beca de Maestría en Posgrados Nacionales (otorgada a Victoria Gutiérrez) - ANII.
Acknowledgments: Agradecemos a F.Aspiroz (FCIEN), P.Scavone (IIBCE), C.Márquez (FQ), N.Riera (IPMon), R.Vignoli (FMed) por las cepas bacterianas y a M.Victoria (CENUR) y M.Berois (FCIEN) por las muestras acuáticas. Fagos y bacterias europeos/as pertenecen a la colección KlebPhaCol (University of Southampton, UK).

BACTERIÓFAGOS AISLADOS DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS PARA EL POTENCIAL TRATAMIENTO DE MASTITIS BOVINA EN CHILE

Dacil Rivera[1]

(1) Universidad de Las Américas, Núcleo de Investigaciones en One Health (NIOH), Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía. Universidad de Las Américas, Santiago, Chile., Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía., Av. Walker Martínez 1360, Santiago, Chile

La mastitis bovina, causada principalmente por *Staphylococcus aureus* y estafilococos coagulasa negativos (SCN), continúa siendo uno de los principales desafíos sanitarios y económicos en la producción lechera. En el contexto chileno, la necesidad de alternativas seguras y sostenibles al uso de antibióticos motiva el desarrollo de bioproductos fágicos para la prevención y control de esta enfermedad.

Este estudio tuvo como objetivo aislar, caracterizar y evaluar fagos líticos conpotencial aplicación en el control de *Staphylococcus* spp. asociados a mastitis bovina.Se realizó un análisis piloto de bioprospección en lecherías de la macrozona centro y sur de Chile, recolectando muestras de leche, agua y materia orgánica. Los aislamientos fágicos se obtuvieron mediante enriquecimiento con cepas hospedero locales (seis *S. aureus* y seis SCN), y posterior purificación por doble capa de agar. Se aislaron diez partículas tipo virus (VLPs), de las cuales tres —VPL3, VPL6 y VPL9, mostraron el espectro de lisis más amplio frente a 38 cepas hospedero, incluyendo *S. aureus* multirresistente y SCN (*S. hyicus, S. epidermidis, S. xylosus, S. chromogenes*). Estas VLPs, renombradas como StaPhi-CL01, StaPhi-RM04 y StaPhi-MR05, fueron secuenciadas mediante Illumina HiSeq. El análisis genómico confirmó su naturaleza estrictamente lítica, ausencia de genes de virulencia o resistencia, y pertenencia a los géneros Kayvirus y Phietavirus. En ensayos de infección in vitro con la cepa S. aureus Sa_Vaca 8, los tres fagos demostraron elevada capacidad replicativa (hasta 2×10^9 PFU/mL) y reducción bacteriana sostenida (>1 Log en 90 min). Su aplicación combinada en cóctel (1:1:1, 10^8 PFU/mL) evidenció un efecto sinérgico superior al de los fagos individuales. Además, el cóctel mantuvo estabilidad en amplios rangos de temperatura (40–60 °C), pH (4–10) y salinidad (≤10 % NaCl). En conjunto, estos resultados validan la potencia lítica, inocuidad y estabilidad del cóctel StaPhi.

Keywords: (1) *Staphylococcus aureus*, (2) mastitis bovina, (3) fagoterapia, (4) Bacteriófagos
Financing: Núcleo de Investigaciones en One Health (NIOH). Universidad de las Américas. Chile.
Acknowledgments: Laboratorio de Genómica y Resistencia Microbiana (GeRM) de la Facultad deMedicina. Universidad del Desarrollo (UDD). Y al Núcleo de Investigaciones en One Health (NIOH). Universidad de las Américas Chile.

INTERACCIONES ECOLÓGICAS Y EVOLUTIVAS ENTRE FAGOS Y BACTERIAS

Roberto Bastías[1]

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

Las bacterias constituyen los microorganismos unicelulares más abundantes de la Tierra, y su dinámica poblacional está modulada por factores ambientales como la temperatura, la disponibilidad de nutrientes y la presencia de bacteriófagos que son sus depredadores naturales.

En el ambiente, fagos y bacterias forman redes de infección complejas que generan patrones de interacción complejos no aleatorios. Además, su interacción se enmarca en un proceso continuo de coevolución antagonista produciendo dinámicas tipo "carrera armamentista", donde se manifiestan mecanismos moleculares de adaptación (resistencia bacteriana) y de contra-adaptación en los fagos (incremento en su capacidad infectiva). Este tipo de interacciones genera evidencias en los genomas de los microorganismos, y además puede conducir a la permanencia o desaparición de especies o cepas determinadas.

Todas estas interacciones pueden verse modificadas ante cambios en las condiciones ambientales. En este contexto, este trabajo aborda las relaciones ecológicas y evolutivas entre bacterias y fagos bajo distintos escenarios. Como sistemas modelo se emplean bacterias del género *Vibrio*, uno de los grupos más comunes en ecosistemas marinos, y cepas pertenecientes al complejo Pseudomonas syringae, un fitopatógeno de alta relevancia para la agricultura nacional. Los resultados evidencian cómo las condiciones ambientales influyen en estos sistemas biológicos y subrayan la necesidad de comprender estos procesos al considerar la aplicación de fagos como agentes antimicrobianos.

Keywords: Bacteriófagos, *vibrio, pseudomonas syringae*, coevolución, redes de infección
Financing: Financiamiento: FONDECYT 1240615, FONDEF ID24I10127

AGUAS RESIDUALES COMO HERRAMIENTAS EN LA VIGILANCIA GENÓMICA

Jorge Olivares[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo de Resistencia a los antimicrobiamos en Bacterias Patógenas y Ambientales (GRABPA), Instituto de Biología, Ciencias, Avenida Universidad 330, Campus Curauma, Valparaíso, Chile

Background: La resistencia antimicrobiana (RAM) se evalúa principalmente en el ámbito hospitalario, dejando sin caracterización su circulación en la comunidad. En este contexto, las aguas residuales se han consolidado como una herramienta de vigilancia genómica capaz de integrar la presencia de genes de resistencia y microorganismos provenientes de poblaciones diversas. De manera complementaria, los establecimientos educacionales pueden actuar como centinelas urbanos, ya que representan puntos de muestreo altamente sensibles para detectar cambios en la microbiota comunitaria. En este estudio evaluamos las aguas residuales del Colegio Rebeca Matte Bello (Santiago de Chile) como centinela microbiológico, utilizando bacterias resistentes productoras de carbapenemasas como bioindicadores, incluyendo la detección de miembros del género *Aeromonas* portadores de estas enzimas, un hallazgo emergente en salud pública.

Métodos: Se recolectaron muestras compuestas de aguas residuales durante mayo y julio. De cada una, 50 mL fueron filtrados en membranas de 0,22 µm y sembrados en agar MacConkey suplementado con ciprofloxacino (CIP) o ceftazidima (CAZ) (2 µg/mL). Las colonias se agruparon por morfotipo y se sometieron a antibiogramas mediante sensidiscos siguiendo el panel CLSI (2023). Los aislados resistentes a carbapenémicos fueron evaluados mediante pruebas fenotípicas para detectar carbapenemasas, y los positivos se analizaron por PCR para identificar *blaKPC, blaVIM y blaNDM*. En paralelo, se filtraron otros 50 mL para la extracción de ADN y cuantificación de estos genes mediante qPCR.

Resultados: El índice de resistencia fue de 7,8% para CIP y 0,65% para CAZ. Un 20% de los aislados mostró resistencia a carbapenémicos (15% imipenem; 5% meropenem). Nueve aislados fueron positivos en la prueba fenotípica, y la PCR mostró: 4 KPC, 0 VIM y 9 NDM. Entre estos se identificaron aislados de *Aeromonas* productores de carbapenemasas. La qPCR reveló cargas de $4{,}7\times10^3$ (KPC), $4{,}5\times10^3$ (VIM) y $1{,}1\times10^3$ (NDM).

Conclusión: La presencia de genes de carbapenemasas en las aguas residuales del establecimiento —incluyendo *Aeromonas*— demuestra que los colegios pueden funcionar como centinelas efectivos y resalta el valor de la vigilancia genómica basada en aguas residuales para el monitoreo comunitario de RAM.

Financing: FONDECYT 1240316

VARIACIÓN ESTACIONAL EN LA MICROBIOTA ORAL Y NASOFARÍNGEA DE ESCOLARES: INFLUENCIA DE LA CIRCULACIÓN VIRAL

Juan Castro-Severyn[1,2], Nicolás Pacheco[1], Gabriel Kruger[1], Guillermo Valdivia[3], Sofia Quintana[1,4], Katterinne N. Mendez[1], Francisco Remonsellez Fuentes[2,5], Fernando Valiente[6], Gloria Arriagada[7], Jorge Olivares-Pacheco[8], Aldo Gaggero[4], Jorge Valdes[3], Claudia Saavedra Sanchez[1]

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular, One Health Institute, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile
(2) Centro de Investigación Tecnológica del Agua y Sustentabilidad en el Desierto (CEIT-SAZA), Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile
3) Bio-computing and Genome Biology Laboratory, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile
(4) Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile
(5) Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile
(6) Laboratorio de Virología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile
(7) Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina y Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile
(8) Grupo de Resistencia Antimicrobiana en Bacterias Patógenas y Ambientales (GRABPA), Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile

La iniciativa School MicroBE investiga cómo el ambiente construido influye en la microbiota nasofaríngea y oral de niños en edad escolar en relación con la circulación de virus respiratorios, mediante un estudio longitudinal realizado en una escuela pública de Santiago, Chile. Se recolectaron un total de 763 muestras de niños sanos de 4 a 13 años durante seis campañas (otoño, invierno y primavera) en los años 2023 y 2024. Mediante secuenciación de amplicones del gen 16S rRNA evaluamos la diversidad, composición, correlaciones y variación en la microbiota de ambos sitios anatómicos. Nuestros resultados muestran cambios estacionales significativos en la estructura del microbioma. La diversidad alfa aumentó de forma marcada entre otoño y primavera, mientras que en los análisis de diversidad beta no se identificaron comunidades microbianas claramente diferenciadas según la estación o sitio anatómico. La microbiota oral presentó consistentemente mayor diversidad que la nasofaríngea. Las taxas dominantes incluyeron *Moraxella* y *Streptococcus*. El agrupamiento jerárquico y los análisis de redes de transición evidenciaron dinámicas comunitarias cambiantes y posibles roles ecológicos de taxones clave en la configuración del microbioma a lo largo del tiempo. Actualmente estamos analizando las correlaciones entre los patrones microbianos observados en los niños y los virus respiratorios detectados en la población escolar. El panorama viral mostró un porcentaje de positivad entre el 15 al 50% entre ambos años y un predominio del rinovirus, seguido por coronavirus. Estos hallazgos destacan el efecto combinado de la variación temporal en el desarrollo de la microbiota de niños sanos y la posible influencia del ambiente construido en esta dinámica. Comprender

estos fenómenos puede contribuir a orientar estrategias de salud pública relacionadas con el control de infecciones y la susceptibilidad a patógenos en entornos escolares.

Keywords: Microbiota Oral, Microbiota Nasofaríngeo, Niños Sanos, Virus Respiratorios, Salud Publica
Financing: ANID Anillo ATE220007ANID FONDECYT Regular 1250419
Acknowledgments: A toda la comunidad de la Escuela Rebeca Matte Bello

BRIDGING MICROBIOLOGY AND ASTROBIOLOGY IN THE SEARCH FOR LIFE BEYOND EARTH

David Holmes[1]

(1) Universidad San Sebastián, Fundación Ciencia y Vida, Medicina, Av. del Valle Nte. 725, 8580704 Huechuraba, Santiago, Chile

Astrobiology—the study of life in its cosmic setting—is rapidly becoming a field where microbiology can make transformative contributions. On Earth, microorganisms flourish in environments as varied as acidic hot springs, volcanic regions, hypersaline lakes, the deep subsurface, arid deserts, and frozen polar regions. These extremophiles stretch our understanding of life's limits and provide living analogues for conditions that may exist, or once existed, on worlds such as Mars, Venus, Europa, and Enceladus.

But the potential for microbiologists in astrobiology goes far beyond cataloguing extremophiles. Genomic, metabolic, and ecological insights from microbes can inform models of extraterrestrial metabolisms, guide the design of life-detection missions, and refine planetary-protection strategies. At the same time, astrobiology compels microbiologists to revisit fundamental questions: What truly constitutes a biosignature, and how could it be distinguished from abiotic chemistry? How do we recognize life without relying solely on Earth-based templates By integrating microbiology with geobiology, chemistry, and astronomy, we can begin to view life not merely as an Earth-bound occurrence but as a universal possibility driven by the laws of physics and chemistry. For microbiologists, astrobiology is both an invitation to expand their research horizons and a chance to help answer one of humanity's deepest questions: Are we alone?

Keywords: Astrobiology;
Financing: ANID/BASAL/FB210008

SULFUR WORLDS ON EARTH: MICROBIAL SUCCESSION AND ASSEMBLY IN AN EXTREMELY ACIDIC VOLCANIC RIVER.

Raquel Quatrini[1,2]

(1) CCTE Ciencia y Vida, Fundación Ciencia y Vida, Santiago, Chile.
(2) Universidad San Sebastián, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile.

Sulfur plays a pivotal role in planetary geochemistry and microbial bioenergetics. It exists in multiple oxidation states, fuels redox reactions critical to early metabolism, and is widespread across rocky bodies in the solar system—including Venus, Mars, Europa, Enceladus and Io. On Earth, sulfur-rich environments provide powerful natural laboratories for studying habitability under extreme conditions and exploring biosignature formation relevant to astrobiology. These include hydrothermal vents, acid-sulfate crater lakes, subglacial fumaroles, and sulfidic volcanic rivers, which replicate key geochemical and ecological features of early Earth and sulfur-dominated extraterrestrial terrains. Chile is uniquely positioned to advance astrobiological research on sulfur-rich analogs, thanks to its diversity of volcanic, hydrothermal, and acid-sulfate systems. The Copahue-Caviahue Volcanic Complex (CCVC) is a prime example—its persistent magmatic degassing sustains acidic rivers and sulfur-laden springs, generating steep physicochemical gradients that shape microbial community dynamics. Río Agrio Superior within this system exemplifies an Earth-bound sulfur world, with pH<3, high concentrations of sulfate and elemental sulfur, and variable hydrology. Our research integrates high-resolution 16S rRNA gene surveys and shotgun metagenomics to uncover distinct compositional and structural patterns across CCVC habitats. These efforts reveal not only shifts in community states along geochemical gradients but also lead to the discovery of previously uncharacterized microbial lineages, some of which appear to occupy unique ecological niches or act as functional keystone species in sulfur-rich microhabitats. Complementary in situ and in vitro colonization assays using elemental sulfur beads reveal structured microbial succession: initial colonization by autotrophic sulfur oxidizers followed by the emergence of heterotrophic biofilm-formers, indicating clear functional and phylogenetic transitions. Ecological modeling further shows that microhabitat characteristics and hydrodynamic regimes modulate the balance between deterministic (selection) and stochastic (drift, dispersal limitation) assembly processes acting on these communities. By dissecting how microbial communities colonize and adapt to sulfur-rich, highly acidic environments, this work provides insight into ecological resilience, succession, and biosignature potential in planetary analog systems. It establishes Río Agrio and the broader CCVC as valuable testbeds for understanding the limits of life and refining life-detection strategies on sulfur-rich worlds beyond Earth.

Keywords: microbial communities, extremophiles, sulfur cycle, succession, volcanoes
Financing: ANID/Fondecyt 1221035, ANID/BASAL/FB210008

USING METABOLIC NETWORKS AS A FRAMEWORK FOR BIOSIGNATURE GAS DETECTION

Ricardo Cabrera[1], Valentina Gómez[1], Natalia Inostroza[2]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Biologia, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile(2) Universidad de Chile, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

Life detection efforts primarily rely on studying gas biosignatures due to their unique properties, which make them detectable over interstellar distances. Materials produced by biological systems, including volatile byproducts, accumulate in environments where life is active; therefore, volatile metabolic byproducts are crucial for biosignature detection, provided they offer a distinctive chemical fingerprint of biological activity. In this context, several studies have examined specific gases such as methane, phosphine, and sulfur compounds (e.g., dimethyl sulfide) as potential signs of biological activity, discussing their production mechanisms on Earth and the challenges of distinguishing biotic from abiotic origins in exoplanetary atmospheres. Moreover, in 2016, Seager et al. developed a comprehensive list of volatile molecules that could serve as potential biosignature gases to provide a framework for future exoplanet research. This presentation shows how molecules from this list map onto metabolic networks in the Earth biosphere to evaluate how these volatile compounds sample the chemical space that has been explored through biochemical evolution on Earth. However, the search for life is not limited to "oxic" (oxygen-rich) biospheres, such as present-day Earth; anoxic biospheres, which existed for a significant portion of Earth's history, also produce specific gas biosignatures that could be detectable. The present work also uses metabolic networks to predict potential biosignatures in anoxic biospheres by reconstructing an ancient anaerobic metabolome. The transition from anaerobic to aerobic metabolic networks was characterized by an enormous expansion of redox reactions; nevertheless, the molecules on the Seager's list can still cover reactions in four of the seven enzymatic classes in both types of metabolic networks. From a general standpoint, the use of metabolic networks shifts the search for biosignatures beyond the mere chemical presence to the understanding the processes of life itself that produce these volatile molecules, enabling a more informed and comprehensive search for life in a wide range of exoplanetary environments.

Keywords: Biosignatures, Metabolic networks, Life detection, Exoplanet atmospheres
Financing: ANID/Fondecyt 1221936; ANID/Fondecyt 1241193

PROPIEDAD INDUSTRIAL Y MICROBIOLOGÍA: OPORTUNIDADES EN EL MUNDO DE LA INVESTIGACIÓN

Virgilio Topasio Maluk[1]

(1) MICP Abogados, Patentes, Av. Isidora Goyenechea 3621 piso 18, Las Condes, Santiago, Chile

La propiedad industrial es una herramienta fundamental para que la investigación, desarrollo y transferencia de nuevas tecnologías, incluyendo la mejora de las ya existentes, tengan impacto social efectivo.

En efecto, los derechos de propiedad industrial otorgan a su titular el derecho a explotar de manera exclusiva, con ciertas limitaciones, la tecnología protegida. De este modo, los derechos de propiedad industrial funcionan como un incentivo a la inversión en investigación y desarrollo, toda vez que otorgan a su titular la expectativa de poder recuperar y rentabilizar la referida inversión.

Los derechos propiedad industrial son particularmente relevantes en aquellos casos en que los fondos públicos disponibles no son suficientes para completar el proceso de transferencia tecnológica, ya que, en caso de no haber incentivos a la inversión, existe el riesgo de que la tecnología nunca tenga impacto efectivo en la sociedad y que, como contrapartida, los montos invertidos a la fecha se transformen en un costo hundido.

Uno de los derechos de propiedad industrial más relevantes en relación a tecnologías vinculadas a la microbiología, son las patentes de invención, las que permitenproteger productos o procesos que cumplan con los requisitos de patentabilidad, a saber, novedad, nivel inventivo y aplicación industrial, siempre y cuando no incurran en una exclusión de patentabilidad.

Sin embargo, las patentes no son siempre son la mejor opción, existiendo otras alternativas como los secretos comerciales o la protección por vía contractual. Por lo tanto, es importante diseñar una estrategia de protección en el momento y forma adecuada.

En síntesis, esta presentación se centrará en abordar la conveniencia del patentamiento dependiendo de las circunstancias del caso, así como también en entregar recomendaciones concretas a investigadores, a fin de que puedan recopilar la información necesaria durante el proceso de desarrollo, para que tengan mayor probabilidad de obtener una patente, cuando la estrategia de transferencia tecnológica haga necesario el obtener una patente. La relevancia de lo anterior, el potencial de patentamiento no siempre depende del mérito científico detrás de la invención, sino que también de la forma en que se hayan preparado los datos experimentales durante el proceso de desarrollo.

Keywords: Propiedad industrial, Transferencia tecnológica, Patentes de invención, Microbiología

PATENTES EN MICROBIOLOGÍA: CLAVES PARA POTENCIAR LA INNOVACIÓN Y LA PROTECCIÓN DE INVENCIONES

Allison Ortega Del Valle[1]

(1) MICP abogados, Patentes, Av. Isidora Goyenechea 3621 piso 18, Las Condes, Santiago, Chile

La propiedad industrial (P.I.) tiene por objeto fomentar la innovación, la creación y la transferencia tecnológica de invenciones o creaciones por medio de diferentes herramientas, y además, proporcionar derechos exclusivos a titulares sobre invenciones o creaciones a cambio de que éstas sean puestas a disposición del público de modo que terceros puedan beneficiarse de los nuevos conocimientos y contribuir así al desarrollo tecnológico.

Una de las herramientas que dispone la P.I. en Chile, son las patentes de invención, las que permiten proteger los derechos de los inventores de una tecnología, siempre y cuando la invención cumpla con los requisitos de patentabilidad, a saber, novedad, nivel inventivo y aplicación industrial.

En este contexto, las patentes de invención permiten proteger tecnologías del área de la microbiología, que comprenden por ejemplo el desarrollo y producción de antibióticos, vacunas, probióticos, biofertilizantes, entre otras.

A diferencia de otras áreas de la salud, la microbiología ofrece una gran versatilidad para el desarrollo de tecnologías, sin embargo, las mismas no se encuentran exentas de desafíos que resolver, como por ejemplo: determinar si la tecnología satisface los requisitos de patentabilidad, si dispone de datos experimentales que demuestren características inventivas, si se cuenta con el depósito de microorganismos correspondiente, y si existen herramientas de propiedad intelectual apropiadas, como solicitudes provisionales, patentes internacionales según el Tratado de Cooperación en materia de Patentes (PCT) o acuerdos multilaterales como el Convenio de París, dependiendo del estado de desarrollo de la tecnología.

En síntesis, la presentación abordará distintos aspectos técnicos/jurídicos a considerar al momento de solicitar una eventual solicitud de patente para efectos de proteger una tecnología.

Keywords: Propiedad industrial, Patentes de invención, Microbiología, Transferencia tecnológica

INNOVACIÓN Y PROTECCIÓN: EXPERIENCIAS Y DESAFÍOS EN LA PROTECCIÓN DE INVENCIONES EN LA INDUSTRIA ACUÍCOLA.

Cristián Leonardo Socías Muñoz[1], Claudio Araneda Beas[1]

(1) AQP SPA, Av. Presidente Kennedy Lateral 5488 Of 405 Sur Vitacura, Santiago, Chile

Las enfermedades causadas por Caligus (*Caligus rogercresseyi*) representan uno de los principales desafíos para la salmonicultura, generando importantes pérdidas económicas y afectando considerablemente el bienestar animal. Los tratamientos tradicionales, basados principalmente en antiparasitarios químicos como piretroides sintéticos, organofosforados, lactonas macrocíclicas, reguladores del crecimiento y agentes oxidantes, muestran limitaciones vinculadas a la resistencia antimicrobiana y los riesgos medioambientales asociados.

Frente a este escenario, es necesario innovar en el desarrollo de nuevas alternativas seguras y eficaces para la prevención y tratamiento de estas patologías, especialmente aquellas que afectan a los salmónidos. En este proceso, la propiedad industrial (PI) adquiere una relevancia estratégica, permitiendo proteger tecnologías innovadoras, tales como nuevas composiciones para el control de ectoparásitos en peces.

No obstante, el proceso de protección tecnológica conlleva relevantes desafíos y oportunidades que ameritan análisis. Entre ellos destaca la importancia de determinar la pertinencia de la PI respecto a cada tecnología, evaluando si corresponde salvaguardarla mediante una patente de invención, secreto industrial, registro de marcas u otros mecanismos, así como conocer los requisitos exigidos por cada sistema de protección, siempre apoyado por datos experimentales robustos para sustentar la novedad y actividad inventiva de la tecnología propuesta. En este contexto, también es esencial saber identificar las herramientas disponibles dentro de la PI, como la presentación de solicitudes provisionales, patentes internacionales mediante el Tratado de Cooperación en Materia de Patentes (PCT) o convenios multilaterales como el Convenio de París, según la estrategia de protección y el estado de desarrollo tecnológico.

En esta presentación se compartirán experiencias, desafíos y oportunidades que surgen en el proceso de protección de tecnologías aplicables a la industria acuícola.

Keywords: *Caligus rogercresseyi,* Antiparasitarios, Salmonicultura, Propiedad Industrial, Patentes de Invención

REGULACIÓN Y FUNCIÓN DE UNA FOSFODIESTERASA GATILLO QUE INTERVIENE EN LA SEÑALIZACIÓN POR DI-GMP-C EN *V. PARAHAEMOLYTICUS.*

David Zamorano-Sánchez[1]

(1) Universidad Nacional Autónoma de México, Programa de Microbiología Genómica, Centro de Ciencias Genómicas, Cuernavaca, Morelos, Mexico

El segundo mensajero diguanilato cíclico (di-GMP-c) juega un papel central en los mecanismos de transducción de señales empleados por una gran variedad de especies bacterianas para adaptar su comportamiento en respuesta a alteraciones fisicoquímicas en su ambiente. En *Vibrio* spp. el di-GMP-c controla procesos fundamentales como la formación de biocapas bacterianas, el desplazamiento mediado por flagelos y la virulencia. En un esfuerzo por caracterizar nuevos módulos de señalización por di-GMP-c en *V. parahaemolyticus*, nuestro grupo de investigación identificó y caracterizó una fosfodiesterasa (PDE) capaz de degradar a este segundo mensajero además de regular su propia transcripción en un proceso favorecido por bajos niveles de di-GMP-c. A estas enzimas con actividad regulatoria se les denomina PDE gatilllo y por ello nombramos a esta PDE *TpdA*. Fuera de *Escherichia coli*, se sabe poco sobre la importancia de las PDE gatillo en el control dinámico de la transducción de señales. Para obtener pistas sobre la contribución de *TpdA* al control del comportamiento bacteriano hemos empezado a caracterizar módulos de señalización que son capaces de controlar su expresión. Nuestros hallazgos sugieren que la expresión de *tpdA* está sujeta a múltiples entradas sensoriales. Algunos de los módulos de señalización que controlan la expresión de *tpdA* lo hacen a través de la modulación de los niveles de di-GMP-c como es el caso de los módulos controlados por *OpaR y VtrB*. Sin embargo, el módulo de señalización operado por el regulador de la virulencia ToxR regulaa tpdA independientemente de los niveles de di-GMP-c. *OpaR, ToxR y VtrB* controlan comportamientos sociales como la virulencia y la competencia bacteriana interespecie, por lo que especulamos que el di-GMP-c y *TpdA* pudieran jugar un papel central en la regulación de dichos comportamientos en *V. parahaemolyticus.*

Keywords: *vibrio, di-GMP-c, parahaemolyticus*
Financing: Este trabajo fue financiado directamente por DGAPA-PAPIIT a través de los proyectos IA200519 y IA201821 e indirectamente por los proyectos IA203323 y IN209225. JEAS es apoyado con una beca de estudios de Doctorado del antiguo CONAHCYT ahora SECIHTI.

REGULATION OF BIOFILM FORMATION BY NON-CODING RNAS IN THE SALMONID PATHOGEN *YERSINIA RUCKERI*

María José Barros Gamonal[1], Lillian G. Acuña Olivares[1], Iván L. Calderón Lizana[1]

(1) Laboratorio de RNAs Bacterianos, Centro de Investigación de Resiliencia a Pandemias, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.

Yersinia ruckeri, the causative agent of redmouth disease in salmonids, represents a relevant health challenge in aquaculture due to its ability to form biofilms on abiotic surfaces present in salmon culture facilities. These biofilms facilitate persistent and recurrent infections, acting as bacterial reservoirs that are difficult to eradicate. The formation of biofilms depends on a complex regulatory network that coordinates the transition from a planktonic state to a sessile lifestyle, a process that includes the second messenger c-di-GMP. High concentrations of c-di-GMP promote exopolysaccharide (EPS) synthesis and biofilm stabilization. The enzymes diguanylate cyclase, which synthesize it, and phosphodiesterases, which degrade it, participate in the metabolism of this second messenger.

In several bacteria, post-transcriptional regulation mediated by the Hfq chaperone protein and Hfq-dependent sRNAs have been identified as a key mechanism to modulate the expression of genes linked to physiological processes such as biofilm formation. However, the specific role of these regulators in salmonid pathogens such as Y. ruckeri has been little or no explored. In this study we investigated the role of Hfq and the Hfq-dependent sRNAs RprA, ArcZ and RybB in biofilm formation in a virulent strain of Y. ruckeri isolated in the X Region of Chile.

We characterized the transcriptome of biofilm-forming cells and identified, among the overexpressed sRNAs, RprA, ArcZ, and RybB. To analyze their role in the process, we analyzed the motility, biofilm formation capacity and three-dimensional architecture in mutant strains lacking hfq (*Δhfq*) or each of these sRNAs (ΔsRNA).

Our results show that both *Δhfq* and ΔsRNA mutants present significant alterations in biofilm formation, including changes in density, structure and composition of the extracellular matrix, as well as variations in cell morphology and motility. Gene expression analysis suggests that these sRNAs modulate central regulatory factors, as well as flagellar and phosphodiesterase genes, affecting c-di-GMP levels.

Together, our findings demonstrate that Hfq and Hfq-dependent sRNAs fulfill essential regulatory functions in the formation of biofilms in Y. ruckeri, influencing motility, matrix composition and/or c-di-GMP metabolism.

Keywords: Biofilm, c-di-GMP, sRNA, Hfq, *Yersinia ruckeri*
Acknowledgments: Beca Doctorado ANID Proyecto FONDECYT 1221610

IDENTIFICACIÓN DE UNA NUEVA PROTEÍNA EFECTORA ADP-RIBOSILTRANSFERASA DEL T3SS2 DE *VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS*

Carlos Blondel[1]

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

Vibrio parahaemolyticus es la principal causa de gastroenteritis bacteriana transmitida por el consumo de alimentos marinos a nivel mundial. Una característica distintiva del clon pandémico O3:K6, y sus derivados, es la presencia de un segundo sistema de secreción de tipo III (T3SS2), filogenéticamente distinto, codificado dentro de la isla genómica VPaI-7. El T3SS2 media citotoxicidad celular in vitro y enterotoxicidad in vivo, siendo considerado el principal factor de virulencia de esta bacteria. Los T3SS son nanomáquinas con forma de aguja que median la entrega de proteínas (efectores) al interior de células eucariontes infectadas perturbando diversos procesos celulares. Doce proteínas efectoras han sido descritas para el T3SS2, sin embargo, se desconoce el repertorio completo de proteínas efectoras de este sistema. En este trabajo, realizamos un análisis sistemático de cada ORF de la isla VPaI-7 para la identificación de nuevos componentes del T3SS2. Nuestro análisis identificó a VPA1312 (VopU) como un nuevo candidato a proteína efectora del T3SS2. Análisis bioinformáticos basados en secuencia y comparación de estructuras, revelaron la presencia de un dominio ADP-Ribosiltransferasa con una triada catalítica atípica H-Y-Q e identificaron homólogos a VopU en otros 4 géneros bacterianos. Ensayos de translocación en células HT-29 y Caco-2, basados en fusiones con el dominio CyaA, demostraron que VPA1312 es translocado a través del T3SS2 independiente de la chaperona VocC. Ensayos de infección en distintos tipos celulares determinaron que VPA1312 no contribuye a la citotoxicidad ni supervivencia intracelular de *V. parahaemolyticus* pero que tendría un efecto en la arquitectura del citoesqueleto. Por otro lado, experimentos de infección y transfección celular en células HeLa demostraron que VopU es capaz de ADP-ribosilar una proteína de aproximadamente 20 kDa y que dicha ADP-ribosilación es dependiente de la triada catalitica H-Y-Q. En conclusión, hemos demostrado que VopU es un nuevo efector con actividad ADP-ribosiltransferasa del T3SS2, siendo la segunda proteína con dicha actividad descrita para *V. parahaemolyticus*.

Keywords: *vibrio*, T3ss, interacción patógeno-hospedero
Financing: FONDECYT REGULAR 1241637

WHAT A COLORFUL POLE: INSIGHTS INTO ANTARCTIC SNOW ALGAE BLOOMS

Daniela Soto Vergara[1]

(1) Sin Afiliación

Snow algae blooms, found in melting snowfields worlwide, are characterized by complex microbial communities dominated by green microalgae, bacteria, fungi, among others microorganisms. These communities alter snow color, reduce albedo, and may intensify snow melting. In Antarctica, these communities form under challenging conditions and variable nutrient levels during rapid snowmelt. Despite that environmental filtering, which includes factors such as nutrient availability, seems influential on the microbial community assembly, the specific nutrient content like nitrate, ammonium, phosphate, and organic carbon may not significantly impact the microbial community structure. A study tracking the progression of these communities in Antarctica indicates that bacterial composition is governed by selective forces, while eukaryotic community assembly follows stochastic processes, and in some cases snow algae experience dispersion limitations. Thus, the transition from green cells to red dormant propagules emerges as a critical factor in snow algae ecology, facilitating successful in situ reestablishment and dispersion across geographical locations.

PUSHING THE BOUNDARIES OF HYDROCARBON BIOREMEDIATION AT NEAR-ZERO TEMPERATURES IN CONTINUOUS BIOREACTORS

Ignacio Poblete-Castro[1]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Chemical and Bioprocess Engineering, Engineering

Hydrocarbon pollution derived from petroleum represents a significant environmental challenge due to its chemical complexity, low solubility, and ecotoxicity. This issue is particularly exacerbated in cold ecosystems, where low temperatures limit natural degradation and the application of remediation technologies. In this context, diesel bioremediation using microorganisms from extreme environments, such as Antarctica, constitutes a promising strategy to mitigate the environmental impacts of this contaminant. However, to date, studies on the biodegradation of aliphatic hydrocarbons and polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) at low temperatures (4 °C) remain limited.

To address this problem, the LR consortium—originally isolated from the rhizosphere of Deschampsia antarctica on Livingston Island—was acclimated to 4 °C using diesel as the sole carbon source, yielding the LR-4 consortium. This consortium exhibited a high hydrocarbon-degrading capacity, supporting its potential application in bioremediation processes under psychrophilic conditions. In this study, the diesel-degrading ability of the LR-4 consortium was evaluated through kinetic assays at different substrate concentrations, along with the development, modeling, and optimization of the first reported continuous diesel bioremediation system at 4 °C. A mathematical model to avoid substrate inhibition was developed and tested in continuous culture using the LR-community, achieving 95% diesel degradation at a rate of 0.94 g/L·d, with contributions from *Acinetobacter* (60%), *Pseudomonas* (10%), and *Stenotrophomonas* (8%). A metagenomic analysis was also conducted to elucidate the metabolic pathways involved during diesel bioremediation.

Keywords: Bioremediation, diesel, bioreactor, Antarctic bacterial community, low temperature
Financing: ANID Fondecyt 1240871
Acknowledgments: ANID

DO MICROBES TRAVEL FROM PATAGONIA TO ANTARCTICA?

Eduardo Castro Nallar[1]

(1) Universidad de Talca, Instituto de Ciencias Biológicas, Avenida Lircay s/n, Talca, Chile

The atmosphere represents a vast yet historically understudied ecosystem, despite its central role in linking terrestrial and aquatic environments and transporting biological propagules and anthropogenic particles. Understanding how microorganisms disperse through the atmosphere is especially relevant in regions such as southern South America and the Antarctic Peninsula, where long-distance eolian transport may facilitate ecological connectivity between distant landmasses.

In this study, we examined whether microbial communities from southern Patagonia can reach Antarctica through atmospheric transport. We sampled soil, seawater, and air across multiple sites in Southern Patagonia and on Robert Island (62°S) and Doumer Island (64°S) in the Antarctic Peninsula. Using metabarcoding of the 16S rRNA, ITS, and 18S rRNA genes, we characterized bacterial, fungal, and other eukaryotic assemblages. To complement the biological data, we performed HYSPLIT back-trajectory simulations to assess potential atmospheric pathways between the two regions.

Across all sampled environments, air microbiomes showed greater similarity to each other than to their corresponding soil or seawater communities, suggesting that airborne microbial assemblages share taxa across latitudes. Despite this similarity, airborne communities were consistently less diverse than soils. Core microbiome analyses revealed that although soils and air shared 531 ASVs, an additional 351 ASVs were exclusive to the air, indicating a substantial airborne-specific component. Microbial turnover was greatest between soil and air habitats, and air communities displayed clear geographic structure along the latitudinal gradient. Functional inference suggested that the air microbiome is enriched in metabolic pathways associated with methanol oxidation, methylotrophy, and sulfur compound processing—functions consistent with atmospheric chemistry influenced by dimethyl sulfide (DMS) and related molecules.

Source-tracking analyses demonstrated that most microbes in Antarctic air originate locally, with contributions from Antarctic soils. Notably, the southernmost Patagonian site, Navarino Island (55°S), contributed approximately 10% of its airborne microbiome and 4% of its soil microbiome to Antarctic air communities, supporting the existence of a biological teleconnection. Atmospheric trajectory modeling further indicated that Pacific winds can transport air parcels from Patagonia toward Antarctica, especially toward Robert Island. Overall, our findings show that while Antarctic airborne microbiomes are primarily shaped by local sources, southern Patagonia contributes detectable microbial inputs, evidencing long-distance atmospheric connectivity between the two regions.

Financing: ACT192057

EXTRACELLULAR VESICLES OF *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*: CHALLENGES AND OPPORTUNITIES.

Tania Henríquez Apablaza[1], Mariangela Gentile[2], Eugenio Paccagnini[2], Pietro Lupetti[2], Chiara Falciani[1]

(1) University of Siena, Department of Medical Biotechnologies, Via Aldo Moro 2, 53100 Siena, Italia
(2) University of Siena, Department of Life Sciences, Via Aldo Moro 2, 53100 Siena, Italia

Pseudomonas aeruginosa is a versatile pathogen capable of causing diseases ranging from mild infections to life-threatening conditions. Its virulence is due to a wide range of factors, including extracellular vesicles (EVs), which are recognized as important elements with physiological and pathogenic functions.

However, the full scope of these vesicles in *P. aeruginosa* is still unclear. One of the main barriers to the characterization of EVs is the difficulty of extraction: procedures are often lengthy, yield is low, and specialized equipment is required.

In this context, we will discuss our progress in developing an effective and rapid vesicle extraction method. In parallel, we will discuss our findings and those of other groups regarding the protein content of vesicles and their possible role in resistance and pathogenicity. Finally, we will briefly explore the real potential of EVs as biotechnological tools.

This presentation is expected to provide a framework for future collaborations in all aspects of research on extracellular vesicles from *P. aeruginosa*, contributing to the advancement of this field.

Keywords: Extracellular vesicles, EVs, *Pseudomonas aeruginosa*, Patogenicity
Financing: PNRR - (M4C2 I1.2) Young Researchers 2024 – Seal of Excellence SoE-n 101103041

FIEBRE Q Y PSITACOSIS EN CHILE: DIAGNÓSTICO DE ZOONOSIS SUBDIAGNOSTICADAS CON POTENCIAL EPIDÉMICO.

Teresa Tapia Espinoza[1], Paulo Covarrubias[2], Daniel Ibañez[1], Marcelo Rivera[1], Carlos Serrano[2], Pamela Araya[1], Juan Carlos Hormazabal[3]

(1) Instituto de Salud Pública de Chile, Bacteriología, Subdepartamento de Enfermedades Infecciosas, Biomédico, Marathon 1000, Santiago, Chile
(2) Instituto de Salud Pública de Chile, Subdepartamento de Genómica y Genética Molecular, Biomédico, Marathon 1000, Santiago, Chile
(3) Instituto de Salud Pública de Chile, Subdepartamento de Enfermedades Infecciosas, Marathon 1000, Santiago, Chile

Coxiella burnetii y *Chlamydophila* psittaci son patógenos intracelulares que causan fiebre Q y psitacosis, respectivamente, zoonosis emergentes de creciente impacto en Chile. Su presentación clínica inespecífica y la limitada disponibilidad de pruebas específicas han favorecido el subdiagnóstico, evidenciado por brote de fiebre Q en 2017 y de psitacosis en Osorno en 2021. Estos agentes afectan principalmente a trabajadores ganaderos y profesionales de la salud expuestos, con potencial de diseminación ocupacional y ambiental. En un escenario de cambio climático que facilita la expansión de zoonosis a nuevas áreas geográficas, se requiere fortalecer el diagnóstico diferencial. La vigilancia se ha sustentado en la clínica y la serología en pacientes con infecciones respiratorias agudas atípicas, incorporando técnicas de tamizaje y confirmación transferidas de laboratorios de referencia internacionales y adaptadas al contexto nacional. Se implementó el diagnóstico de fiebre Q y psitacosis mediante inmunofluorescencia indirecta (IFA) y qPCR en diversas muestras clínicas. Paralelamente, se desarrolló un PCR múltiple en tiempo real con marcadores específicos para estas bacterias, aplicado a casos de neumonía atípica notificados al Instituto de Salud Pública de Chile. Además, se evalúa la secuenciación del gen 16S rRNA mediante tecnología Nanopore como estrategia de identificación secundaria en muestras con resultados negativos. Durante el brote de fiebre Q (2017–2019), la IFA confirmó infección por *C. burnetii* en aproximadamente 20% de 357 pacientes sospechosos. En paralelo, un estudio de seroprevalencia en una muestra representativa de la población chilena ≥15 años mostró una seropositividad nacional de 3,0%, con mayor riesgo en la macrozona sur y adultos mayores. En el brote de psitacosis de 2021, la qPCR específica y/o la IFA confirmaron la infección por *C. psittaci* en 11 pacientes hospitalizados, incluidos trabajadores pecuarios y personal de salud expuesto. El diagnóstico molecular y serológico de *C. burnetii* y *C. psittaci* constituye un avance para la vigilancia y respuesta frente a zoonosis emergentes, permite intervenciones clínicas dirigidas, fortalece la vigilancia activa en grupos de riesgo y fundamenta acciones de salud pública como la notificación obligatoria, las medidas de control sanitario y el uso racional de equipos de protección personal, con un enfoque de Una Salud.

Keywords: Zoonosis emergentes, *Coxiella burnetii, Chlamydophila psittaci*, Vigilancia
Financing: Proyecto de I+D en convenio con el Ministerio de Ciencias, Tecnología, Conocimiento e Innovación.Instituto de Salud Pública de Chile.

ANTIBIOTIC FAILURE BEYOND RESISTANCE, TOLERANCE, PERSISTENCE AND BIOFILMS

Gerardo Cárcamo Oyarce[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Biomedicina, Enfermedades Infecciosas del Adulto, Ciencias Biológicas, Medicina, Marcoleta 49, Santiago, Chile

Antibiotics stand among the most transformative innovations in human history, fundamentally reshaping global health and enabling the development of modern medicine. Their introduction turned previously lethal infections into manageable conditions, dramatically reducing mortality, extending life expectancy, and making possible the safe performance of complex surgeries, transplants, cancer therapies, neonatal care, and intensive care interventions. However, antibiotic resistance undermines the effectiveness of these therapies by enabling bacteria to survive treatment, making infections harder, and sometimes impossible, to cure. Consequently, combating antibiotic resistance is one of the highest global health priorities, essential for preserving the effectiveness of modern antimicrobial therapies and ensuring the safety of routine medical care.

Beyond resistance, there is a less studied but equally important phenomenon: bacteria that are “technically susceptible” yet survive exposure to antibiotics at concentrations that standard methods indicate should be effective. This phenomenon, broadly referred to as antibiotic tolerance, results from complex and multifaceted bacterial phenotypes. Gaining mechanistic insight into tolerance requires the design of experimental conditions that accurately reproduce tolerant states in laboratory settings. Using chronic infections in patients with muco-obstructive airway diseases as a case study, we discuss the limitations of traditional approaches to studying the biofilm biology of the opportunistic pathogen Pseudomonas aeruginosa, and highlight the potential of focusing on host-derived factors, such as extracellular DNA, to recreate the three-dimensional environments encountered by bacteria throughout infection. Ultimately, we propose that a deeper understanding of the bacterial determinants of antibiotic tolerance is crucial for developing therapeutic strategies capable of specifically targeting tolerant cells and improving clinical outcomes.

Keywords: Biofilms, Tolerance, antibiotics, eDNA
Financing: Fondecyt Regular 2025 1251803

RESERVORIOS AMBIENTALES DE RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS: VIGILANCIA GENÓMICA EN AGUAS Y SUELOS DE CHILE.

Esteban Alfredo Paredes Osses[1], Juan Ugalde[2], Carlos Serrano Pinto[1], Paulo Covarrubias Pizarro[1], Teresa Tapia[1], Maria Cristina Martínez Hernández[1]

(1) Instituto de Salud Pública de Chile, Marathon 1000, Ñuñoa, Santiago, Chile
(2) Universidad Andrés Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Republica 330, Santiago, Chile

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye una amenaza creciente para la salud pública, impulsada no solo por el ámbito clínico, sino también por reservorios ambientales que actúan como fuentes y corredores de transmisión de bacterias resistentes y genes de resistencia (ARGs). En Chile, la comprensión de estos reservorios es aún limitada, pese a su importancia para la agricultura, el abastecimiento de agua y la exposición humana. En este estudio caracterizamos la microbiota y el potencial resistoma presente en muestras de agua y suelo obtenidas en cuatro zonas del país (Atacama, Metropolitana, Biobío y Magallanes), complementado con un muestreo ampliado de 20 canales de regadío de la Región Metropolitana.

Se aplicaron metodologías metagenómicas basadas en secuenciación de Nanopore para determinar abundancias relativas, perfiles taxonómicos y la presencia de bacterias indicadoras de riesgo sanitario. Los resultados muestran una alta heterogeneidad espacial en la composición microbiana, con comunidades dominadas por géneros ambientales como P*seudomonas, Rhodoforax, Polynucleobacter, Telluria y Limnohabitans*, cuya distribución varía según cuenca y matriz (agua vs. suelo). Los análisis jerárquicos revelaron la presencia de bacterias patógenas ambientales relevantes, incluyendo *Legionella, Leptospira, Burkholderia, Stenotrophomonas, Cronobacter y Campylobacter*, en concentraciones diferenciales entre regiones.

Asimismo, se detectaron miembros del grupo ESKAPEE en múltiples puntos, particularmente *Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Enterobacter* spp. y *Escherichia coli,* destacando su presencia en varios canales de regadío utilizados para actividades agrícolas. La cartografía geoespacial permitió identificar patrones locales de riesgo y áreas con mayor co-ocurrencia de especies clínicamente relevantes. En matrices de suelo, aunque la abundancia relativa de microorganismos fue menor, se observó la persistencia de taxones asociados a resistencia y la presencia de géneros capaces de albergar ARGs móviles.

Estos hallazgos refuerzan la necesidad de integrar la vigilancia genómica ambiental en los sistemas de monitoreo del país, considerando que cuerpos de agua utilizados para riego pueden actuar como reservorios y rutas pasivas de diseminación de resistencia. Este trabajo constituye uno de los primeros esfuerzos sistemáticos desde el Instituto de Salud Pública de Chile en conectar metagenómica, salud ambiental y salud humana, proporcionando información crítica para futuras estrategias de prevención y control bajo un enfoque One

Health.

Keywords: Resistencia a los antimicrobianos, Metagenómica, Vigilancia ambiental, Aguas y suelos, Chile
Financing: Convenio ISP - Ministerio de Ciencias 2024

LONG-TERM EFFECTS OF HIV ON MICROGLIA: SENESCENCE AS A POTENTIAL DRIVER OF NEUROINFLAMMATION AND VIRAL PERSISTENCE

Aracelly Gaete Argel[1], Delia López-Palma López-Palma[1], Sebastián Giraldo-Ocampo[1], Fernando Valiente-Echeverría[1], Ricardo Soto-Rifo[1]

(1) Universidad de Chile, NI de Microbiología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Avenida Independencia 1027, Santiago, Chile

In an era where 80% of people living with HIV (PLWH) have access to antiretroviral therapy (ART), the management of the HIV/AIDS pandemic has drastically evolved. Individuals aging with HIV are more prone to developing non-AIDS-related comorbidities, including neurocognitive disorders, which affect 50% of PLWH despite the efficacy of ART. Through a basic science approach, this work aims to gain insights into the molecular and cellular mechanisms underlying the development of inflammation and neuronal damage induced by HIV, while also proposing a previously unreported relationship between senescence, neuroinflammation and viral persistence. Functionally, senescence is understood as a cellular mechanism aimed at limiting the proliferation of damaged cells and plays important roles during embryonic development as well as tissue repair. However, accumulation of senescent cells during adulthood is proposed to be one of the main drivers of tissue dysfunction and age related diseases such as neurodegenerative disorders. According to its crucial role as sentinels of the CNS, senescence in microglia has sparked great interest in the study of neurodegenerative diseases such as Alzheimer's and experimental autoimmune encephalomyelitis (EAE). However, the interplay between microglia senescence and HIV-induced inflammation in the CNS has not been addressed. Exploring the potential role of microglial senescence as a driver of HIV-induced neuroinflammation and viral persistence could open new possibilities for treatments specifically aimed at mitigating neurocognitive impairments, thereby improving the quality of life for people living with HIV (PLWH).

Keywords: HIV, Microglia, Neuroinflammation, Senescence
Financing: Funding: Anillo ATE220016, ANID-ICM ICN2021_045 and Fondecyt N° 1230102.

COMUNICACIÓN ORAL

MASTER OF PUPPETS: MODULATION OF VOLATILE PRODUCTION IN STRAWBERRY FRUITS FROM WATER-DEFICIENT PLANTS BY ANTARCTIC ENDOPHYTIC FUNGI

Patricio Ramos[1], Francisca Rodríguez-Arriaza[1], Mariona Gil i Cortiella[2], Stephan Pollmann[3,4], Luis Morales-Quintana[5]

(1) Universidad de Talca, Plant Microorganism Interaction Laboratory, Instituto de Ciencias Biológicas, Avenida Lircay s/n, Talca, Chile
(2) Universidad Autónoma de Chile, Multidisciplinary Agroindustry Research Laboratory, Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Santiago, Chile
(3) Universidad Politécnica de Madrid (UPM), Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Madrid, España
(4) Universidad Politécnica de Madrid (UPM), Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Madrid, España
(5) Universidad Autónoma de Chile, Multidisciplinary Agroindustry Research Laboratory, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Talca, Chile

Strawberries (Fragaria × ananassa) are highly valued worldwide for their distinctive aroma and other quality attributes. The enzyme pyruvate decarboxylase (PDC) plays a key role in aroma formation by catalyzing the conversion of pyruvate into acetaldehyde, an essential precursor of esters and other aromatic compounds contributing to the fruit's fragrance. Similarly, alcohol acyltransferases (AATs) participate in the transfer of acyl groups, enhancing the diversity and complexity of fruit aromas. However, strawberries are particularly sensitive to drought, which negatively affects their organoleptic quality. A promising strategy to mitigate the effects of water stress involves the use of root-associated endophytic fungi. In this study, we evaluated the effect of root inoculation with spores of endophytic fungi isolated from Antarctic plants on the expression of the FaPDC and FaAAT genes, which are associated with the production of volatile organic compounds (VOCs). Plants were subjected to two irrigation regimes: normal watering (100% field capacity) and water deficit (50% field capacity). In addition, we analyzed enzymatic activity and VOCs production in fruits from inoculated and non-inoculated plants under both conditions. The results show that inoculated plants under drought stress exhibited significant changes in gene expression, leading to a notable increase in the synthesis of volatile esters, particularly acetate esters, which are key contributors to the characteristic strawberry aroma. These findings highlight the ability of Antarctic fungi to modulate the metabolic pathways responsible for volatile ester production by stimulating the expression of FaPDC and FaAAT. This research not only deepens our understanding of the molecular mechanisms underlying the biosynthesis of aromatic compounds in fruits but also underscores the biotechnological potential of Antarctic microorganisms as tools to preserve and enhance the sensory qualities of agricultural products under water stress conditions.

Keywords: fungal endophytes, esters, strawberry, climate change, drought
Financing: National Agency for Research and Development (ANID, Chile), FONDECYT #1250346; FONDECYT #1240771; and ANILLO #ATE220014.

SACCHAROMYCES CHILOENSIS SP. NOV.: A GENETICALLY DISTINCT YEAST FOR LOW-ALCOHOL BEER INNOVATION

Francisca Alarcón Meza[1,2], Tomás A. Peña[1,2], Francisco Cubillos R[1,2,3]

(1) Molecular Genetics Laboratory, Chemistry and Biology faculty, University of Santiago de Chile, Av Libertador Bernardo O'Higgins nº3363, Santiago, Chile.
(2) Millennium Institute for Integrative Biology (iBio)
(3) Millenium Nucleus of PatagonianLimit of Life (LiLi), Santiago, Chile.

Patagonia represents a unique reservoir of hidden yeast diversity, particularly for Saccharomyces species. Using an integrative taxonomic approach, we identified a highly divergent lineage closely related to S. uvarum, supported by whole-genome sequencing, population structure analysis, reproductive isolation studies, and structural variant detection. The genome showed 7% divergence and an OrthoANI value of 93% relative to S. uvarum, with large-scale chromosomal translocations and inversions reinforcing its genetic distinctiveness. Phenotypic assays demonstrated reduced growth in maltose and 5% ethanol conditions (ANOVA, $p < 0.05$), indicating lower ethanol tolerance and limited carbon assimilation beyond glucose and fructose. This novel species was designated *Saccharomyces chiloensis* isolated from Nothofagus trees in southern Chile. Genomic and phenotypic analyses revealed its potential for low-alcohol beer production. A microculture-based screening of 44 strains using wort-relevant carbon sources identified strain Sch01 for pilot-scale testing. Fermentation trials yielded 2.34 ± 0.01% v/v ethanol and a favorable aromatic profile, including esters, phenols, and higher alcohols. These findings highlight *S. chiloensis* sp. nov. as a genetically and functionally distinct yeast with valuable traits for the development of low-alcohol beers. Its unique fermentation behavior and aromatic potential offer new avenues for innovation in the brewing industry.

Keywords: *Saccharomyces chiloensis*, Fermentation, Genomic Diversity, Low-Alcohol Beer
Financing: Proyecto FONDECYT 1220026 - Genomic and transcriptional profiling of fermentative vigor in laboratory Lager yeast hybrids.
Acknowledgments: Molecular Genetics Laboratory, Chemistry and Biology faculty, University of Santiago de Chile, Av Libertador Bernardo O'Higgins nº3363, Estación Central, Santiago, Chile.Millennium Institute for Integrative Biology (iBio)Millenium Nucleus of PatagonianLimit of Life (LiLi), Santiago, Chile.

MICROBIAL COMMUNITY SHIFTS ASSOCIATED TO METHANE ENRICHMENT IN HYDROGEN-SUPPLEMENTED ANAEROBIC DIGESTION

Léa Cabrol[1,2], Constanza Macaya[3,4], Santiago García Gen[5]

(1) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Las Palmeras 3425, Nuñoa, Santiago, Chile
(2) Instituto Francés de Investigación para el Desarrollo (IRD), Instituto Mediterráneo de Oceanografía (M.I.O), Avenida de Luminy, Marseille, Francia
(3) Millenium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Universidad Técnica Federico Santa Maria, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile
(4) Universidad Técnica Federico Santa María, Molecular Microbiology and Environmental Biotechnology Laboratory, Department of Chemistry & Center of Biotechnology CBDAL, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile
(5) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Ingeniería Química y Ambiental, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

Anaerobic digestion (AD) is an attractive biotechnological process converting organic waste into methane (CH4) and CO2 (biogas) used as renewable energy. However, conventional AD generates limited methane content (50-65% of the biogas), implying technical and economic challenges for downstream energy applications. Hydrogen-assisted AD offers a promising approach to enhance biomethane yields by injecting H2 to biologically convert excess CO_2 into CH4. The objective of this study was to understand the microbial shifts induced by H2-upgrading, and link them to process performance. Two parallel continuous AD reactors (14L) were fed with sewage sludge for 153 days. Control reactor R1 was operated under conventional constant conditions, while reactor R2 was supplemented with H2. Microbial community was analyzed at 18 times along both reactors' operation, in duplicate (n=72), by sequencing the V3-V4 region of the 16S rRNA gene (NovaSeq, Illumina).

After acclimation, the upgraded biogas reached 93% of CH4 in R2 from 39 to 90 days, i.e. 60% higher than the control. Afterwards the system showed suboptimal performances, reaching 80% of CH4 in the biogas (90-128 days), and was finally operated without H2 supplementation. The total community in the control R1 was relatively stable, and similar to the initial community of R2 without H2 addition. During H2 addition, R2 community showed a clear succession pattern across the different stages, with diversity loss and community shifts gradually intensifying when inhibition occurred, culminating in the "suboptimal" stage. Notably, the prokaryotic community returned to its previous structure when H2 supplementation ceased, highlighting the system resilience. The methanogenic community of R1 was dominated by Methanosaeta and Methanospirillum (10.2 and 3.1 % of the prokaryotes on average). Methanogens in R2 slightly varied according to the process stages, with a higher abundance of hydrogenotrophic Methanospirillum during inhibition (10.0 %), and an increase of acetoclastic Methanosaeta during suboptimal and final stages (14.1 %), together with syntrophic acetate oxidizers (SAO) enrichment.

This study highlights how H2-supplementation enhances AD performance and drives shifts of microbial community, particularly methanogens and SAO, whose succession was closely associated with shifts in methane yield and process stability, thus providing microbiology-based tools for optimizing sustainable energy production.

Keywords: ecologia microbiana, bioenergia, metano, diversidad
Financing: FONDECYT Iniciacion 11220818

EVALUATION OF A NEW BIOFUNGICIDE OBTAINED BY ENCAPSULATION ALG-CS-P1G10 COMPLEX AGAINST *BOTRYTIS CINEREA*.

Luis Carlos Castillo Barahona[1], Jonathan Cisternas-Jamet[1,2,3,4], Verónica Plaza[1], María José Torres-Ossandón[7], Claudia Bernal[5], Carlos Salas[6]

(1) 1. Departamento de Biología, Laboratorio de Bioquímica y Biología Molecular. Universidad de La Serena, Av. Raúl Bitrán 1305, La Serena, Chile.
2) 2. Departamento de Ingeniería en Alimentos, Universidad de La Serena, Av. Raúl Bitrán 1305, La Serena, Chile.
(3) 3. Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad Santo Tomás, Chile.(4) 4. Centro de Investigación y Modelación de Negocios CIMON, Universidad Santo Tomás, Chile
(5) 5. Departamento de Química, Universidad de La Serena, Av. Raúl Bitrán 1305, La Serena, Chile.
(6) 6. Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad Federal de Minas Gerais, Av. Antonio Carlos 6627, Belo Horizonte, Brasil.
(7) 7. Universidad de Santiago de Chile, Departamento en Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad Tecnológica, Santiago, Chile.

Botrytis cinerea is a phytopathogenic fungus that causes considerable postharvest losses of plant-based foods. While physical and chemical treatments are traditionally used for disease control, however, high risks of rapid resistance has already been reported. For this reason, others control methods are needed and biofungicides from natural sources offer a promising alternative. The proteolytic fraction P1G10 from *Vasconcellea pubescens* has demonstrated antifungal activity in vitro, though its activity decreased rapidly on the time, limiting its practical application. In this study, P1G10 was encapsulated in a biopolymeric alginate-chitosan (ALG-CS) matrix to improve its stability, yielding the biofungicide (ALG-CS-P1G10). Its enzymatic activity remained at 95% after 8 hours under stress conditions (37°C, 1350 lux), outperforming free P1G10 (67%). In vitro assay showed inhibition of *B. cinerea*, with reductions in both initial and specific growth rates. The logistic model best described fungal growth, with an estimated IC50 of 11 mg/mL. This concentration significantly impaired fungal adhesion (over 80%) and increased susceptibility membranes-disrupting agents such as Congo Red and Calcofluor White. These findings underscore the potential biofungicide as a stable and effective antifungal formulation, supporting its future application as a sustainable solution in postharvest fungal control.

Keywords: *Botrytis*, fungus, biofungicide, enzymatic activity
Financing: Agradecimiento a FIC-R Código BIP: 40059261-0.

OVEREXPRESSION OF DIHYDROXYACETONE SYNTHASE 1 IN MUT+ *KOMAGATAELLA PHAFFII (PICHIA PASTORIS)* IMPROVES THE TOLERANCE TO METHANOL AND THE PRODUCTIVITY OF RECOMBINANT PROTEINS

Johan Esteban Quezada Olguín[1], Stephanie Braun-Galleani[1,2], Cristobal Adrian[1], Karina Olguín[1], Julio Berríos[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Valparaíso, Chile
(2) Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Santiago, Chile

Komagataella phaffii is a widely used methanol-inducible system for recombinant protein (rProt) production. However, methanol as a sole carbon source reduces the specific growth rate (μ) and promotes intracellular accumulation of formaldehyde, a toxic intermediate. To overcome these limitations and improve rProt productivity, we modified the methanol-assimilative pathway by overexpressing dihydroxyacetone synthase 1 (DAS1).

Three *K. phaffii* GS115 strains were engineered to overexpress DAS1 under different promoters: the strong constitutive glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase promoter (PGAP), the weak methanol-inducible peroxisomal malate dehydrogenase promoter (PMDH3), and the strong methanol-inducible alcohol oxidase 1 promoter (PAOX1). Each strain expressed *Candida antarctica* lipase B (CalB) as a model protein. Kinetic characterization was performed in deep-well plates using methanol concentrations ranging from 1 to 20 $g \cdot L^{-1}$. CalB production was assessed in shake-flask and controlled bioreactor cultures.

PAOX1-DAS1 and PGAP-DAS1 strains exhibited higher methanol tolerance, with inhibition constants (Ki) of 52 and 45 $g \cdot L^{-1}$, respectively, compared to the control (Ki = 27 $g \cdot L^{-1}$). Conversely, PMDH3-DAS1 displayed increased methanol sensitivity (Ki = 17 $g \cdot L^{-1}$). The maximum specific growth rate (μmax) was highest in PGAP-DAS1 (0.213 h^{-1}). Regarding CalB production, PGAP-DAS1 showed the greatest improvement across all tested conditions, achieving a 21% increase in volumetric productivity ($U \cdot L^{-1} \cdot h^{-1}$) during batch bioreactor cultivation compared to the control strain.

These findings demonstrate that DAS1 overexpression, particularly under a strong constitutive promoter, enhances methanol tolerance and recombinant protein productivity in *K. phaffii*. This strategy provides a promising approach to improve bioprocess performance when using methanol as both inducer and carbon source.

Keywords: *Komagataella phaffii*, DAS1, methanol assimilatio, recombinant protein, bioprocess optimization
Financing: - ANID-InES Género INGE220007- FONDECYT 1191196- Doctorado ANID 21191422

ACEITE ESENCIAL DE MENTHA SUAVEOLENS: EFECTO ESTACIONAL EN LA INHIBICIÓN DEL CRECIMIENTO Y MORFOGÉNESIS DE *CANDIDA ALBICANS*, UNA ALTERNATIVA TERAPÉUTICA INNOVADORA FRENTE A LA CANDIDIASIS ORAL

Rocío Bustos-Izquierdo[1], Julieta Orlando[2], Yosbany Perez[2], Rocio Santander[3], Daniela Adorno[4], Thomas Vallejos[5], Mario Diaz-Dosque[6], Jose Jara-Sandoval[6], Alfredo Molina-Berrios[6]

(1) Universidad de Chile, Estudiante de Magister, Ciencias, Las palmeras 3425, Sanrtiago, Chile
(2) Universidad de chile, Departamento de Ciencias ecologicas, Ciencias, Las palmeras 3425, Santiago, Chile
(3) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ciencias del ambiente, Quimica y Biologia, Santiago, Chile(4) Universidad de Chile, Departamento de patología y medicina oral, Ondontología, olivos 943, Santiago, Chile
(5) Universidad de Chile, Estudiante de Pregrado, Ciencias, Las palmeras 3425, Santiago, Chile
(6) Universida de Chile, Instituto de investigación en ciencias odontológicas, Odontología, olivos 943, Santiago, Chile

Introducción. La candidiasis oral por *Candida albicans*, es la infección fúngica más frecuente en humanos, pero su tratamiento muchas veces no es eficaz. En este contexto, los aceites esenciales (AE) surgen como alternativas terapéuticas, aunque su composición puede variar dependiendo de la estacionalidad al momento de la recolección de la planta. Este trabajo evaluó el efecto del aceite esencial de *Mentha Suaveolens* (AEM) obtenido en verano y otoño sobre aislados clínicos de *C. albicans*.

Metodología. Se utilizaron cepas de referencia (ATCC 90029, 10231) y dos aislados clínicos obtenidos de pacientes con estomatitis protésica (N°2024/030). Los aislados clínicos fueron identificados a nivel de especie mediante cultivo en Chromagar y secuenciación de la región ITS por PCR. El AEM se extrajo por hidrodestilación a partir de plantas recolectadas en enero y abril de 2025 en Lampa (Región Metropolitana), y fue caracterizado mediante GC-MS/MS. La susceptibilidad a antifúngicos convencionales se evaluó mediante ensayo de difusión en disco. La concentración inhibitoria mínima (CIM) se determinó por microdilución, mientras que el efecto sobre la morfogénesis se analizó mediante microscopía óptica. Los análisis estadísticos (ANOVA y curvas dosis-respuesta) se realizaron en GraphPad Prism 8.0.

Resultados. Tanto la identificación por Chromagar como por la región ITS indico que los aislados clínicos corresponden a *C. albicans*. El ensayo de disco mostró que ambas fueron susceptibles a fluconazol y nistatina. El AEM de otoño mostró mayor potencia antifúngica (0,06–0,1% v/v) frente al de verano, mientras que ambos AEM inhibieron significativamente la filamentación ($p<0.001$). Los componentes mayoritarios para el AEM de verano y otoño fueron la carvona y pulegona; sin embargo, el AEM de otoño presentó un 18% de un compuesto sin identificar en su composición.

Conclusión. El AEM inhibió crecimiento y filamentación de *C. albicans*, procesos clave en la formación de biopelículas. Su efectividad puede optimizarse mediante la estación de

recolección, representando una alternativa terapéutica frente a la resistencia de *C. albicans*.

Keywords: *Candida albicans*, Antifúngico, Aceite esencial
Financing: Proyecto FONDECYT Regular 1241130, Agencia nacional de investigación y desarrollo (ANID)

LÍQUENES SUBANTÁRTICOS PELTIGERA COMO FUENTE DE DIVERSIDAD DE HONGOS ASCOMICETOS Y BASIDIOMICETOS NO CARACTERIZADOS

Yosbany Perez Barrios[1,2], Nayla Serey[1,2], Natalia Lizana[2], Ana María Millanes[4,5], Andrey Yurkov[6], Andrea Nesci[7,8], Aluminé Fessia[7,8], Tomás Miquio[1,2], Karina Moreno[1,2], Jean Franco Castro[3], Carolina Campos[3], Katerin Almendras[1,2], Diego Ahumada[1,2], Catalina Marín[1], Julieta Orlando[1,2]

(1) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile
(3) Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Quilamapu, Av. Vicente Méndez 515, Chillán 3800062, Ñuble, Chile
(4) Universidad Rey Juan Carlos (URJC), Departamento de Biología y Geología, Física y Química Inorgánica, Móstoles 28933, Mósteles, Madrid, España
(5) Instituto de Investigación en Cambio Global, Universidad Rey Juan Carlos (URJC), Móstoles, 28933, Móstoles, Madrid, España
(6) Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, Department of Bioresources for Bioeconomy and Health Research, Brunswick, Germany
(7) Universidad Nacional de Río Cuarto, Departamento de Microbiología e Inmunología, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Laboratorio de Ecología Microbiana, Río Cuarto, Córdoba, Argentina
(8) Instituto de Ciencias de La Tierra, Biodiversidad y Sustentabilidad Ambiental, CONICET-UNRC, Córdoba, Río Cuarto, Argentina

Los líquenes son una simbiosis entre un hongo dominante (i.e., el micobionte) y uno o más socios fotosintéticos (algas y/o cianobacterias), denominados fotobionte. Además, albergan una variedad de microorganismos asociados, incluidas bacterias y otros hongos. Las comunidades fúngicas asociadas a los talos, conocidas como "micobioma liquénico", están compuestas por ascomicetos y basidiomicetos, incluyendo taxones filamentosos y levaduriformes. Recientemente, se ha reportado la presencia de levaduras basidiomicetos en asociación con diversas especies de líquenes en todo el mundo, y se ha propuesto que podrían constituir un nuevo componente esencial de la simbiosis liquénica. Sin embargo, los estudios relacionados con el micobioma de los líquenes siguen siendo escasos. En este contexto surge nuestra línea de investigación, con el fin de estudiar la diversidad de levaduras basidiomicetos y hongos ascomicetos asociados a líquenes Peltigera recolectados en ambientes subantárticos del sur de Chile. Para ello, utilizamos dos aproximaciones: (i) secuenciación masiva con partidores específicos para basidiomicetos, y (ii) aislamiento y caracterización de levaduras y hongos, incluyendo la descripción de potenciales nuevas especies. Estudios filogenéticos basados en secuencias ITS y LSU de 179 levaduras aisladas permitieron la identificación de 29 taxones pertenecientes a 13 géneros de las clases *Agaricostilbomycetes* (17 aislados), *Cystobasidiomycetes* (45 aislados), *Microbotryomycetes* (2 aislados) y *Tremellomycetes* (115 aislados), siendo esta última la más representada. Además, se identificaron 45 ascomicetos levaduriformes y filamentosos, pertenecientes a

distintas clases. Esta investigación reveló por primera vez la presencia de varias especies de levaduras en líquenes, incluidos miembros de los géneros *Boekhoutia y Goffeauzyma*, ampliando así nuestra comprensión de la diversidad fúngica presente en estos holobiontes. Asimismo, se describieron formalmente cuatro nuevas especies de levaduras basidiomicetos aisladas de talos de cuatro líquenes Peltigera: *Boekhoutia peltigerae, Cystobasidium chilense, Genolevuria patagonica y Pseudotremella navarinensis*. Actualmente, nos encontramos describiendo potenciales especies nuevas de hongos ascomicetos asociados a estos líquenes, pertenecientes a los grupos taxonómicos *Coniochaeta, Exophiala, Lapidomyces y Retiarius*. Este trabajo constituye la primera descripción de las comunidades fúngicas asociadas con los líquenes subantárticos del género Peltigera y releva el papel de los líquenes como reservorios de hongos basidiomicetos y ascomicetos previamente no caracterizados.

Keywords: Levaduras basidiomicetos, Hongos ascomicetos, Líquenes Peltigera, Especies nuevas, Secuenciación y cultivo
Financing: FONDECYT 1181510- ANIDPrograma Iniciativa Científica Milenio – ICN2021_002, ANIDBeca de Doctorado Nacional ANID 2019 21190058

AMPLIANDO EL ENTENDIMIENTO DE LA RIZOSFERA DE UN CACTUS NATIVO DE LA REGIÓN DE ANTOFAGASTA, CHILE A TRAVÉS DE GENOMAS ENSAMBLADOS DE METAGENÓMAS (MAGS).

Mayra Cayo Torrejon[1,2], Bernardita Valenzuela Guerrero[2,6], Pedro Zamorano Molina[2,3], Francisco Solís Cornejo[2,3], Andrés Santos Ñanculef[4,5]

(1) Programa de Doctorado en Ciencias Aplicadas Mención Sistemas Acuáticos, Universidad de Antofagasta, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Angamos 601, Antofagasta, Chile
(2) Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Universidad de Antofagasta, Instituto Antofagasta, Angamos 601, Antofagasta, Chile
(3) Universidad de Antofagasta, Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias de la Salud, Antofagasta 1240000, Antofagasta, Chile
(4) Universidad de la Frontera, Departamento Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Temuco 4780000, Temuco, Chile
(5) Laboratorio de Bioinformática y Microbiología Aplicada, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Universidad de la Frontera, Temuco 4780000, Temuco, Chile
(6) Universidad de Antofagasta, Departamento de Educación, Facultad de Educación, Antofagasta 1240000, Antofagasta, Chile

Los oasis de niebla son ecosistemas únicos, caracterizados por extrema aridez, alta radiación y escasa disponibilidad de agua, donde la niebla costera es la principal fuente de humedad. *Copiapoa solaris*, cactácea endémica de estos ambientes, presenta adaptaciones morfológicas y fisiológicas que le permiten sobrevivir, aunque sus interacciones con microorganismos de la rizosfera y su potencial biotecnológico siguen poco estudiados.

Este trabajo caracterizó la comunidad microbiana de la rizosfera de *C. solaris* mediante secuenciación metagenómica "shotgun", abordando composición taxonómica y perfil funcional a través de identificación de genes y reconstrucción de rutas metabólicas. También se obtuvieron genomas a partir de metagenomas (MAGs), con énfasis en genes promotores del crecimiento vegetal (PGPR). Las secuencias fueron filtradas con Fastp, el perfil taxonómico se determinó con Kraken2 y el ensamblaje se realizó con MEGAHIT. La reconstrucción de MAGs se llevó a cabo con MetaWRAP, considerando alta calidad (≥90% completitud, ≤5% contaminación) y media calidad (≥50% completitud, ≤10% contaminación). La anotación funcional y taxonómica se efectuó en KBase, usando RASTtk y GTDB-TK.

El perfil taxonómico mostró amplia diversidad microbiana según el índice de Shannon, con menor diversidad en virus y archaea respecto a eucariontes y bacterias. Entre los géneros bacterianos más abundantes destacaron *Nonomurae* (~10%), *Rhizobium* (7–8%), *Azospirillum* (~6.5%) y *Streptomyces* (5–6.5%). En eucariontes predominaron Acanthamoeba (14–20%) y Aspergillus (6–11%), mientras que en virus se identificaron Mymavirus (5–6%) y Likavirus (2.5–3%). En archaea, *Thermoplasmata* (0.5–1%) y *Nitrososphaeria* (0.2–1%).

Se recuperaron 128 MAGs: 124 bacterianos y 4 arqueanos. Cinco MAGs bacterianos presentaron 100% de completitud, identificados como *Acidobacteriota, Actinomycetota y Pontibacter*, grupos clave en ciclos biogeoquímicos (C, N, S), degradación de compuestos orgánicos, tolerancia a salinidad y radiación UV, y producción de metabolitos con potencial biotecnológico.

En estos genomas se detectaron rutas para la producción de sideróforos y síntesis de antibióticos, como tetraciclina, asociadas a la biosíntesis de péptidos no ribosómicos. Esto evidencia su capacidad para mejorar la adquisición de nutrientes y generar compuestos antimicrobianos, favoreciendo la adaptación de *C. solaris* a ambientes desérticos. Los resultados revelan el potencial ecológico y biotecnológico de las comunidades microbianas de la rizosfera de cactáceas endémicas del norte de Chile.

Keywords: rizosfera, oasis de niebla, *Copiapoa solaris*, metagenome-assembled genomes (MAGs)
Financing: Postulación a la beca de asistencia al congreso somich 2025Beca doctorado nacional, año academico 2025Rhizosphere Extreme Microbiome Consortium project, ANID FSQ210003.
Acknowledgments: Agradezco al Doctorado en Ciencias Aplicadas, mención Sistemas Acuáticos (UA), al Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, a la Universidad de La Frontera, a la Beca de Doctorado Nacional 2025 y al proyecto ANID FSQ210003 por apoyo y financiamiento en este estudio.

MODELADO DE LOS EFECTOS DEL PH Y LA TEMPERATURA EN EL CRECIMIENTO Y LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS DE *COBETIA* SP. STRAIN MM1IDA2H-1 EN UN CONTEXTO DE CAMBIO CLIMÁTICO

Karoll González-Pizarro[1], Fernando Rojas[1,2], Claudia Ibacache-Quiroga[1,2], Milan Stehlik[1,3], Alejandro Dinamarca[1,2]

(1) Centro de Micro-Bioinnovación, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Gran Bretaña 1093, Playa Ancha, Valparaíso, Chile
(2) Escuela de Nutrición y Dietética, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Gran Bretaña 1093, Playa Ancha, Valparaíso, Chile
(3) Instituto de Estadística, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Gran Bretaña 1090, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

El pH y la temperatura oceánica son factores físico-ambientales clave que modulan la ecofisiología de los microorganismos marinos. Entre sus respuestas destaca la formación de biopelículas, un comportamiento fundamental para la colonización de ecosistemas marinos y con implicancias directas sobre la infraestructura sumergida. Comprender cómo los microorganismos regulan este fenotipo frente a gradientes físico-químicos es crucial tanto para predecir dinámicas ecosistémicas como para impulsar aplicaciones biotecnológicas, en un escenario marcado por el calentamiento y la acidificación oceánica. Este trabajo evalúa cómo el pH y la temperatura modulan la dinámica de crecimiento y la formación de biopelículas de *Cobetia* sp. strain MM1IDA2H-1, utilizando modelos jerárquicos y no lineales para cuantificar la variabilidad biológica en sus componentes fijos y aleatorios. Para esto, las cinéticas de crecimiento se midieron bajo condiciones controladas de temperatura (35–42 °C) y pH (5.0–8.0), mientras que los ensayos de biopelículas abarcaron un rango más amplio (8–42 °C y 4.5–9.5). Para el análisis se aplicó un enfoque estadístico avanzado basado en modelos logísticos no lineales con Generalized Additive Models for Location, Scale, and Shape (GAMLSS), lo que permitió modelar simultáneamente media y dispersión, abordando heterocedasticidad y distribuciones no normales. Los resultados revelan un claro trade-off antagónico entre crecimiento y biopelículas: la tasa máxima de crecimiento (μmax) se alcanzó en temperaturas intermedias (37–39 °C) y pH ligeramente ácido-neutro, mientras que la formación de biopelículas fue máxima en condiciones de bajas temperaturas y lento crecimiento (óptimo a 8 °C). Se observó una relación inversa entre el crecimiento planctónico y la formación de biopelículas con la temperatura, así como un incremento de la formación de biopelículas en condiciones alcalinas (pH ≥ 8). La magnitud reducida de los efectos aleatorios indicó alta reproducibilidad y robustez de las respuestas de *Cobetia* sp., y la capacidad predictiva de los modelos permitió extrapolar patrones a escenarios ecosistémicos, resaltando su valor en predicción ambiental y gestión microbiana aplicada. Este trabajo demuestra que los gradientes de pH y temperatura ejercen efectos diferenciados pero interconectados, y que este microorganismo despliega estrategias ecológicas alternativas, crecimiento rápido vs. colonización, según los estresores ambientales, reflejando su plasticidad adaptativa.

Keywords: *Cobetia* sp., Crecimiento microbiano, Biopelículas, Variabilidad biológica, GAMLSS
Financing: Proyecto Exploración Nº13220184, Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), Ministerio de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación. Proyecto DIUV-CIDI Nº15/2024, Universidad de Valparaíso.

TRANSFORMACIONES BIÓTICAS Y ABIÓTICAS DEL MERCURIO, TASAS DE METILACIÓN Y DESMETILACIÓN EN HUMEDALES URBANOS, REGIÓN DE VALPARAÍSO, CHILE

Macarena Pérez Flores[1,2], Jin-ping Xue[4], Polette Aguilar-Muñoz[2,3,6], Gabriel Rambaldi[5], Emmanuel Tessier[4], David Amouroux[4], Aurelie Dufour[7], Veronica Molina[2,3,6], Lars-Eric Heimburger-Boavida[7], Céline Lavergne[2,8]

(1) Doctorado Interdisciplinario en Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile.
(2) HUB Ambiental, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile.
(3) Departamento de Ciencias y Geografía, & Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile
(4) Universite de Pau et des Pays de L'Adour, CNRS, Institut des Sciences Analytiques et de Physico-chimie pour L'environnement et Les Matériaux (IPREM), 64000, Pau, France.
(5) Departamento Ciencias del Mar, Facultad de Ciencias, Universidad de Alicante, Spain
(6) Centro de Investigación Oceanográfica COPAS COASTAL, Universidad de Concepción, Chile
(7) Aix-Marseille University, Univ Toulon, CNRS, IRD – Mediterranean Institute of Oceanography (MIO), 13288 Marseille, France
(8) Departament de Biologia Marina i Oceanografia, Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, Barcelona, Catalunya, Spain

El presente trabajo propone caracterizar la especiación del Hg y la comunidad microbiana potencialmente activa asociada en un humedal urbano, utilizando un enfoque interdisciplinario combinando análisis geoquímico, isotopía del Hg y metabarcoding de los transcritos del 16S ARNr.

Las aguas salobres del humedal, caracterizadas por altos niveles de sulfatos (2600uM), las concentraciones de MeHg variaban entre 0.01 y 0.16 ng/L. En los sedimentos fangosos, concentraciones de MeHg entre 0.01 y 0.07 ng/g (peso seco) fueron encontrados, representando 0.0.7-0.17% MeHg en comparación al Hg total. Estos valores son los más altos encontrados a lo largo de la cuenca y son acordes con los resultados de incubaciones realizadas con isótopos de Hg enriquecidos que revelaron interesantes tasas de metilación alcanzando 0.05%h-1 y de desmetilación alcanzando 0.33 %h-1. Lo anterior sugiere un papel relevante de la actividad microbiana en la transformación del Hg en sedimentos.

La búsqueda de microorganismos potencialmente metiladores de Hg reveló una alta abundancia de géneros sulforreductores asociados a la metilación del Hg, como *Desulfomicrobium* (67–72% en agua), *Desulfonatronum* (27%) y *Desulfobulbus* (9%). En sedimentos predominaron *Desulfobulbus* (31%), *Desulfopila* (20%), *Desulfotignum* (12%) y *Geoalkalibacter* (12%), indicando un ensamblaje microbiano adaptado a condiciones anóxicas y ricas en materia orgánica. Estos resultados evidencian que el humedal urbano de la desembocadura del Aconcagua es un hotspot biogeoquímico para la transformación del Hg, donde convergen aportes de origen glaciar y continental, procesos microbianos especializados y condiciones ambientales que favorecen la transformación de MeHg. El entendimiento de estas interacciones es clave para

la gestión de riesgos en ecosistemas costeros y para el diseño de estrategias de monitoreo y mitigación en el marco de la Convención de Minamata.

Keywords: Metilmercurio, Humedal Urbano, Metabarcoding, Isótopos de mercurio
Financing: FONDECYT 11201072; PCI ECOS-ANID 210007; MINEDUC UPA 21992 y 24991, Plan De Fortalecimiento Universidades Estatales; InES I+D INID210013; FIC-R BIP: 40046077; Plan de Fortalecimiento de Universidades del Estado (CUECH)–RED21992; Marie Curie Postdoctoral Fellowship HORIZON-MSCA-2022-PF-01 101106387.
Acknowledgments: Agradecemos al HUB Ambiental de la Universidad de Playa Ancha, al Programa de Contratación de Ayudantes de Investigación de Postgrado de la Universidad de Playa Ancha y la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo.

DISSECTING THE ROLE OF EXTRACELLULAR MEMBRANE VESICLES IN *ACIDITHIOBACILLUS FERROOXIDANS'* CELL-CELL COMMUNICATION

Diego San Martin Figueroa[1], Matías Castro Piña[2], Nicolas Guiliani[1], Matías Castro González[3]

(1) Universidad de Chile, Biología, Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile
(2) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Cocepcion, Chile
(3) Instituto Milenio de Oceanografía, 4070386, Concepción, Chile

The biomining bacteria *Acidithiobacillus ferrooxidans* possess a Quorum Sensing (QS) cell-cell communication system mediated by acyl homoserine lactone (AHL) extracellular signal. This system modulates cell attachment on mineral surfaces, a crucial step for bioleaching efficiency. AHLs are synthesized intracellularly by AHL synthase and released into the extracellular space, increasing their concentration in a cell-density dependent manner. Once an AHL threshold level is reached, AHLs is detected by a specific transcriptional regulator, allowing collective responce through coordination of gene expression. The QS in *Acidithiobacillus ferrooxidans* has been described only in the type strain ATCC 23270, comprising the AHL-synthase AfeI, the AHL-receptor AfeR, DNA binding sites (afe-boxes), and long acyl chain AHLs (up to 16 carbons). In Gram-negative bacteria, has been reported that the export of AHLs with short and medium-sized acyl chains occurs either by diffusion or by a facilitating pathway through membrane transporters, respectively. However, these mechanisms seem insufficient for the effective trafficking of long-chain hydrophobic AHLs. Membrane Vesicles (MVs) are nano-sized proteoliposomes derived from the bacterial envelope that have been described as hydrophobic signal carriers for other signals. Recently, the production of MVs has been reported in members of the *Acidithiobacillus* genus; however, their functions remain unexplored. In this work, we characterize for the first time the QS in another strain of the genus *Acidithiobacillus* (*A. ferrooxidans* ATCC 53993) and assessed whether MVs could provide an efficient carrier mechanism for exporting long-chain AHLs. *A. ferrooxidans* QS proteins were characterized bioinformatically using structural modelling and molecular docking. Through thin-layer-chromatography coupled to an AHL biosensor *Agrobacterium tumefaciens* NTL4, we detected different AHLs in supernatant and in MVs isolates derived from *A. ferrooxidans* ATCC 53993. Further analysis with HPLC/MS shows that supernatants and MVs have different AHL cargo. Finally, we inspected MV protein cargo by LC-MS/MS proteomic analysis, finding one protein encoded by genes regulated by the QS system in the strain ATCC 23270 and primarily outer membrane proteins. We suggest that QS in *A. ferrooxidans* is directly related to the MVs, not only as a means to transport signals, but also as response determinants. The significance of this observation is discussed.

Keywords: Quorum sensing, *Acidithiobacillus*, Bioleaching, Membrane Vesicles
Financing: Financial support: Fondecyt 11201114.
Acknowledgments: Acknowledgements: Melisa Institute.

SECONDARY METABOLISM POTENTIAL OF URBAN MICROBIOMES: INSIGHTS FROM SANTIAGO DE CHILE AND GLOBAL COMPARISONS

Pablo Nicolas Villanueva Diaz[1], Sara Oliva[1], Juan A. Ugalde[1]

(1) Universidad Andres Bello, Facultad de Ciencias de la Vida, Republica 330, Santiago, Chile

Bioinformatic tools enable the prediction and analysis of metabolic pathways and functional traits in metagenomic data, including the identification of biosynthetic gene clusters (BGCs) involved in secondary metabolism. While traditionally associated with extreme or unexplored environments, recent evidence shows that urban microbiomes also harbor a rich diversity of BGCs with potential biotechnological applications. Among these, ribosomally synthesized and post-translationally modified peptides (RiPPs) have gained increasing relevance over the past decade. Often linked to antibiotic activity, RiPPs possess a unique biosynthetic mechanism that makes them of significant biotechnological interest. In parallel, new machine learning-based tools have been developed to improve RiPP identification, potentially advancing their discovery and characterization.

Using metagenomic data from the MetaSUB project, we analyzed the secondary metabolism potential of microbiomes from public transportation systems in cities worldwide and compared them with those from Santiago de Chile. Chilean samples revealed 683 BGCs, including 10 families exclusive to this dataset, six of which were associated with RiPPs. Across the global dataset, many biosynthetic gene families (GCFs) were shared among cities, forming a common functional repertoire of secondary metabolism that suggests convergence driven by similar environmental and ecological conditions. The weak correlation between geographic distance and GCF co-occurrence indicates that secondary metabolism does not represent a strong biogeographic signal in these environments. Additionally, 75% of the cities shared two GCFs associated with *Cutibacterium acnes*.

Keywords: Metagenomica, Microbioma, Metabolismo secundario
Financing: PROYECTO FONDECYT REGULAR 1221209BECA DE DOCTORADO NACIONAL 21240354

NATIVE LACTIC ACID BACTERIA ENHANCE DROUGHT RESILIENCE, MICROBIOME FUNCTIONING AND NUTRITIONAL QUALITY OF TOMATE ANGOLINO WITHIN MAPUCHE FAMILY FARMING SYSTEMS

Sharon Viscardi[1], Giovanni Larama[4,5], Luis Marileo[3], Freddy Valdés-Garcés[1], Camila Delgado Vergara[1,2], Javier Ortiz Leiva[4], Patricio Javier Barra[4,5], Jean Guy LeBlanc[6]

(1) Laboratorio de investigación interdisciplinaria en Microbiología aplicada (LIMA), Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Católica de Temuco, Manuel Montt 56, Temuco, Chile
(2) Programa de Doctorado en Ciencias Agropecuarias, Universidad Católica de Temuco, Facultad de Recursos Naturales, Rudecingo Ortega 02950, Temuco, Chile
(3) Universidad Santo Tomás, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria,, Temuco, Chile
(4) Universidad de la Frontera, Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology, Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN),, Temuco, Chile
(5) Universidad de la Frontera, Biocontrol Laboratory, Temuco, Chile
(6) CERELA CONICET, San Miguel de Tucuman, Argentina

Drought is an increasingly critical constraint for family farming systems in Chile, affecting soil health, crop productivity, and access to nutritious food. Within the framework of One Health, soil, plant microbial interactions play a key role in promoting sustainable nutrition. Previous work demonstrated that native lactic acid bacteria (LAB), *Enterococcus* sp. BB3 and *Lactobacillus* sp. BB6, improved photosynthetic performance, reduced oxidative damage, and enhanced antioxidant metabolism in *Solanum lycopersicum* under water deficit.

Building on this evidence, Specific Objective 1 of Fondecyt Regular 1050993 was carried out in Mapuche family farming communities of La Araucanía, using the culturally rooted Tomate Angolino to assess LAB-based bioinoculation under real agricultural practices.

Genomic DNA was extracted from root endosphere and rhizosphere samples, amplifying the V3–V4 region of the 16S rRNA gene with specific primers and PNA blockers to reduce host contamination. Amplicons were sequenced using the AVITI 300×2 platform (IGA Technology, Udine, Italy), and data were processed with USEARCH for taxonomic identification, α/β-diversity, and microbiome profiling. Significant improvements ($p<0.05$) in plant physiological performance were confirmed under drought, and preliminary tendencies indicate increases in carotenoids and folates in LAB-treated fruits, suggesting potential nutritional enhancement of Tomate Angolino.

Microbiome analysis revealed distinct compositional shifts associated with LAB inoculation. Under control drought conditions (E80CT), the endosphere was dominated by *Pseudomonas* (44.98%), a genus linked to phytohormone synthesis and ACC deaminase activity, while the rhizosphere (S80CT) was enriched in WD2101_soil_group (3.61%) and *Candidatus Udaeobacter* (3.21%), taxa adapted to low-moisture soils. LAB inoculation increased *Acinetobacter* (up to 5.18%) and *Trichococcus* (up to 9.0%) in the endosphere, supporting nutrient recycling and

metabolic resilience; *Enterococcus* rose to 2.26% (E80B2), suggesting adaptive responses. *Sphingobium* (8.21% in E80BB) and *Acidovorax*(2.55% in E80B1) indicated enhanced symbiotic interactions, while *Gemmata* and *Bacillus* dominated the rhizosphere under deficit irrigation, contributing to soil stability.

These findings provide evidence that native LAB-based bioinoculants reinforce plant stress tolerance and beneficial microbiome functioning in a culturally relevant crop within Mapuche family farming systems. This approach offers a scientifically supported, locally adapted strategy to strengthen sustainable nutrition and drought resilience in Chile.

Financing: Fondecyt Regular 1050993, ANILLO ATE250028
Acknowledgments: We sincerely acknowledge the collaboration of the Mapuche family farming community of José Manuel Millapan Dos (Sanquilco, Padre Las Casas, La Araucanía, Chile) for their valuable participation and commitment to this research.

THE BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL OF BACTERIA FROM NORTHERN CHILEAN SALT FLATS

Fernanda Contreras[1], Valentina Velásquez[1], María del Pilar Fernández[1], Fernando Alfaro[1]

(1) Universidad Mayor, Centro de Genómica, Ecología y Medio Ambiente (GEMA), Laboratorio de Ecología de Ambientes Extremos, Camino La Pirámide 5750, Huechuraba, Santiago, Chile

The salt flats of northern Chile, located in the hyper-arid Atacama Desert and Andean highlands, represent some of the most extreme environments on Earth, hosting a diverse array of extremophilic microorganisms that have adapted to thrive under harsh conditions. These extremophiles possess unique metabolic and physiological traits that make them of particular interest to the field of biotechnology. However, the microbial diversity of Chilean salt flats remains underexplored compared to other extreme environments worldwide. This study aims to isolate, characterize, and evaluate the biotechnological potential of microorganisms from selected salt flats in northern Chile. Water and sediment samples were collected from a hypersaline site corresponding to the Infieles salt flat, and microorganisms were isolated from them through serial passages. Taxonomic identification was conducted through 16S rRNA gene sequencing of the samples with cultivable microorganisms. To determine the metal tolerance of the isolates to arsenic, copper, chromate, nickel and cobalt, we used growth inhibition zones assays. At the same time, the microorganisms isolated from the salt flat were characterized to assess their resistance to salinity. To this end, the isolated microorganisms were cultured in nutrient medium supplemented with different concentrations of NaCl and incubated at 20 °C for 72 h with agitation at 150 rpm. We isolated more than 50 microbial strains, revealing a taxonomically diverse community difference in water and sediment samples. Several isolates exhibited high tolerance to arsenic, copper chromate, nickel and cobalt, supported in growth inhibition zones and MIC assays. The results obtained show that 12 isolates are capable of growing in culture media supplemented with 15% w/v NaCl and exhibit enzymatic activities that could be useful in industry. These extremophiles represent valuable biological resources for sustainable remediation strategies and the identification of active enzymes in the presence of high salt concentrations, highlight the biotechnological promise of microbial communities thriving in Chile's extreme saline-metallic ecosystems.

Keywords: Salt flats, extremophiles, biotechnology, metal resistance, salt resistance
Financing: Observatory of Saline Systems in the Atacama Desert and the Andes (OSSAD-A) Proyect (ATE240004; ANID, Chile).
Acknowledgments: Thanks to the Extreme Environment Ecology Laboratory (E3).

ESCALAMIENTO Y EVALUACIÓN DE UN BIOINSUMO A BASE DE MICROORGANISMO EXTREMÓFILOS PRODUCTORES DE EXOPOLISACÁRIDOS COMO ESTRATEGIA DE CONTROL DEL ESTRÉS HÍDRICO EN CULTIVOS DE TOMATE (SOLANUM LYCOPERSICUM L.)

Carla Jorquera Pulgar[1], Fabián Cuadros[1], Martha Hengst[2], Carolina Yáñez[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Av. Universidad Nº 330, Valparaíso, Chile
(2) Universidad Católica del Norte, Departamento de Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Ciencias, Av. Angamos 610, Antofagasta, Chile

El estrés hídrico en cultivos provoca el incremento del estrés oxidativo en plantas, teniendo consecuencias en el desarrollo y crecimiento de la planta. En Chile, la zona centro-sur del país es una región que históricamente sufre frecuentes periodos de sequía, en donde uno de los cultivos más afectados ha sido la producción de tomate local. Los exopolisacáridos (EPS) son polímeros microbianos que pueden aumentar la retención de agua en suelos, brindado una estrategia beneficiosa ante eventos de escasez hídrica. Estudios previos han demostrado que *Bacillus* LB7 y *Bacillus* NP42, bacterias termófilas aisladas del sistema hidrotermal de Lirima, presentan una alta tasa de producción de EPS (hasta 404 y 187 mg L-1 respectivamente). Debido a esto se evaluó el efecto de la aplicación de un bioinsumo a base de estas dos bacterias a partir de liofilizados sobre plántulas de tomate bajo condiciones de estrés hídrico en invernadero. Para esto se determinó la viabilidad celular de ambas bacterias liofilizadas en diferentes excipientes, identificando que la sacarosa fue el excipiente más eficiente en la preservación de ambas bacterias liofilizadas sobreviviendo un 50% de las colonias a diferencia del control (0,06%). Además, se evaluó la actividad antioxidante en diferentes tratamientos con y sin estrés hídrico en plantas de tomate, en donde el tratamiento con LB7 bajo condiciones de estrés, presentó una mayor actividad de enzimas antioxidantes, permitiendo así a las plantas una mayor tolerancia a ese tipo de estrés; a diferencia del consorcio y NP42, los cuales presentaron menor actividad antioxidante en condiciones de estrés. Finalmente, se realizarán ensayos fisicoquímicos para evaluar la composición de los EPS. Estos resultados destacan el potencial de estas bacterias como herramienta biológica para enfrentar la crisis hídrica en agricultura, al ofrecer adaptabilidad frente a condiciones ambientales cambiantes y extremas, promoviendo así sistemas agrícolas más resilientes.

Financing: Proyecto FONDEF VIU24P0016

CHARACTERIZATION OF ΦESI: A PROPHAGE ASSOCIATED WITH THE EMERGENT-MULTIDRUG RESISTANT SALMONELLA INFANTIS

Cristobal Martínez Padilla[1], Rocío Barrón Montenegro[1], Daniel Tichy[1,2], Ignacia Herrera Vergini[1], Diana Álvarez Espejo[1,3], Alejandro Piña Iturbe[1], Andrea Moreno Switt[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultado de Ciencias Biológicas, Facultad de Medicina, Facultad de Agronomía y Recursos Naturales, Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Santiago, Chile
(2) Universidad Andres Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias de la Vida, Av. República 239, Santiago, Chile
(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Enfermería, Facultad de Medicina, Avenida Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

Multidrug-resistant Salmonella enterica serovar Infantis (SI) is an emerging foodborne pathogen with a global distribution. Emergent SI (ESI) strains carry the megaplasmids pESI which harbors multiple antibiotic and disinfectant resistance genes, as well as virulence factors. Previously, in our laboratory we isolated a bacteriophage from a coculture between ESI strain PM57 and non-emergent strain (n-ESI) DR006. Genome sequencing and bioinformatic analyses showed that this bacteriophage, designated φESI, shared 100% nucleotide sequence identity with an uncharacterized prophage integrated in the genome of ESI strain PM57, and was absent in the n-ESI strain DR006. In this study, we further characterized φESI and evaluated its role in the ESI/n-ESI interaction. Genomic characterization revealed that φESI is temperate phage of 46,490 bp and 49.3% of GC content, with genes associated with lysogeny such as CI repressor and phage integrase. Moreover, φESI is integrated at the 3'-end of the tRNA-Arg gene as a prophage in the chromosome of the ESI strain. Further genomic analysis of over 9,000 global SI genomes revealed a significant association ($\chi 2$; $p<0.001$) between the presence of pESI megaplasmids and the prophage φESI. We observed that during coculture, induction of the prophage in a subpopulation of ESI cells led to the release of viral particles, which through the lytic cycle infect the n-ESI strain (n=3). Susceptibility assays using the efficiency of plating (EOP) method with 6 ESI strains and 15 n-ESI strains showed that strains carrying the φESI prophage are resistant to φESI-mediated lytic infection. Finally, competition assays between the ESI strain PM57 and the n-ESI strain DR006, in which each strain was quantified by hourly CFU counts over 6 hours and at 24 hours, revealed a competitive advantage for the ESI strain (0.8 $\log_{10}$ CFU/mL difference), which correlated with φESI amplification. Our results indicate that φESI favors competition of ESI strain against n-ESI strain, suggesting that the prophage may have played a role in the emergence and success of the emergent SI lineage.

Financing: Fondecyt regular 1231082; Fondecyt Postdoctorado 3230796; Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile (ANID).

BIOPRECIPITACIÓN DE PLOMO Y ARSÉNICO MEDIANTE UNA BACTERIA UREOLÍTICA CALCIFICANTE, MULTIRRESISTENTE AISLADA DESDE EL DESIERTO DE ATACAMA

Carlota Padilla G[1], Macarena Deride[1], Cristóbal Morales[1], Yaritza Ormazábal[4], Héctor Valdebenito[1], Paulina Aguayo[1,2], Víctor Hernández[3], Victor Campos[1]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Departamento de Sistemas Acuáticos, Facultad de Ciencias Ambientales, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile
(3) Universidad de Concepción, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile
(4) Universidad de Concepción, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile

Los metales pesados son elementos tóxicos presentes de forma natural en la corteza terrestre que pueden ser liberados al medio ambiente tanto por procesos naturales como por actividades antropogénicas. En el Desierto de Atacama, la actividad minera ha provocado indirectamente la acumulación de metales pesados en el ambiente, lo que afecta la salud humana y animal, generando daños a nivel orgánico y genotóxico. Ante las limitaciones operativas de los métodos convencionales en áreas remotas, se investigó un sistema de tratamiento para la biorremediación de aguas contaminadas con plomo (Pb) y arsénico (As) basado en la tecnología de precipitación de carbonatos inducida microbiológicamente (MICP). Para ello, se aislaron cepas bacterianas a partir de una muestra de sedimento proveniente del Río Camarones, Desierto de Atacama, Chile. La selección se realizó mediante cultivo en agar Christensen, ensayos de tolerancia en agar LB, con concentraciones crecientes de metales (0.2-10.0 mM), y se evaluó la capacidad calcificante en un medio químicamente definido. Los ensayos fueron incubados a 30°C durante 48-72 horas. La cinética de crecimiento de la cepa seleccionada fue determinada por la técnica de microgota, utilizando el modelo de crecimiento de Gompertz para su modelamiento. La bioprecipitación de Pb y As fue implementada en un biorreactor Batch con los parámetros estándares para MICP. Finalmente, el proceso fue validado mediante microscopía electrónica (SEM-EDS) y absorción atómica (AAS). Además, se evaluó la toxicidad mediante viabilidad celular y genotoxicidad con el kit Muta-ChromoPlate. Se seleccionó una cepa bacteriana ureolítica calcificante, identificada preliminarmente como *Pseudomonas* sp. IIIA2, la cual fue tolerante a Pb(II) (4 mM), As(III) (2 mM), Cu(II) y Ni(II) (1 mM), y Se(IV) (10 mM). El análisis del precipitado por SEM-EDS confirmó la presencia de Pb y As en la matriz de calcita, en los cultivos de la cepa IIIA2. La remoción de ambos analitos detectados por AAS, fue ratificado por los ensayos de toxicidad, demostrando diferencias significativas en la viabilidad celular entre las células expuestas al medio tratado por MICP-Biorreactor y el control (medio+As+Pb). Además, la disminución de la genotoxicidad, demuestra la potencial aplicación del sistema MICP para la biorremediación de metales pesados.

Keywords: Biorremediacion, Plomo, Arsenico, Bioprecipitación, Genotoxicidad
Financing: Fondecyt Regular 1251397.
Acknowledgments: Laboratorio de Microscopía Electrónica del CESMI-UdeC

EXPRESIÓN RECOMBINANTE DE PETASAS TERMOESTABLES UTILIZANDO EL SISTEMA DE EXPRESIÓN BIFUNCIONAL MESÓFILO/TERMÓFILO PTGT-1

Francisco Solís Cornejo[1,2], Bernardita Valenzuela Guerrero[2,3], Nadja Medina Mansilla[2], Martín Vargas Fernández[2], Pedro Zamorano Molina[1,2]

(1) Universidad de Antofagasta, Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias de la Salud, Av. Universidad de Antofagasta 02800, Antofagasta, Chile
(2) Universidad de Antofagasta, Instituto Antofagasta, Instituto Antofagasta, Av. Universidad de Antofagasta 02800, Antofagasta, Chile
(3) Universidad de Antofagasta, Departamento de Educación, Facultad de Educación, Av. Universidad de Antofagasta 02800, Antofagasta, Chile

Los plásticos son materiales esenciales en la vida contemporánea, pero su acumulación por reciclaje insuficiente constituye un grave problema ambiental. Se estima que para 2050 los residuos plásticos superarán los 34 mil millones de toneladas. Entre ellos, el tereftalato de polietileno (PET) destaca por su uso masivo en envases de alimentos, bebidas y fármacos. El PET tarda entre 400 y 700 años en degradarse, y menos del 40 % se recicla, mientras el resto se incinera o desecha.

Una alternativa prometedora es su degradación biológica mediante enzimas llamadas PETasas, capaces de hidrolizar sus enlaces éster. Cuando el PET se calienta por sobre los 60 °C, alcanza un estado de transición vítrea (Tg), donde su estructura molecular se vuelve más flexible, facilitando la acción enzimática y aumentando la eficiencia de la biodegradación. Con base en ello, esta investigación propuso el desarrollo de un sistema de producción de PETasas recombinantes en un microorganismo termófilo, lo que permitiría acoplar simultáneamente producción enzimática y degradación de PET a temperaturas superiores a 60 °C.

Para abordar este objetivo, los ORFs de PETasa (GenBank: HQ704839.1 y PQ223702.1) se incorporaron en el sitio de policlonación del vector bifuncional pTGT-1. La expresión de las PTEasas recombinantes se llevó a cabo en *E. coli* BL21 y *Thermus thermophilus* HB27.
La actividad de las PTEasas recombinantes se determinó mediante la hidrólisis colorimétrica de p-nitrofenil butirato (pNP-B) a 60 °C por 15 min. Además de la degradación de BHET mediante formación de halos en placas y la degradación de trozos de PET expuestas a extractos enzimáticos por 14 días a 60°C.

Los resultados demuestran que ambas variantes de PETasas se expresaron en hospedadores mesófilos y termófilos, presentando actividad esterasa sobre pNP-B, así como capacidad para degradar fragmentos de PET y productos intermedios como el BHET. Estos hallazgos confirman el potencial de un chasis termofílico para la producción de PETasas activas y la degradación eficiente de PET, aprovechando la transición vítrea del polímero para optimizar su hidrólisis. En conjunto, este enfoque constituye un avance hacia estrategias biotecnológicas sostenibles para mitigar el impacto ambiental del PET.

Keywords: PETasas, Termófilo, Expresión recombinante
Financing: Proyecto FRPD-2024 Cod. BIP 40067702-0 "Transferencia Biodegradación de plásticos con bacterias extremófilas para la economía circular - BIP400677020"Proyecto Semillero de Investigación, Universidad de Antofagasta- Cod. SEM24-006 "Riboswitches: Nuevos reguladores genéticos aislados de microorganismos termófilos de la región de Antofagasta"
Acknowledgments: Dirección de Gestión de la Investigación; Vicerrectoría de Investigación, Innovación y Postgrado. Universidad de Antofagasta.Gobierno Regional de Antofagasta

DESAFÍO Y OPORTUNIDADES EN LA PROTECCIÓN DE TECNOLOGÍAS BASADAS EN ANTICUERPOS.

Allison Ortega Del Valle[1]

(1) MICP Abogados, Patentes, Av. Isidora Goyenechea 3621 piso 18, Las Condes, Santiago, Chile

La propiedad industrial (P.I.) tiene por objeto fomentar la innovación, la creación y la transferencia tecnológica de invenciones o creaciones por medio de diferentes herramientas, y además, proporcionar derechos exclusivos a titulares sobre invenciones o creaciones a cambio de que éstas sean puestas a disposición del público de modo que terceros puedan beneficiarse de los nuevos conocimientos y contribuir así al desarrollo tecnológico.

Una de las herramientas que dispone la P.I. en Chile, son las patentes de invención, las que permiten proteger los derechos de los inventores de una tecnología, siempre y cuando la invención cumpla con los requisitos de patentabilidad, a saber, novedad, nivel inventivo y aplicación industrial.

Un ejemplo de tecnologías susceptibles de ser protegidas por patentes de invención, son aquellas basadas en anticuerpos, por cuanto son utilizados de manera transversal en distintas áreas, tales como el diagnóstico clínico, salud animal, tratamientos terapéuticos, medicina personalizada, vigilancia epidemiológica, vacunas, técnicas de laboratorio, industria alimentaria, ambiental y agrícola, producción biotecnológica, nanotecnología y bioingeniería, entre otras. En este sentido, el uso de anticuerpos no solo es una herramienta de diagnóstico, sino también un pilar en la investigación, prevención y control de enfermedades infecciosas, las que a su vez, permiten el desarrollo de múltiples tecnologías que generan un impacto social y comercial.

En este contexto, la protección de tecnologías basadas en anticuerpos mediante patentes de invención presenta una serie de desafíos a superar para que la solicitud de patente sea exitosa. Entre estos se incluyen determinar si la tecnología satisface los requisitos de patentabilidad, si dispone de datos experimentales que demuestren características inventivas y si existen herramientas de propiedad intelectual apropiadas, como solicitudes provisionales, patentes internacionales según el Tratado de Cooperación en materia de Patentes (PCT) o acuerdos multilaterales como el Convenio de París, dependiendo del estado de desarrollo de la tecnología.

En síntesis, la presentación abordará distintos aspectos técnicos/jurídicos a considerar al momento de solicitar una eventual solicitud de patente para efectos de proteger una tecnología basada en anticuerpos.

Keywords: Propiedad industrial, Patentes de invención, Requisitos de patentabilidad, Anticuerpos

THE NEGLECTED ROLE OF MOBILE ELEMENTS TARGETING TRNA AND TMRNA GENES IN *KLEBSIELLA* EVOLUTION AND VIRULENCE

Camilo Berríos-Pastén[1], Rosalba Lagos[1], Andrés Esteban Marcoleta Caldera[1]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa, Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile

Bacterial genome evolution is strongly shaped by horizontal gene transfer mediated by mobile genetic elements (MGEs). In *Klebsiella pneumoniae*, a clinically relevant pathogen due to the rise of multidrug-resistant and hypervirulent strains, MGEs play a central role in the acquisition of resistance and virulence determinants. However, chromosomal MGEs, including genomic islands (GIs), prophages, and integrative and conjugative elements (ICEs), have been far less studied than plasmids. These elements preferentially integrate into tRNA and tmRNA genes (t(m)DNAs), although the factors driving this pattern remain poorly understood. Moreover, no previous studies have massively addressed the diversity and functional repertoire encoded in t(m)DNA-associated MGEs and their contribution to *K. pneumoniae* pathogenesis. To fill this gap, we developed KINTUN-GIP, a Python-based bioinformatic tool for the large-scale identification, classification, and annotation of these MGEs, based on the t(m)DNA genomic context. Applying this tool on a curated collection of 1,014 *Klebsiella* chromosomes (GMI-K1014 collection), we studied the diversity and main features of t(m)DNA-associated MGEs. A total of 88,319 t(m)DNAs were identified and grouped into 1,997 clusters, of which only 35 served as integration sites. These loci were highly prevalent within the genus and exhibit distinct trends: preference for monocistronic transcriptional units and for integration at the 3′ end of the gene. We detected 4,490 MGEs, grouped into 2,016 classes, with high overall diversity, most yet-to-be-known. GIs were the most abundant (2,456), followed by prophages (1,140) and ICEs (894). Several MGEs carried antimicrobial resistance genes and virulence factors, along with many uncharacterized or hypothetical proteins. Additionally, some MGEs showed phylogenetic association with particular lineages, suggesting vertical stability in specific groups. Our findings demonstrate that t(m)DNAs act as key genomic hotspots for MGE integration in *Klebsiella*, with preferences influenced by local genomic context. The remarkable abundance and diversity of MGEs, particularly GIs, highlight *Klebsiella pneumoniae* as a major reservoir and disseminator of clinically relevant genes, underscoring its evolutionary plasticity and significant public health impact.

Keywords: Horizontal gene transfer, Mobile genetic elements, *Klebsiella pneumoniae*, Comparative genomics
Financing: FONIS SA24I0259, FONDECYT 1221193, BECA DOCTORADO NACIONAL ANID 21192024

GENOME-BASED TAXONOMIC ANALYSES OF 1,610 *AKKEMANSIA*-LIKE GENOMES SUGGEST THE PRESENCE OF SEVERAL NEW GENERA

Juan Pablo Cardenas Astudillo[1]

(1) Universidad Mayor, Centro de Genómica y Bioinformática, Santiago, Chile

Akkermansia, a member of the vertebrate gut microbiota, is a member of the *Verrucomicrobiota* phylum. There are only a few officially described *Akkermansia* species as well as a handful of *Candidatus* species. Previous studies suggested the existence of an expanding diversity by using genome-based taxonomic metrics. However, the impact of this phylogenetic diversity remains unexplored. Here, we present a phylogenomic study using a set of 1,610 genomes from *Akkermansia*-like isolates and metagenome-assembled genomes obtained from the Genbank repository (December 2023), filtered by reasonably high completeness, low contamination, and taxonomic identity. Using ANI clustering at 96%, we could find a repertoire of 83 phylogroups. A phylogenomic tree found fifteen divergent clades. Validated members, such as *A. muciniphila, A. biwaensis, and A. massiliensis*, were present only in one of them (the "A1 clade"), whereas *A. glycaniphila* is located in a separate clade. By using state-of-the-art analyses, such as average amino acid identity (AAI), percentages of conserved proteins (POCP), and genomic core-based AAI (coreAAI), we found that several clades corresponded with inter-genus barriers (e.g., AAI values below 75%, or coreAAI < 80%). Comparison between A1-clade *Akkermansia and A. glycaniphila* suggests that this organism corresponds to a member of a new genus. A total of 23 inter-genus groups were obtained, several of them associated with specific host families. This study suggests that *Akkermansia*-like genomes may mask several genera and proposes a set of names for new Candidatus genera, and the reclassification of *Akkermansia glycaniphila as Alloakkermansia glycaniphila* gen nov. comb nov. Additionally, the genomic features of potentially new genera mainly found in rumiants (Candidatus alpha/beta/gamma-*Ruminakkermansia* groups) will also be discussed.

Keywords: *Akkermansia*, taxonomy, phylogenomics, evolution
Financing: This research was partially funded by the II Concurso Interuniversitario de Investigación Asociativa #IUP23-26, Chile. This research was supported by the computational resources from the Center for Genomics and Bioinformatics (Universidad Mayor, Chile).

IDENTIFICACIÓN DE EFECTORES CON ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA CODIFICADOS EN SPI-20 Y SPI-21 DEL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO VI EN *S.ARIZONAE*

Ayleen Parra[1], Carlos Blondel[2], Carla Vargas[3], Esteban Fernández[2], Felipe Reyes[3], Victoria Soriano[3], Fernanda Salazar[5], Patricio Espinoza[3], Fernando Amaya[4], Carlos Santiviago[4], David Pezoa[3]

(1) Universidad de Chile, Department of Chemical Engineering, Biotechnology and Materials, Centre for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB),, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Beaucheff 851, Santiago, Chile
(2) Universidad Andrés Bello,, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina y Facultad de Ciencias de la Vida, Echaurren 183, Santiago, Chile
(3) Universidad de las Américas, Laboratorio de Investigación, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Santiago, Chile
(4) Universidad de Chile, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Doctor Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile
(5) Universidad del Alba, Escuela de Medicina, Facultad de Salud, Ejército Libertador 171, Santiago, Chile

Los sistemas de secreción tipo VI (T6SS) son complejos contráctiles presentes en bacterias Gram negativas, translocando proteínas efectoras en células blanco. En Salmonella se han identificado cinco clusters de genes T6SS codificados en islas de patogenicidad (SPI-6, SPI-19, SPI-20, SPI-21 y SPI-22), distribuidos según el serotipo. Estudios previos vincularon SPI-6 y SPI-19 con competencia interbacteriana y de colonización; sin embargo, se desconoce el rol de SPI-20 y SPI-21.

Para evaluar si el T6SS codificado en SPI-20 y SPI-21 de *S. arizonae* RSK2980 posee actividad antimicrobiana, se generaron mutantes por deleción simple o doble de ambas islas, siendo sometidas a ensayos de competencia in vitro con *E.coli* K12. La eliminación de ambas islas redujo significativamente la actividad antimicrobiana en comparación con la cepa silvestre, mientras que las deleciones simples conservan una actividad similar a la cepa no mutada. Un análisis bioinformático y de genómica comparativa identificó módulos efector/inmunidad potencialmente responsables de la actividad antibacteriana: en SPI-20, se detectó SARI_02727/SARI_02726, cuyo efector presenta actividad periplásmica tóxica putativa y homología estructural con el efector Vgr2b de *P. aeruginosa.* En SPI-21, se identificó SARI_RS12255/SARI_RS12250, con potencial actividad peptidoglicano-hidrolasa, y homología con una endolisina LysF1 del fago FAHEc1 de *E.coli* O157:H7.

Para validar estas predicciones, se realizaron ensayos de expresión heteróloga en *E.coli* BL21. El efector SARI_RS12255, se clonó en pRSFDuet1, mientras que su proteína de inmunidad (SARI_RS12250) se clonó en pBAD33.1, induciéndose con IPTG (0,1 mM) y arabinosa (0,4%), respectivamente. La expresión solo del efector provocó una marcada inhibición del crecimiento, mientras que su coexpresión con la proteína de inmunidad permitió una recuperación parcial, evidenciando protección frente a la toxicidad.

En el caso de SARI_02727 y SARI_02726, ambos genes fueron clonados en un mismo plásmido (pRSFDuet-1). La inducción con IPTG (0,1 mM) provocó una disminución del crecimiento al expresar únicamente el efector, mientras que la coexpresión con su proteína de inmunidad incrementó parcialmente el crecimiento.

En resumen, este estudio constituye la primera evidencia de que los T6SS codificados en las islas SPI-20 y SPI-21 de *S.arizonae* participan en la actividad antimicrobiana mediada por T6SS, identificando a SARI_RS12255 y SARI_02727 como efectores tóxicos.

Keywords: T6SS, Salmonella, Efector, Proteína de inmunidad, Antibacteriano
Financing: Proyecto FONDECYT de Iniciación 11240160, ANID.

EXPANDING THE GENOMIC LANDSCAPE OF HANTAVIRUS IN CHILE: FROM SURVEILLANCE TO EVOLUTION

Lissette Ulloa Zepeda[1,2], Catalina Pavez[2], Edyth Parker[3], Denisse Alegría[4], Juan Ugalde[4], Fernando Torres-Perez[5], Eduardo Palma[6], Kristian G. Andersen[7,8], Marcela Ferres[9], Pablo Vial[2,10], Greg J. Mertz[11], Cecilia Vial[2]

(1) Doctorado en Ciencias e Innovación en Medicina, Instituto de Ciencias e Innovación de Medicina, Facultad de Medicina, Universidad del Desarrollo Clínica Alemana.
(2) Programa Hantavirus y Zoonosis, Universidad del Desarrollo Clínica Alemana, Instituto de Ciencia e Innovación en Medicina, Facultad de Medicina, Santiago, Chile.
(3) The Institute of Genomics and Global Health (IGH), Redeemer's University, Ede, Osun, Nigeria.
(4) Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
(5) Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso 2373223, Chile.
(6) Laboratorio de Biología Evolutiva, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
(7) Department of Immunology and Microbiology, The Scripps Research Institute, La Jolla, CA, USA.
(8) Scripps Research Translational Institute, La Jolla, CA, USA.
(9) Department of Pediatric Infectious Disease and Immunology, Infectious Disease and Molecular Virology Laboratory, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
(10) Departamento de Pediatría Clínica Alemana de Santiago, Santiago, Chile.
(11) Department of Internal Medicine, UNM Health Sciences Center, University of New Mexico, Albuquerque, NM, USA.

Orthohantavirus andesense (ANDV) is the etiological agent of hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS) and represents a significant public health concern as the only hantavirus known to transmit from human-to-human. Despite its relevance, the limited availability of complete genomes has hindered a comprehensive understanding of ANDV diversity, evolutionary history, and zoonotic potential in endemic region such as Chile.

To address this, we applied an amplicon-based Oxford Nanopore sequencing strategy to generate full-length genomes of ANDV from rodent reservoir samples collected across Chile. This approach enabled rapid and cost-effective sequencing, achieving high coverage across all three genomic segments and high concordance with Illumina-derived consensus sequences confirming the reliability of the approach. Phylogenetic analysis showed geographical clustering and segment-specific incongruences, indicating distinct evolutionary dynamics and underscoring the value of affordable and rapid genomic surveillance in endemic areas. Moreover, the presence of deep divergences within the phylogenies suggests substantial unsampled viral diversity within the reservoir.

These newly generated genomes expand the representation of Chilean ANDV genomic dataset and provide a framework for identifying candidate adaptive mutations, particularly relevant given the existence of a cluster associated with human-to-human transmission. When integrated with additional sequences from human and rodents, our data reveal geographically structured phylogenies with two major clades circulating in central and southern regions. This evolutionary context underscores the complexity of ANDV dynamics and reinforces the importance of continuous genomic surveillance to uncover hidden diversity and potential drivers of zoonotic transmission. This approach strengthens our capacity to monitor viral diversity, track evolutionary change, and support early outbreak detection and response.

Keywords: Hantavirus, Genomic surveillance, Phylogenetics, Evolutionary dynamics
Financing: Proyecto Anillo ATE220061Fondecyt regular 1241530

COEVOLUCIÓN ANTAGONISTA ENTRE *VIBRIO ANGUILLARUM* Y EL FAGO CHOED EN EL CONTEXTO DEL CAMBIO CLIMÁTICO

Neri Vargas Bermúdez[1], Marcela León[1], Santiago Gacitúa[1], Roberto Bastías[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Insitituto de Biología, Laboratorio de microbiología, Av. universidad 330, Valparaíso, Chile

El cambio climático está modificando rápidamente las condiciones fisicoquímicas del océano, impactando la ecología de bacterias marinas como *Vibrio anguillarum*, relevantes en acuicultura. Entender cómo el ambiente modula su interacción con bacteriófagos es clave para anticipar estos cambios.

Se caracterizó al fago CHOED y su hospedero *V. anguillarum* bajo distintos rangos de temperatura (4–45 °C), salinidad (0–10%) y pH (3–9). La bacteria mostró un crecimiento óptimo a 25 °C, 3.5% sal y pH 7, mientras que CHOED presentó infectividad en 14–30 °C, 0.85–7% sal y pH 5–9, con un óptimo a 30 °C, 2% sal y pH 6. Ensayos one-step revelaron que CHOED exhibe mayor tasa de eclosión y menor latencia a 30 °C.

Posteriormente, se realizaron experimentos de coevolución durante 21 días entre *V. anguillarum* y CHOED a 14 °C (condición ambiental), 25 °C (óptima bacteriana) y 37 °C (límite térmico), usando un MOI de 0,01. Se efectuaron 4 réplicas por condición con traspasos diarios, titulando bacterias y fagos en cada día, seguidos de ensayos de infectividad y resistencia. Los resultados mostraron que la temperatura moduló fuertemente la dinámica de coevolución: a 37 °C, el fago se extinguió fenotípicamente a partir del día 2; a 25 °C, en la mayoría de las réplicas perdió capacidad de lisar hacia el final del experimento, posiblemente por especialización hacia variantes bacterianas; en cambio, a 14 °C se mantuvo una coevolución estable, con preservación de infectividad durante todo el ensayo.

Los análisis de infectividad y resistencia, realizados cada tres días con fagos y 16 colonias bacterianas de las mismas réplicas, mostraron patrones dinámicos que variaron según la temperatura. Estos ensayos revelaron trayectorias evolutivas divergentes: en condiciones ambientales (14 °C) se mantuvo un equilibrio entre resistencia e infectividad, mientras que a 25 °C se observó un aumento progresivo de resistencia bacteriana y pérdida de rango de infección del fago. A 37 °C no apareció resistencia bacteriana, lo que se asocia con la rápida inactivación térmica del fago.

En conjunto, los resultados muestran que la temperatura y el ambiente determinan la persistencia del fago CHOED y *V. anguillarum,* así como la dirección de su coevolución ante el cambio climático.

Keywords: coevolución, bacteriófagos, *Vibrio anguillarum*, cambio climático, vibrios
Financing: Beca de arancel PUCVFondecyt Regular 1240615

HOST-MEDIATED RHIZOSPHERE MICROBIOME SELECTION INCREASES PHOSPHORUS USE EFFICIENCY IN WHEAT

Patricio Barra Espinoza[1], Mabel Delgado[1], Giovanni Larama[1], Paola Durán[1,2], Evelyn Briones[1], Benjamín Jorquera[1], Silvia Struve[1,3], María de la Luz Mora[1]

(1) Universidad de La Frontera, Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology, Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Francisco Salazar 01145, TEMUCO, Chile
(2) Universidad de La Frontera, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Francisco Salazar 01145, TEMUCO, Chile
(3) Universidad de La Frontera, PhD Program in Sciences of Natural Resources, Francisco Salazar 01145, TEMUCO, Chile

Phosphorus (P) deficiency constrains agricultural productivity in Chilean Volcanic Soils due to strong P fixation by amorphous minerals and low chemical P availability. Despite these limitations, rhizosphere microbiomes can mobilize poorly available P through solubilization, mineralization, and high-affinity uptake systems. However, the challenge lies in directing these complex communities toward sustained functionality under field-relevant constraints. Here, we evaluated whether Host-Mediated Microbiome Selection (HMMS), the iterative transfer of rhizosphere soils, can enrich microbiota that enhance P acquisition and plant performance over four generations (G1–G4) of wheat grown under three P treatments: no fertilization, phosphate rock, and triple superphosphate, using two P deficient soils as initial donors.

Across generations, wheat exhibited consistent improvements in performance. We observed a significant increase in shoot and root biomass, accompanied by enhanced phosphorus use efficiency (PUE) in G4 relative to G1. These indicates that HMMS effectively enhances plant nutrient acquisition without additional inputs of soluble P.

Microbial community analyses revealed that alpha diversity increased progressively across generations, reflecting ecological succession within initially sterile substrates and host-driven recruitment of diverse functional taxa. In parallel, beta-diversity metrics showed strong convergence of rhizosphere communities by G4, suggesting that wheat consistently selected a core set of microbial taxa optimized for P mobilization.

Genus-level taxonomic profiles revealed the enrichment of key P-associated genera, including *Pseudomonas, Limnobacter, Cellvibrio* and *Allo/Neo/Pararhizobium*, with distinct dynamics depending on fertilization treatment. These genera are associated with multiple mechanisms relevant to P cycling and plant growth promotion. Functional predictions further demonstrated a significant upregulation of taxa harboring genes directly involved in phosphorus mobilization in G4 communities. Specifically, enriched functions included acid phosphatases (PhoN and ACP5), alkaline phosphatases (PhoA and phoD), pyrophosphatases linked to intracellular phosphate homeostasis (ppaX and nudF), and specialized enzymes for phytate mineralization such as phytase. These predicted functions, collectively indicates

an enhanced microbial capacity to liberate and mobilize P in the rhizosphere.

These findings demonstrate that HMMS can address rhizosphere microbiomes toward higher functional specialization, leading to measurable improvements in wheat P nutrition and growth under Andisol conditions.

Keywords: Andisols, Phosphorus, Soil microbiome, Rhizosphere
Financing: FONDECYT regular 1241293; 1230084; 1210684. FONDECYT de iniciación 11200377. Anillos de Investigación en Áreas Temáticas Específicas ATE220038 y ATE250028
Acknowledgments: Service Management Analytical Research and Training Center (SmartC-BIOREN). The authors also acknowledge the supercomputing infrastructure of Soroban (SATREPS MACH—JPM/JSA1705), Centro de Modelación y Computación Científica, Universidad de La Frontera, Temuco.

COLECCIÓN PÚBLICA DE MICROORGANISMOS FITOPATÓGENOS: UNA HERRAMIENTA DE REFERENCIA A DISPOSICIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN FITOSANITARIAS EN CHILE

Jean Franco Castro[1], Matías Guerra[1], Jorge Carrasco Fernández[1], Daniel Candia[1], Carolina Campos[1], Yocelyn Ocares[1], Camila Nilo[1], Paz Millas[1]

(1) Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Av. Vicente Méndez 515, Chillán, Chile

Las enfermedades causadas por microorganismos fitopatógenos provocan pérdidas económicas en cultivos de relevancia agrícola para el país, lo que ha incrementado en el uso de agroquímicos con consecuencias negativas para agricultores, consumidores y el medio ambiente. Para avanzar hacia soluciones sostenibles y seguras, es necesario evaluar la efectividad de nuevos productos frente a fitopatógenos correctamente identificados. La Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianos (CChRGM) del INIA busca responder a este desafío mediante la conservación, identificación y puesta a disposición de cepas de fitopatógenas para investigación. El objetivo de este trabajo es establecer una colección pública de microorganismos fitopatógenos, debidamente identificados a nivel de especie mediante herramientas moleculares (secuenciación de genoma completo y de multi-locus), y disponible para su distribución a terceros gracias a técnicas de conservación a largo plazo como la crioconservación y liofilización. A la fecha, los avances logrados incluyen la identificación de 158 nuevas cepas, perteneciente a las especies de *Alternaria* (alternata, arborescens, frumenti, kordkuyana, tenuissima, yinchangensis), *Botrytis* (cinerea, pelargonni, prunorum),*Calosphaeria* (pulchella), *Chondrostereum* (purpureum), *Colletotrichum* (americanum, arboricola, brassicicola, gloeosporioides, godetiae, laurosilvaticum, palki, perseicola, pyricola, rhombiforme, roseum, trichellum), *Corinectria* (constricta), *Cytospora* (eucalypticola, leucostoma, sorbicola), *Diaporthe* (ambigua, australafricana, foeniculina, foikelawen, novem, patagonica, rudis), *Diplodia* (mutila, seriata), *Fusarium* (cincinatum, idabrowniae, verticillioides),*Neofusicoccum* (australe, luteum, parvum), *Neopestalotiopsis* (mesopotamica), *Pectobacterium* (atrosepticum, carotovorum subsp. carotovorum, parmentieri), *Phacidium* (lacerum), *Phytophthora* (cinnamomi, pseudocryptogea),*Pseudomonas* (amygdali pv. morsprunorum raza 1, cichorii), *Rhizobium* (rhizogenes) *y Sclerotinia* (minor, sclerotiorums). La implementación de esta colección pública constituye un hito para fortalecer la investigación en fitopatología en Chile, promoviendo el uso de cepas de referencia para el desarrollo de alternativas de control, generando un impacto positivo en la seguridad alimentaria y la protección del medio ambiente.

Keywords: colección de cultivos, microorganismos fitopatógenos, taxonomía, cepas públicas
Financing: FONDEQUIP, ANID, EQM20025. FIA PYT-2023-0702: Colección pública de microorganismos fitopatógenos: herramienta para el desarrollo de alternativas de manejo de enfermedades en sistemas silvoagropecuarios.

EVALUANDO EL ROL DE LA COMUNIDAD MICROBIANA EN EL EXITO DE THE *GRACILARIA CHILENSIS* EN CULTIVOS DE FONDOS BLANDO

Oscar Huanel[1,2], Ignacia Fuentes-Valdivia[1,2], Génesis Parada-Pozo[1,2], Marie-Laure Guillemin[1,3,4], Sylvain Faugeron[1], Nicole Trefault[1,2,4]

(1) Millenium Nucleus in Marine Agronomy of Seaweed Holobionts (MASH), Puerto Montt, Chile
(2) GEMA Center for Genomics, Ecology & Environment and Universidad Mayor, Santiago, Chile
(3) Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile
(4) FONDAP Center IDEAL- Dynamics of High Latitude Marine Ecosystem, Valdivia, Chile

Gracilaria chilensis es la principal alga cultivada en Chile. Tras la sobreexplotación de poblaciones naturales en la década de 1970, se desarrollaron cientos de cultivos para sostener la producción de agar, basados en la propagación vegetativa de talos diploides en sustratos fangosos. Hipótesis genéticas y ecofisiológicas han sido evaluadas para explicar la dominancia de los tetrasporofitos diploides en los cultivos, pero hasta ahora no se ha encontrado evidencia concluyente. Una hipótesis aún no explorada es que la adaptación de *G. chilensis* a las condiciones de cultivo podría haber sido facilitada por las comunidades microbianas que habitan en la superficie del alga y/o nuevos simbiontes adquiridos en el nuevo hábitat. En este estudio, utilizamos la secuenciación del gen 16S rRNA para comparar la diversidad y composición de las comunidades bacterianas de talos flotantes y enterrados, así como del sedimento circundante, en poblaciones naturales y cultivadas de *G. chilensis.* El análisis de Escalamiento Multidimensional No-Métrico (NMDS) y PERMANOVA mostraron que las comunidades microbianas asociadas a *G. chilensis* y las muestras de agua de mar y sedimento circundante son significativamente distintas. Luego de excluir las ASVs compartidas con el ambiente circundante, observamos una mayor diversidad microbiana en las poblaciones naturales que en los cultivos. El diagrama de Venn indicó que los ASVs compartidos entre talos flotantes de las poblaciones naturales y talos flotantes y enterrados de cultivos pertenecieron a los géneros *Lewinella, Portibacter, y Granulosicoccus* asociados al metabolismo anaeróbico del azufre, degradación de materia orgánica, y síntesis de vitamina B12. Por otro lado, luego de incluir solo las ASVs compartidas entre las *G. chilensis* y su ambiente circundante varias ASV compartidas entre talos enterrados y sedimento correspondieron al género *Desulforhopalus* capaces de reducir sulfato en condiciones anaeróbicas. Estos hallazgos sugieren que la domesticación incipiente de *G. chilensis* posiblemente ha afectado su diversidad microbiana, y que podría beneficiado tanto de su microbiota nativa como de bacterias funcionalmente relevantes presentes en sustratos fangosos recientemente colonizados.

Keywords: co-introducción, nuevas relaciones simbióticas, colonización de nuevos habitát, *Rhodophyta*
Financing: Fondecyt N°3240090, N° 1221456, Núcleo Milenio MASH NCN2024_037

COLONIZACIÓN POR HONGOS CON ESTRUCTURAS TIPO MICORRIZA ARBUSCULAR EN LA PLANTA ACUÁTICA *HYDROCOTYLE RANUNCULOIDES*

Enrique Lagos Flores[1,2], Patricia Silva-Flores[1]

(1) Universidad Católica del Maule, Ecología de Hongos y Micorrizas, Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule (CIEAM), Campus San Miguel, Avenida San Miguel 3605, Talca, Chile
(2) Universidad Católica del Maule, Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de ciencias agrarias y forestales, Campus San Miguel, Avenida San Miguel 3605, Talca, Chile

Los hongos micorrícicos arbusculares (división *Glomeromycota*) al formar la micorriza arbuscular (MA) cumplen un rol fundamental en la absorción de nutrientes y agua desde el suelo, los cuales intercambia por azúcares con la planta simbionte. En contraste, esta simbiosis en las plantas acuáticas ha sido poco estudiada respecto a la presencia de MA y sus posibles funciones. Algunas investigaciones fuera de Chile han reportado esta asociación en especies acuáticas, aunque aún falta explorar un gran número de ellas para comprender mejor el papel de la MA en estos ecosistemas. En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo evaluar la presencia y el porcentaje de colonización de MA en plantas acuáticas vasculares. La investigación se llevó a cabo en dos locaciones de la zona central de Chile: (1) el humedal urbano "El Bajo", Talca, y (2) "El Colorado", San Clemente. En un primer muestreo se consideraron seis especies de plantas acuáticas de la primera locación, cuyas raíces fueron analizadas mediante técnicas de tinción y microscopía. De este primer muestreo se obtuvo que *Hydrocotyle ranunculoides*, fue la única especie que mostró estructuras fúngicas tipo MA. Con base en este hallazgo, se efectuó un segundo muestreo focalizado en H. ranunculoides, incorporando la segunda locación (2) que presentaba la especie enraizada en suelo, a diferencia de la primera (1), donde crecía enraizada flotando en el agua. Se recolectaron quince individuos por sitio, cuyas raíces fueron teñidas y cuantificadas según el método de McGonigle. Solo los individuos de la primera locación evidenciaron estructuras de tipo micorriza arbuscular, con un 8,8% de colonización. Sin embargo, un análisis más detallado de las estructuras, en comparación con bibliografía, reveló similitudes con hongos de la división *Mucoromycota*. Este hallazgo resulta interesante para dicho grupo, ya que se les han atribuido beneficios similares a los de la MA, aunque se dispone de escaso conocimiento sobre ellos. En consecuencia, se hace necesario para futuras investigaciones incluir: la identificación de estos hongos mediante técnicas de biología molecular, una caracterización detallada de sus estructuras con microscopía confocal y añadir más sitios de muestreo para una comparación de las condiciones de enraizamiento.

Keywords: *Glomeromycota, Mucoromycota*, Hongo micorrícico arbuscular, Planta acuática vascular, Microscopía
Financing: ANID FONDECYT INICIACIÓN Nº 11230870 "Understanding the variation in dual-mycorrhizal plants associations and their mycorrhizal status along large-scale latitudinal and altitudinal gradients"
Acknowledgments: A mis amigos y pareja por acompañarme a muestrear, a la ONG "El bajo en Comunidad" por guiarme en el humedal, y a Patricia Silva Flores por apoyar mi investigación desde el primer día en que le presente la idea.

HOST-ASSOCIATED GENETIC AND PHENOTYPIC PATTERNS OF *BOTRYTIS CINEREA* IN THE COQUIMBO REGION OF CHILE

Veronica Plaza[1], Constanza Toledo Windfuhr[2], María Jose Torres Ossandon[1], Nicolas Gouin[1], Luis Castillo Barahona[1]

(1) Universidad de La Serena, La Serena, Chile, Biología, Ciencias, Raul Bitran 1305, La Serena, Chile
(2) Universidad de Antofagasta, Ciencias de la Salud, Antofagasta, Chile

Botrytis cinerea is a necrotrophic, polyphagous ascomycete with an exceptionally broad host range, highlighting its marked ecological plasticity. However, its presence, diversity, and potential impact within the endemic flora of Chile, Coquimbo Region remain underexplored. To address this problematic and to provide a contrast with agricultural systems, we analyzed samples from native plants and compared them with isolates obtained from crops, integrating phenotypic, virulence, and population genetic assessments.

In this study, we compared genetic, phenotypic, and virulence traits among host associated populations of the *B. cinerea* collected from *Vitis vinifera, Solanum lycopersicum, Heliotropium stenophyllum, Echinopsis coquimbana,* and *Adesmia bedwellii*. For each isolate, resistance to six fungicides fludioxonil, iprodione, fenhexamid, tebuconazole, pyrimethanil and boscalid, was quantified using mycelial growth inhibition assays on fungicide whit media, alongside measurements of conidial production, radial growth, and virulence on tomato, apple, and grape. Isolates were genotyped using SSR markers, transposable element (TE) composition (boty/flipper), and mating type (MAT 1-1/MAT1-2). Fungicide assays indicated higher resistance in isolates from agricultural hosts (*Vitis, Solanum*) than from wild hosts. In relation with inoculation tests, the most virulent isolates often originated from wild hosts, whereas only 50% and 20% Vitis and Solanum respectively exhibited high virulence. SSRs revealed limited neutral population structure between agricultural and wild-host groups, which was corroborated by fixation index analyses showing low global differentiation and generally small pairwise values; the greatest pairwise differentiation was observed in comparisons involving *Echinopsis* and *Vitis* by contrast, TE and MAT frequencies varied by host: all TE genotypes occurred in *Vitis; Solanum* was dominated by vacuma; and wild hosts were enriched for vacuma and boty.
In conclusion, we report host-associated variation in fungicide-resistance frequencies among B. cinerea populations sampled across multiple host. Host associated genetic and phenotypic patterns reveal an absence of SSR based population structure, whereas TE/MAT and phenotypic analyses show evidence of structuring. This discordance is consistent with phenotypic plasticity, whereby environment and host induced changes in traits occur without divergence at neutral loci. It is also compatible with selection acting on a restricted set of targets not captured by neutral SSRs, with both processes persisting despite ongoing gene flow.

Keywords: Botrytis cinerea, fungicide resistance, host-associated populations, phenotypic plasticity, population structure

Financing: This study was supported by grants from FIC-R 30485880-0 [GORE-Coquimbo], scholarship Program / DOCTORADO BECAS CHILE/2017 - 72180000.and theResearch Department of Universidad de La Serena [DIDULS] PT17122 and PT13121, La Serena,Chile to L.C.

CONTRASTING BACTERIOME ARCHITECTURES BETWEEN PHYLOGENETICALLY DISTANT CHILEAN MACROALGAE HOLOBIONTS: *GRACILARIA CHILENSIS* AND *MACROCYSTIS PYRIFERA*

Gustavo Rodríguez-Valdecantos[1,2], Genesis Parada-Pozo[1,2], Sylvain Faugeron[1,3], Carolina Camus[1,4], Nicole Trefault[1,2]

(1) Millenium Nucleus in Marine Agronomy of Seaweed Holobionts (MASH), Chile
(2) Universidad Mayor, Centro GEMA-Genómica, Ecología y Medio Ambiente., Santiago de Chile, Chile
(3) CNRS, Sorbonne Université, Pontificia Universidad Católica de Chile, Universidad Austral de Chile. IRL 3614, Evolutionary Biology and Ecology of Algae, Station Biologique de Roscoff, CS 90074, F-29688, Roscoff, France
(4) Universidad de Los Lagos, Centro i~mar, Puerto Montt, Chile

Marine macroalgae function as complex holobionts where host-associated bacteriomes play crucial roles in nutrient acquisition, pathogen defense, and environmental adaptation. Despite their ecological and economic importance, systematic comparisons of microbial interaction networks across phylogenetically distant macroalgal hosts remain limited, constraining our understanding of holobiont organization principles. We characterized and compared the bacteriome networks of *Gracilaria chilensis (Rhodophyta)* and *Macrocystis pyrifera (Phaeophyceae)* across wild populations in Chile's Los Lagos region. Adult fronds were sampled from natural populations across three sites per holobiont. Using Illumina sequencing, DADA2 processing and preforming alpha and beta diversity analyses, SPIEC-EASI network inference, and topological and centrality metrics calculation, we identified keystone taxa and compare network topology. Our results reveal contrasting bacteriome architectures between holobionts. *Gracilaria* exhibited significantly higher bacterial genus richness (361 total genera) compared to *Macrocystis* (86 genera), with *Gracilaria* possessing 281 exclusive genera while sharing 80 with *Macrocystis*. Network analysis demonstrated that *Gracilaria* exhibits denser microbial networks driven by high genus richness, whereas *Macrocystis* bacteriomes displayed more intense interaction relationships despite lower complexity. Both holobionts were characterized by strongly mutualistic networks with predominantly positive interactions. Keystone taxa varied at the genus level between holobionts; however, analysis revealed high conservation in core bacteriome composition at higher taxonomic levels, suggesting fundamental organizational principles governing macroalgal-bacterial associations across phylogenetically distant hosts. These findings provide novel insights into holobiont structural organization, revealing both host-specific and conserved patterns in network architecture. The conservation of core bacteriome composition despite genus-level keystone variation indicates evolutionary constraints on holobiont assembly transcending host phylogeny. This represents the first systematic comparison of microbial interaction networks between phylogenetically distant Chilean macroalgae, with direct applications for sustainable management of valuable marine resources. Future research will integrate functional metagenomics data and eukaryotic components via co-occurrence networks, providing comprehensive insights into bacteriome-eukaryome-host relationships within

these economically critical marine holobionts.

Keywords: Macroalgae Holobiont Bacteriome Networks Core-Genus
Financing: This work was supported by Millennium Nucleus MASH (NCN2024_037), ANID; Fondecyt N°1230758 (NT and SF), Fondecyt N°1221456 (SF and NT), and Fondecyt N°1241554 (CC and SF), ANID.
Acknowledgments: We thank the team of the Eco-genomics laboratory (GEMA Center) for their critical feedback and support.

POPULATION GENOMICS AND PHYLOGEOGRAPHY OF THE GLOBAL DISSEMINATION OF EMERGENT *SALMONELLA ENTERICA* SEROVAR INFANTIS

Alejandro Piña-Iturbe[1], Daniel Tichy-Navarro[1], Josefina Miranda-Riveros[1], María José Navarrete[1], Andrea I. Moreno-Switt[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina, Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

Background – Multidrug-resistant Salmonella Infantis carrying pESI-like megaplasmids have disseminated worldwide representing a serious threat to public health. A few previous studies have investigated its population structure and temporal dynamics above the continental level. However, their conclusions were limited by the size of the genome datasets analyzed, or by sampling biases. To address these issues, we analyzed all the Salmonella Infantis genomes available to assess the phylodynamics of the global population of this foodborne pathogen. Methods – On July 12th 2024, 26,981 Salmonella Infantis genomes were present on Enterobase. After filtering out low-quality and redundant assemblies, we selected a dataset of 14,012 genomes representing the temporal, geographic, isolation source, and genomic diversity of Salmonella Infantis from 78 countries across five continents, collected between 1910 to 2024. Statistical analysis, megaplasmid and AMR genes/mutations identification, minimum spanning trees, recombination-free core-SNP maximum likelihood phylogenies, time-measured maximum clade credibility trees and geographic dispersal analysis on reconstructed ancestral states were applied to study the population structure and phylogeographic dispersal of megaplasmid-positive Salmonella Infantis.

Results – Our analyses revealed that emergent Salmonella Infantis forms a monophyletic group of megaplasmid-positive subpopulations showing a statistically significant phylogeographic signal. Four clusters predominated among these subpopulations, showing association with the Americas (HC20_343) and Europe (HC20_7828, HC20_7264, HC20_7377). The megaplasmid-positive lineage was inferred to be originated in West Asia around 1990, followed by multiple introductions into Europe and a single transmission to South America which resulted in the dissemination of this pathogen to Northern America, and from there to the rest of the continent. Our analyses also revealed multiple transmission events of the American lineage to all continents, driving the dispersal of the *blaCTX-M-65* gene that encodes extended-spectrum β-lactamases. Finally, the evidence suggested that the recent emergence of ESBL-producing strains in some Asian and African countries is likely linked to poultry trading from the Americas.

Conclusion – Geographically isolated subpopulations of emergent Salmonella Infantis predominate in Europe and the Americas, the latter driving the global spread of ESBL-encoding genes. Urgent control measures are needed to prevent the transcontinental dissemination of Salmonella Infantis resistant to first-line antibiotics used for severe salmonellosis.

Keywords: Salmonella Infantis, Phyogenomics, One Health, pESI-like megaplasmid, *blaCTX-M-65*
Financing: Powered@NLHPC: This research was partially supported by the supercomputing infrastructure of the NLHPC (CCSS210001).Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile -ANID- Fondecyt Postdoctorado Folio 3230796
Acknowledgments: The authors of this study were supported by ANID through grants Fondecyt Postdoctorado Folio 3230796, Fondecyt Regular Folio 1231082, FONDEF IDeA I+D Folio ID24I10291; and scholarships Beca de Doctorado Nacional Folio 21241909, and Folio 21251661.

LA APLICACIÓN DE UN CÓCTEL DE BACTERIÓFAGOS DISMINUYE LA RESPUESTA INFLAMATORIA DURANTE LA INFECCIÓN DE SALMONELLA INFANTIS MULTIRRESISTENTE EN CÉLULAS CACO-2

Diana Claudia Marcela Alvarez Espejo[1,2], Vivien Cadet-Arenas[1], Cristóbal Martínez-Padilla[1], Miltha Hidalgo[3], Omar Porras[3], Angelica Reyes-Jara[4], Andrea Moreno-Switt[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Facultad de Ciencias Biológicas, Facultad de Medicina, Vicuña Mackena, 4860 Macul, Santiago de Chile, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Enfermería, Facultad de Medicina, Vicuña Mackena 4860, Macul, Santiago de Chile, Chile
(3) Universidad de Chile,, Laboratorio de Investigación en Nutrición Funcional, Instituto de Nutrición y Tecnología de Alimentos, El Líbano 5524, Macul, Santiago de Chile, Chile
(4) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología y Probióticos, Instituto de Nutrición y Tecnología de Alimentos, El Líbano 5524, Macul, Santiago de Chile, Chile

Salmonella Infantis (S.I.) es causante de un problema de salud pública emergente a nivel mundial atribuido al consumo de carne de pollo contaminada, entre otros tipos de alimentos. Los bacteriófagos o fagos líticos son virus que infectan y lisan bacterias con potencial uso como herramienta de biocontrol. Previamente, se caracterizaron dos fagos de distintos géneros llamados F1 y F2, ambos infectan cepas de S.I. resistente a múltiples antibióticos (MDR). El objetivo del trabajo fue caracterizar el efecto del coctel de fagos F1 y F2 en la infección bacteriana, respuesta inflamatoria e integridad celular en un modelo de epitelio intestinal humano, células Caco-2 infectadas con S.I.. El efecto del cóctel de fagos (CF) en la infección bacteriana se evaluó usando un ensayo de profilaxis, es decir, las células fueron tratadas con el CF (MOI 10), por 30, 60 y 120 min. y luego se infectaron con S.I. durante 1 h. La pre-incubación del CF por 120 minutos redujo la población bacteriana de 4 log10/mL en comparación con las células infectadas con S.I. (8 log10/mL). Para evaluar el efecto del CF en la respuesta inflamatoria, las células Caco-2 se diferenciaron durante 21 días en insertos TranswellÒ una vez alcanzado un valor de TEER de 1536 ± 2990. Posteriormente, las células fueron tratadas con 1010 PFU/mL del CF (MOI 100), durante 2h y luego se infectaron con 108 CFU/mL de S.I., observándose que la bacteria tiene la habilidad de invadir estas células (6log10/mL). La invasión bacteriana indujo la secreción de TNF-a (ELISA) y en la expresión de *IL-1b, IL-6 e IL-8* (qPCR), fenómeno que fue significativamente menor cuando las células fueron tratadas con el CF previamente a la exposición con S.I.. Se evaluó la resistencia transepitelial en TranswellÒ y no se observó efecto sobre la integridad epitelial en las células. Los resultados obtenidos sugieren a la fagoterapia como una alternativa segura para el manejo profiláctico de la salmonelosis en humanos. Se requieren estudios adicionales para evaluar el efecto de la fagoterapia en el sistema inmune del hospedero.

Keywords: Salmonella Infantis, terapia con bacteriófagos, Células Caco2
Financing: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo ANID Chile Fondecyt Postdoctorado 3210317 y Fondecyt Iniciación 11250702

CARACTERIZACIÓN SUBCELULAR Y DEPENDENCIA DEL CITOESQUELETO DE ACTINA EN LA FORMACIÓN DE ESTRUCTURAS TIPO FÁBRICAS VIRALES DEL VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA (IPNV).

Claudia Galleguillos*[1], Antonella Galleguillos Becerra*[1], Kevin Maisey[1]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Centro de Biotecnología Acuícola, Facultad de Química y Biología, Alameda 3363, Santiago, Chile
*Autores contribuyeron equitativamente

El virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) es un birnavirus que causa grandes pérdidas económicas en la industria acuícola, afectando a diversas especies de salmónidos en países como Chile y Noruega. Perteneciente a la familia *Birnaviridae*, este virus no posee envoltura y su genoma es de ARN de doble hebra (dsRNA). A diferencia de otros virus de dsRNA, los birnavirus carecen de núcleos transcripcionalmente activos, lo que ha llevado a proponer que su replicación ocurre en estructuras citoplasmáticas especializadas, denominadas fábricas virales. Estas fábricas, también conocidas como inclusiones virales o viroplasmas, pueden reclutar componentes celulares como el citoesqueleto y retículo endoplasmático para facilitar su proceso replicativo. No obstante, la formación de estas estructuras no ha sido documentada en investigaciones previas relacionadas con la infección por IPNv.

En este trabajo, estudiamos la presencia y composición de estructuras similares a fábricas virales de IPNV en células infectadas, evaluando su dinámica de asociación con organelos celulares y el rol del citoesqueleto de actina en su organización. Realizamos cinéticas de infección (4, 6, 8 y 24 horas postinfección, hpi) para detectar componentes virales mediante inmunofluorescencia y microscopía confocal. Además, utilizamos la expresión de proteínas recombinantes para marcar el retículo endoplásmico y el aparato de Golgi. Para evaluar el papel del citoesqueleto, empleamos citocalasina D, un inhibidor de la polimerización de actina, y vectores que codifican para mutantes dominantes negativos de las GTPasas Rac y Rho.

Observamos estructuras citoplasmáticas con dsRNA y proteínas virales que aumentaron en tamaño e intensidad hasta las 8 hpi. A este tiempo, se observó una colocalización parcial con marcadores del retículo endoplásmico y del aparato de Golgi, sugiriendo una posible interacción con estos organelos. Por último, tanto el tratamiento con citocalasina D como la transfección de plásmidos de GTPsas mutantes afectaron la formación de estas estructuras y redujeron la replicación viral. Estos resultados indican que la organización de las fábricas virales depende del citoesqueleto de actina. En conclusión, estos hallazgos aportan nuevos conocimientos sobre la biología intracelular del IPNV y su interacción con componentes de la célula huésped.

Keywords: Virus de la Necrosis Pancreática Infecciosa, Fábrica Viral, Actina
Financing: Esta investigación fue financiada por el proyecto FONDECYT 1240259
Acknowledgments: Este trabajo de investigación fue apoyado y financiado por la Dirección de Investigación Científica y Tecnológica (DICYT) de la USACH.

OUTER MEMBRANE VESICLES FROM *SALMONELLA ENTERICA* SEROVAR TYPHI: CHARACTERIZATION AND INFECTION MODEL VALIDATION AS EVIDENCE OF THEIR VACCINE POTENTIAL.

Wellasmin Pérez Reyes[1,2,3], Jan Neverman[1,2,3], Juan Fuentes Aravena[1,2,3]

(1) Universidad Andres Bello, Laboratorio de Genética y Patogénesis Bacteriana, Facultad de Ciencias de la Vida, 8370186, Santiago, Chile
(2) Universidad Andres Bello, Centro de Investigación de Resiliencia a Pandemias, Facultad de Ciencias de la Vida, 8370186, Santiago, Chile
(3) Universidad Andres Bello, Doctorado en Biotecnología, Facultad de Ciencias de la Vida, 8370186, Santiago, Chile

Outer membrane vesicles (OMVs) are proteoliposomes from Gram-negative bacteria containing proteins, lipids, lipopolysaccharides, and other pathogen-associated molecular patterns (PAMPs) recognized by the immune system. As non-replicative structures, they are a safe vaccine platform. Their composition depends on culture conditions, affecting immune and protective responses. This is especially relevant in Salmonella Typhi (S. Typhi), an OMS priority pathogen due to rising antibiotic resistance and the limited efficacy of current vaccines
S. Typhi causes systemic infection with low immune activation, attributed to the loss or modification of proinflammatory genes. Since OMVs reflect the bacterial molecular repertoire, it was proposed that S. Typhi modulates the content of its vesicles in response to signals from infectious niches, such as high osmolarity and the presence of bile in the intestine, altering their immunogenicity and protective effect. To evaluate this, OMVs were obtained from wild-type strains and from a *ΔfliC* mutant used to eliminate flagellin, an immunodominant PAMPs, cultured in Luria-Bertani (LB) medium with 0, 80, or 300 mM NaCl and in 0.064% w/v bile.
OMVs were characterized for size, zeta potential (DLS) using Nanosight, lipid content (FM4-64), protein content (BCA), protein profile (SDS-PAGE), and cytotoxicity (MTT), with compositional changes (size, protein profile, and lipid content) observed without in vitro toxicity. To evaluate immune and protective response, BALB/c mice (n = 6/group) were intramuscularly immunized with OMVs from each condition and, after the second dose, serum IgG and fecal IgA were measured, assessing protection against heterologous challenge with S. Typhimurium. OMVs from 0 mM NaCl, 300 mM NaCl, or bile generated high IgG levels but showed limited cross-protection compared to the standard condition. In contrast, *ΔfliC* OMVs in LB induced lower IgG but greater cross-protection, suggesting more specific and functional antibodies. High osmolarity did not improve cross-protection, whereas flagellin removal increased it, demonstrating that the culture environment and the presence of this PAMPs modulate the immune and protective response.

These results demonstrate that manipulating environmental and compositional factors allows OMVs to be directed toward responses with greater protective efficacy, optimizing their use as a vaccine platform and expanding their application to other pathogens.

Financing: FONDECYT 1220584
Acknowledgments: FONDECYT:220584BECA ANID:21231372

HUMAN METAPNEUMOVIRUS PROMOTES AN ANTI-INFLAMMATORY AND ANTI-APOPTOTIC ENVIRONMENT IN MACROPHAGES

Karissa Chavez Villacreses1,2, Matías Moraga-Astete1,2, Alison Sepulveda-Pontigo1,2, **Jorge A. Soto*1,2**

(1) 1Center for Research on Pandemic Resilience, Faculty of Life Sciences and Institute of Public Health, Universidad Andres Bello. Santiago, Chile.
(2) Translational Immunology Laboratory. Faculty of Life Sciences. Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.

Human metapneumovirus (hMPV) is an important respiratory pathogen that predominantly affects children, the elderly, and immunocompromised individuals. Although lung epithelial cells represent the primary targets of infection, where activation of type I interferon pathways promotes Th1-mediated antiviral responses, the direct impact of hMPV on innate immune cells remains less defined. Macrophages, central components of innate immunity, contribute not only through phagocytosis but also via their plasticity, enabling polarization into proinflammatory or regulatory subsets that critically shape the outcome of viral infections. Their role as potential reservoirs and modulators of immune responses has been demonstrated for other respiratory viruses, such as influenza A and SARS-CoV-2, where macrophages often acquire an M2-like profile that may facilitate immune evasion. In this study, bone marrow-derived macrophages were infected with hMPV to characterize immune modulation at the cellular and molecular levels. Despite a low percentage of directly infected cells (GFP+), significant alterations were observed across the macrophage population. Flow cytometry revealed an increased frequency of $CD86^{-}CD206^{+}$ macrophages, consistent with an M2-like regulatory phenotype, alongside the accumulation of $CD86^{-}CD206^{-}$ cells at later time points. Cytokine profiling showed an early peak of TNF-α at 24 h post-infection, which subsequently declined, while IL-6 levels remained stable. Notably, a higher proportion of IL-10-producing macrophages was detected in infected cultures, further supporting polarization toward an immunoregulatory state. Apoptosis assays indicated no major differences in early apoptosis between infected and control conditions, while reductions in viable cells at later stages were not infection-specific. However, RT-qPCR analysis demonstrated increased expression of the anti-apoptotic protein Bcl-2, suggesting a potential mechanism by which hMPV sustains macrophage viability. In summary, these findings indicate that hMPV infection promotes a regulatory environment characterized by $M2/IL\text{-}10^{+}$ macrophage expansion and attenuation of inflammatory and apoptotic responses. This immunomodulatory strategy may ultimately contribute to viral persistence within the host.

Keywords: Human metapneumovirus, macrophages, immune response, viral persistence, anti-apoptotic response
Financing: Fondecyt Regular 1231866

DIFFERENTIATED HUMAN NASAL MUCOSA DERIVED ORGANOIDS AS A MODEL TO STUDY INFLUENZA A VIRUS INTERACTIONS

María José Vásquez Vidal[1,2], Claudia González[3,8], Pablo Villanueva[4,5,8], Vanessa Mendieta[1,2], Valentina P Mora[1,2,6], Carolina Serrano-Honeyman[7], Javiera Valenzuela[1,2], Valerie Joannon[1,2], Karen Bohmwald[6], Catalina Pardo-Roa[1,2,8]

(1) Pontificia Universidad de Chile, Department of Child and Adolescent Health, School of Nursing, Marcoleta 391, Santiago, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Pediatric Infectious Diseases and Immunology, School of Medicine, Marcoleta 391, Santiago, Chile.
(3) Pontificia Universidad Católica de Chil, Department of Otorhinolaryngology, School of Medicine, Avda. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile
(4) Pontificia Universidad Católica de Chile,, Department of Neurosurgery,, School of Medicine, Avda. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile
(5) Red de Salud UC-CHISTUS, Pituitary Tumour Programme and Basic Endonasal Endoscopy,, Avda. Libertador Bernardo O'Higgins 340,, Santiago, Chile
(6) Universidad Autonoma de Chile, Institute of Biomedical Sciences, Faculty of Health Sciences, Santiago 8910060, Chile
(7) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Gastroenterology, School of Medicine, Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile
(8) Red de Salud UC-CHISTUS, Santiago, Chile

The nasal cavity represents the first barrier and the primary entry site for respiratory viruses such as the influenza A virus (IAV). Influenza remains a major threat to global public health due to its high transmissibility and capacity to cause seasonal outbreaks. However, the lack of physiologically relevant models that accurately recapitulate the characteristics of the human respiratory mucosa limits our understanding of its infection dynamics.

Organoids are self-organizing, three-dimensional structures derived from stem cells that reproduce structural and functional features of their tissue of origin. Here, we performed a model of healthy human sinonasal epithelium organoids derived from healthy sphenoidal biopsies, obtained as surgical discard tissue from transsphenoidal procedures in Chile. All donors provided written informed consent, and the study was conducted under an approved ethical protocol. Biopsy specimens were mechanically and enzymatically dissociated and cultured in Matrigel® under expansion conditions to generate spheroids, defined as three-dimensional aggregates of proliferating stem cells. Cellular monolayers derived from spheroids were differentiated under ALI system (n=2), recapitulating the main epithelial lineages (basal CK5+, goblet MUC5AC+, club CC10+, and ciliated SNTN+/FOXJ1+) and expressing tight junction proteins such as claudin-2 and claudin-4, thereby demonstrating the acquisition of functional barrier properties.

Differentiated monolayers were subsequently infected with the IAV/H1N1 (A/Netherlands/602/2009) MOI=0.01. Transepithelial electrical resistance (TEER) on cells, viral load (TCID50), and cytokines

(RT-qPCR) were measured at 24 and 48 hours post-infection (hpi). TEER decreases at 48 hpi, indicating barrier disruption correlated with active replication. In addition, infected organoids exhibited an increase of IFN-λ, related to the antiviral response and an inflammatory response characterized by IL-1, IL-6 and IL-8 compared with non-infected controls.

Here, we describe the human nasal organoids derived from healthy sphenoidal biopsies as an innovative and reproducible system for studying influenza virus host interactions. Also, our approach provides a first approximation of human nasal mucosal immune responses and opens new avenues to investigate other host–pathogen interactions, viral coinfections, and future translational applications in virology, immunology, and microbiology.

Keywords: Influenza Virus, Organoids, Nasal cavity, Respiratory viruses
Financing: FONDECYT 11231122, 3190706, CRIP. NIH-NIAID CEIRS, Contract_#_HHSN272201400008C. NIH-CEIRR, Contract_HHSN75N9301R00028 and PIA-UC.
Acknowledgments: I would like to thank the Laboratorio de Virología Molecular and the surgical team at the UC CHRISTUS Health Network.

IDENTIFICACIÓN DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS PRODUCIDOS POR PSEUDOMONAS ANTÁRTICAS

Nancy Calisto Ulloa[1], Claudio Gómez[1], Laura Navarro[2], Alex González[3], Manuel Gidekel[2], Ana Gutiérrez[2], Gino Corsini[2]

(1) Universidad de Magallanes, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Punta Arenas, Chile
(2) Universidad Autónoma de Chile, Departamento de Ciencias de la Salud, Santiago, Chile
(3) Universidad de Los Lagos, Departamento de Salud, Osorno, Chile

El aumento progresivo de la resistencia bacteriana a los antibióticos demanda el desarrollo de estrategias alternativas, entre las cuales la bioprospección en ambientes poco explorados se posiciona como una fuente prometedora de nuevos compuestos antimicrobianos. En este contexto, el continente antártico constituye un reservorio de microorganismos productores de diferentes metabolitos bioactivos inexplorados.

En el presente estudio se analizaron tres cepas de *Pseudomonas* aisladas de suelos de las Islas Shetland del Sur en el continente Antártico, con el objetivo de evaluar su capacidad para producir péptidos antimicrobianos. Las cepas estudiadas presentaron perfiles diferenciados de actividad antibacteriana frente a un panel de 16 bacterias patógenas humanas, que incluyó 5 cepas con resistencia conocida a antibióticos. La *Pseudomonas* sp. M1-4-11 presentó actividad inhibitoria del crecimiento tanto de bacterias Gram positivo como Gram negativo, mientras que la *Pseudomonas* sp. C1-4-7 presentó actividad antibacteriana frente a bacterias Gram negativo, y la *Pseudomonas* sp. D2-4-6 frente a bacterias Gram positivo.
El análisis de LC-MS/MS permitió identificar en los sobrenadantes de cultivo de las *Pseudomonas* sp. C1-4-7 y M1-4-11 la presencia de dos peptidos con actividad antimicrobiana informada frente a bacterias Gram positivas, Massetolide_F, una viscosina del grupo de los lipopeptidos y Suzukacillina-B perteneciente al grupo de los peptaiboles.

Adicionalmente, el análisis genómico de las bacterias estudiadas mediante las herramientas bioinformáticas BAGEL y antiSMASH permitió identificar, en las tres cepas estudiadas, un cluster asociado a la producción de la microcina denominada MicroPacina K2, la cual presenta actividad bactericida sobre bacterias Gram negativo. La expresión del gen correspondiente a la MicroPacina K2 fue confirmada mediante RT-PCR. Finalmente, en el genoma de la *Pseudomonas* sp. D2-4-6 se identificaron clusteres asociados a la síntesis de dos bacteriocinas de tipo piocinas.

Los resultados evidencian que las tres *Pseudomonas* sp. antárticas estudiadas poseen la capacidad de producir una diversidad de compuestos antimicrobianos peptídicos, como lipepetidios y bacterionas. Algunos metabolitos resultan exclusivos de ciertas cepas, mientras que otros, como MicroPacina K2, se expresan en las tres, resaltando el potencial de estos microorganismos para el desarrollo de nuevos agentes activos contra bacterias patógenas resistentes.

Keywords: Lipopéptidos, Bacteriocinas, Bacterias antárticas, antimicrobianos

COMPRENDIENDO LA INSERCIÓN DE SITIO POLIBÁSICO DE LA PROTEÍNA DE FUSIÓN COMO MARCADOR DE VIRULENCIA EN ISAVIRUS DEL SALMÓN: CASO ÚNICO ENTRE LOS MYXOVIRUS?

Marcelo Cortez-San Martín[1], Daniela Nuñez Acurio[1], Yesseny Vasquez-Martinez[1,2]

(1) 1.Universidad de Santiago de Chile, Laboratorio de Virología Molecular y Control de Patógenos, Facultad de Química y Biología, Alameda 3363, Santiago, Chile(
2) 2.Universidad de Santiago de Chile, Escuela de Medicina, facultad de Ciencias Médicas, Alameda 3363, Santiago, Chile

La anemia infecciosa del salmón (ISA) sigue siendo relevante para la industria acuícola nacional e internacional debido a las grandes pérdidas económicas que causó en nuestro país y la que está provocando en Noruega. El agente etiológico es el Isavirus, un Myxovirus perteneciente a la familia Orthomyxoviridae. Sus dos proteínas de superficie, la hemaglutinina-esterasa (HE) y la proteína de fusión (F), se han propuesto como factores relevantes para explicar la infectividad y virulencia del virus. La proteína F es la encargada de la fusión entre la envoltura viral y la membrana del endosoma en el proceso de desnudamiento, requiriendo el clivaje de F por proteasas celulares para su activación. En Isavirus se han reportado inserciones en la zona de clivaje que se caracterizan por poseer residuos básicos. Por otro lado, en Myxovirus, la secuencia aminoacídica del sitio de clivaje en el dominio fusión permite el acceso a las proteasas celulares, incrementando así la virulencia. En este trabajo se muestran los últimos resultados obtenidos tras estudiar durante años los dos aislados nativos de Isavirus más prevalente durante la crisis del salmón causada por este virus. Uno de estos virus, ISAV752 con inserción en el segmento 5 fue altamente prevalente, el otro llamado ISAV901 no posee inserción, siendo interesante analizar la infectividad de estos virus in vitro. Los resultados sorprendentemente muestran que el aislado ISAV901, aunque no posee inserción en la proteína Fusión tiene una mayor capacidad infectiva en cultivo celular, reflejado en placas de lisis de mayor tamaño y una tasa de replicación acelerada en tiempos tempranos. Adicionalmente el virus ISAV901 levanta diferencialmente la expresión de genes relacionados con la respuesta inmune como son IFN-alpha y Mx, lo que podría sugerir que su infectividad viene dada por la modulación de la respuesta celular con efecto antiviral.
En conclusión, contrastando con lo esperado, el aislado ISAV901 presenta una mayor infectividad que ISAV752, sugiriendo que la inserción en la proteína F, no necesariamente le otorga una ventaja al virus a nivel de infectividad in vitro siendo necesario evaluar en un futuro el grado de virulencia de estos dos aislados en desafíos con peces.

Keywords: Isavirus, salmon, Proteina Fusión, infectividad
Financing: Fondecyt regular #1251842

VIGILANCIA GENÓMICA DE LA INTRODUCCIÓN DEL VIRUS DE LA INFLUENZA AVIAR EN LA ANTÁRTICA CHILENA DURANTE LA TEMPORADA 2024-2025

Elisa Gutiérrez Iturrieta[1,2], Pablo Castillo Torres[1,2], Fernando Morales[1,2], Ana S. Gonzalez-Reiche[3], Claudia Ulloa[4], Nikita Enciso[1,5], Lucas Krüger[4,6], Keith Farrugia[3], Fabiola Leon[4], Matthias Cabrera[5], Carolina Márquez[4], Zain Khalil[3], Eduardo Pizarro[4], Víctor Neira[5], Miguel Correa[4], Gaspar Mejías[4], Francine C.B. Timm[4], Harm van Bakel[3,7,8], Juliana Viana[4], Catalina Pardo-Roa[1,2,9]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Child and Adolescent Health, School of Nursing, Santiago, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Pediatric Infectious Diseases and Immunology, School of Medicine, Santiago, Chile
(3) Icahn School of Medicine at Mount Sinai, Department of Genetics and Genomic Sciences, New York, NY, USA
(4) Millennium Institute of Biodiversity of Antarctic and Subantarctic Ecosystems (BASE), Santiago, Chile
(5) Universidad de Chile, Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Santiago, Chile
(6) Instituto Antártico Chileno INACH, Departamento Científico, Punta Arenas, Chile
(7) Center for Research on Influenza Pathogenesis and Transmission (CRIPT) Center of Excellence of Influenza Research and Response (CEIRR), New York, NY,, USA
(8) Icahn School of Medicine at Mount Sinai, Icahn Genomics Institute, New York, NY, USA
(9) Emory Center of Excellence of Influenza Research and Response (Emory-CEIRR), Atlanta, USA.

El virus Influenza Aviar (VIA) es un patógeno altamente relevante por su potencial zoonótico. En Antártica, una reserva natural con gran diversidad de avifauna durante el verano austral, se han reportado diversos VIA de baja patogenicidad, como el subtipo endémico H11N2. Durante el verano 2023-2024, se reportó la introducción de VIA altamente patogénica (HPAIV)-A/H5N1 en Antártica, con eventos de mortalidad masivos. El comportamiento migratorio de las aves, las convierten en potenciales reservorios del virus, favoreciendo su transmisión y diseminación entre especies especialmente en zonas de anidamiento con alta densidad poblacional. Con el objetivo de monitorear la introducción, diseminación y evolución de los VIA en aves antárticas durante el verano 2024-2025, un equipo multidisciplinario del Laboratorio de Virología Molecular-UC (LVM-UC), Instituto Milenio BASE, INACH y FAVET-UChile realizaron una campaña de vigilancia del HPAIV para establecer la tasa de positividad e impacto poblacional en diversas localidades del continente antártico.

Entre diciembre/2024 y enero/2025 se colectaron 323 muestras de aves marinas por toma directa y 239 muestras ambientales siguiendo normativas éticas y de protección ambiental de INACH y SCAR. Se almacenaron en medio de inactivación viral Inhibirure® y transportaron manteniendo cadena de frío hasta su procesamiento en el LVM-UC, posteriormente se organizaron en pooles, se extrajo el RNA con TRIzol® + columnas QIAamp® y se detectó Influenza A mediante RT-qPCR (gen M), derivándose las muestras positivas al SAG para confirmación de

HPAIV. Las muestras positivas se secuenciaron mediante Nanopore (MinIONTM) y analizaron por ML incluyendo secuencias globales de aves disponibles en GISAID y GenBank. A la fecha 122 pooles han sido analizados, con una tasa de positividad del 18% para Influenza A. Las especies positivas incluyen pingüinos (Pygoscelis papua y antarcticus), petreles gigantes del sur (Macronectes giganteus) y skúas pardas (Stercorarius antarcticus). La secuenciación confirma presencia de HPAIV-H5N1 con una única introducción desde Sur América sin observarse cambios respecto a la temporada pasada.

Estos hallazgos indican la presencia de Influenza A en aves migratorias y pingüinos residentes en Antártica y la introducción del subtipo H5N1, incrementando el riesgo de recombinaciones con cepas endémicas y subrayando la importancia de la vigilancia genómica en la región.

Financing: INACH Projects: RT-30-22, RT-08-211 and AMP-24-03-052. NIH-CEIRR Contract No.75N93021C00017 Option 18A, ACM-ANID ICN2021_002 Millennium Institute BASE, the Oceanographic Institute, Foundation Albert I, ICN2021_044–CGR. The Brazilian CNPq Project No.440901/2023-5, FONDECYT 11231122
Acknowledgments: Agradecemos al equipo de logística de INACH, a Alejandro Font, Pablo Espinoza y todos los miembros del staff en Base Escudero, tripulaciones del Betanzos y Karpuj. Al equipo de la Escuela de Enfermería UC y todos los miembros del LVM-UC.

RESILIENCIA DEL MICROBIOMA DE LA ESPONJA ANTÁRTICA *MYCALE ACERATA* FRENTE A ESCENARIOS DE CAMBIO CLIMÁTICO

Magdalena Osorio Aliaga[1,2], Constanza Soto[1,2], Karin Gérard[2,3,4], Kurt Paschke[2,5,6], César A. Cárdenas[2,7], Julieta Orlando[1,2]

(1) Laboratorio de Ecología Microbiana (LEMi), Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile
(2) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile
(3) Laboratorio de Ecosistemas Marinos Antárticos y Subantárticos (LEMAS), Facultad de Ciencias, Universidad de Magallanes, Punta Arenas, Chile
(4) Centro Internacional Cabo de Hornos (CHIC), Puerto Williams, Chile
(5) Centro FONDAP de Investigación Dinámica de Ecosistemas Marinos de Altas Latitudes (IDEAL), Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile
(6) Instituto de Acuicultura, Universidad Austral de Chile, Puerto Montt, Chile
(7) Departamento Científico, Instituto Antártico Chileno (INACH), Punta Arenas, Chile.

Entre los componentes clave de los ecosistemas antárticos se encuentran las esponjas marinas (Porifera), organismos sésiles y filtradores que forman holobiontes con comunidades microbianas. Estos microorganismos cumplen funciones esenciales en nutrición, defensa e inmunidad, y confieren plasticidad al hospedador frente a perturbaciones. Además, el microbioma aporta funciones metabólicas que sostienen la productividad bentónica y la transferencia de energía en las redes tróficas. Dado que la biodiversidad antártica es altamente vulnerable al cambio climático, comprender la estructura y estabilidad de los microbiomas de esponjas, importantes miembros de las comunidades bentónicas, es crucial para evaluar la resiliencia de los ecosistemas polares.

En este trabajo evaluamos los efectos de pH y temperatura sobre la diversidad microbiana asociada a la esponja *Mycale acerata*. Se recolectaron 15 individuos de *M. acerata* en Bahía Fildes (Isla Rey Jorge, Península Antártica). Las esponjas se mantuvieron en acuarios bajo tres condiciones: un grupo control y dos tratamientos que simularon escenarios de cambio climático (SSP2-4.5 y SSP5-8.5), caracterizados por menor pH y mayor temperatura. El microbioma de cada individuo se analizó en tres momentos: al ser recolectado (día 0), tras un período de aclimatación en acuario (día 4) y al término del experimento (día 9). Esto generó un total de 45 muestras. Se extrajo el ADN, se amplificó la región V6–V8 del gen 16S rRNA y se realizó la caracterización taxonómica del microbioma mediante análisis bioinformáticos en RStudio.

Las comunidades microbianas estuvieron dominadas por Alphaproteobacteria, Bacteroidia y Gammaproteobacteria, de forma consistente en todas las condiciones y en concordancia con reportes previos para *M. acerata*. Este patrón evidencia la existencia de un núcleo microbiano dominante y estable. Sin embargo, al final del experimento se observó una diferenciación parcial según el tratamiento, con cierto solapamiento entre grupos. Este resultado sugiere

la presencia de una fracción más flexible de la comunidad capaz de responder a cambios ambientales. Los resultados sugieren que *M. acerata* mantiene un microbioma resiliente frente a variaciones ambientales, pero con cambios en la fracción flexible. Aún es necesario evaluar la dimensión funcional de estas comunidades para comprender su rol en la adaptación frente a un océano en transformación.

Keywords: Esponja, *Mycale acerata,* Microbioma, Antártica, Cambio Climático
Financing: Instituto Antártico Chileno (INACH) DT_14_23; Beca de Doctorado Nacional 21221406; Programa Iniciativa Milenio ICM-ANID ICN_2021_002

METABOLITOS DE TIRAMINA COMO MEDIADORES DE LA COMUNICACIÓN MICROBIOTA-HOSPEDERO EN EL TRACTO GASTROINTESTINAL DE SALMON DEL ATLANTICO

Mario Tello Reyes[1], Marcelo Araya[1,4,5], Daniel Conejera[1], Marcelo Diaz[1], Estrella Parraguez[1], Claudia Saavedra[3], Gertjan Kramer[6], Alex Gonzalez[2], Danilo Perez-Pantoja[4,5]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Biologia, Quimica y Biologia, Alameda 3363, Santiago, Chile
(2) Universidad de Los Lagos, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Lagos, 5290000, Osorno, Chile
(3) Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias de la Vida, Republica 330, Santiago, Chile
(4) Universidad Tecnológica Metropolitana, Instituto Universitario de Investigación y Desarrollo Tecnológico, Santiago, Chile
(5) Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Santiago, Chile
(6) University of Amsterdam, Swammerdam Institute for Life Sciences, 1098 XH Amsterdam, The Netherlands

La microbiota intestinal es una compleja comunidad de microorganismos que interactúa con el hospedero estimulando el sistema inmune y el sistema nervioso presentes en el intestino. Esta modulación neuroinmunologica por parte de la microbiota es mediada por la metabolitos producidos o modificados por la microbiota intestinal. Entre estas moléculas podemos encontrar derivados de tiramina (tiramina, 3metoxitiramina y dopamina) o derivados de triptófano (Indoles, kinunerina, etc). En Salmón del Atlántico la microbiota intestinal ha sido estudiada principalmente asociada a la dieta que los peces reciben, pero poco se conoce sobre su rol directo en la fisiología del pez. Estudios metabolómicos han identificados derivados de tiramina y triptófano en el contenido intestinal de Salmón del Atlántico, pero se desconoce si estos compuestos son producidos por parte de la microbiota intestinal. En este trabajo se planteó como hipótesis que en la microbiota intestinal de Salmón del Atlántico existen derivados de tiramina y triptófano que son producidos o modificados por la microbiota intestinal de Salmón del Atlántico. Mediante la inducción de disbiosis intestinal por administración de antibióticos de amplio espectro, análisis metagenómico por secuenciación de 16S rRNA y WMS, predicción de rutas metabólicas, caracterización del metaboloma, y el aislamiento de microorganismos en medios mínimos suplementados con tiramina como única fuente de carbono, nuestro grupo pudo identificar que los metabolitos 3metoxitiramina y kinunerina experimentan cambios en su concentración intestinal en los peces sometidos a disbiosis inducida por antibióticos. La caracterización de la composición de la microbiota intestinal pudo identificar cambios en la abundancia de las rutas metabólicas encargadas de la producción de tiramina y kinunerina. También se logró aislar microorganismos degradadores de tiramina y dopamina a partir de la microbiota intestinal, los cuales presentaron vias metabólicas similares a las identificadas en Pseudomonas ambientales degradadoras de tiramina/dopamina. Estos resultados permiten concluir que la microbiota intestinal de Salmón del Atlántico regula la producción de metabolitos neuroinmunomoduladores

Keywords: Microbiota, Salmon del Atlántico, Metabolitos neuroinmunomoduladores
Financing: Fondecyt regular 1240811

CONTRIBUCIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN LA SEPARACIÓN DEL NICHO TRÓFICO ENTRE DOS ESPECIES DE ERIZOS MARINOS COEXISTENTES EN ECOSISTEMAS BENTÓNICOS ANTÁRTICOS.

Mélanie Delleuze[1,2,3], Guillaume Schwob[3], Sergio Guajardo-Leiva[4,5], Loïc Michel[6], Elie Poulin[1,3], Léa Cabrol[3,7,8]

(1) Laboratorio de Ecología Molecular, Universidad de Chile, Santiago, Chile
(2) Marine Biology Lab, Université Libre de Bruxelles, Bruselas, Bélgica
(3) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile
(4) Centro de Ecología Integrativa, Universidad de Talca, Talca, Chile
(5) Dirección de Investigación, Vicerrectoría Académica, Universidad de Talca, Talca, Chile
(6) Animal Systematics and Diversity, Freshwater and OCeanic science Unit of reSearch (FOCUS), University of Liège, Liège, Bélgica
(7) Instituto de Ecología y Biodiversidad, Santiago, Chile
(8) Mediterranean Institute of Oceanography (M.I.O.), Aix-Marseille, CNRS, IRD, Marseille, Francia

Las especies sintópicas (es decir, especies que se encuentran en el mismo lugar al mismo tiempo) pueden forjar gradualmente una separación de nichos para reducir la competencia interespecífica por los recursos. Si bien los factores clásicos que impulsan la partición de nichos incluyen el uso de recursos diferencial, la selección de microhábitats y la segregación temporal, cada vez hay más pruebas que sugieren que la microbiota intestinal también puede ser un mediador en la diferenciación ecológica al proporcionar capacidades metabólicas distintas a sus hospederos. En la bahía Fildes (Antártica), los erizos de mar depositívoros Abatus agassizii y Schizocosmus abatoïdes coexisten en los mismos sedimentos, pero los mecanismos que facilitan esta coexistencia son poco conocidos. Este estudio tiene como objetivo determinar si la microbiota intestinal contribuye a la partición de nichos entre estas dos especies. Mediante un enfoque integrado que combina análisis isotópicos, metabarcoding del gen ARNr 16S y metagenómica shotgun, caracterizamos las comunidades microbianas del sedimento adyacente, del contenido intestinal, y del tejido intestinal de ambas especies, y definimos el nicho trófico de ambos erizos. Nuestros resultados revelaron que, aunque ambas especies ocupan la misma posición trófica, las diferencias en los valores de $\delta^{13}C$ y $\delta^{15}N$ indican que consumen recursos distintos. Asimismo, sus microbiomas asociados al tejido intestinal eran notablemente distintos tanto taxonómicamente como funcionalmente, a pesar de ingerir sedimento con comunidades microbianas similares. La microbiota intestinal de A. agassizii se enriqueció en géneros como *Desulfobacula, Desulfoconvexum, Desulfotalea* y *Sulfurospirillum*, mientras que en la microbiota intestinal de S. abatoïdes dominaron géneros como *Woeseia, Sulfitobacter, Psychromonas* y *Allohahella*. Los análisis metagenómicos indicaron además que cada especie albergaba linajes bacterianos específicos con potenciales metabólicos divergentes, particularmente en las vías relacionadas con la asimilación de nutrientes (azufre, carbono y nitrógeno). En conclusión, nuestros hallazgos proveen evidencia directa de una partición de nichos mediada por la microbiota intestinal, donde linajes bacterianos específicos permiten a sus hospederos explotar diferencialmente

los recursos, facilitando así su coexistencia.

Keywords: Microbiota intestinal, Nicho trófico, Antártica, *Echinoidea*, Coexistencia
Financing: Proyecto INACH DT_05-23, FONDECYT Regular 1211672, Instituto Milenio BASE ICN2021_02
Acknowledgments: Agradecemos al INACH por el apoyo logístico, al equipo de buzos del Instituto Milenio BASE liderado por la Dra. Karin Gerard por la recolección de muestras, y al NLHPC (CCSS210001) por la infraestructura de supercómputo.

MALDI-TOF-MS COMO HERRAMIENTA TRANSVERSAL PARA EL PERFIL FUNCIONAL DE HONGOS: DE LA RESISTENCIA A LA ADAPTACIÓN AMBIENTAL.

Nathalia Baptista Dias[1], Javier Ortiz[2], Nicolas Bustamante[2], Javiera Soto[2], Cesar Arriagada[2], Cledir Santos[1]

(1) Universidad de la Frontera, BIOREN, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile
(2) Universidad de la Frontera, Laboratorio de Biorremediación, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

Introducción: La espectrometría de masas por desorción/ionización láser asistida por matriz (MALDI-TOF-MS) se ha consolidado como una herramienta de referencia en la identificación taxonómica de hongos. No obstante, su potencial analítico para la caracterización funcional aún permanece subexplotado. En este estudio se integran distintos modelos fúngicos para evaluar la capacidad de MALDI-TOF MS de detectar respuestas proteómicas asociadas a resistencia antifúngica y tolerancia a metales pesados. Materiales y métodos: Se analizaron aislamientos de *Fusarium* spp., *Aspergillus* section Flavi, *Absidia glauca, Penicillium bilaiae* y *Trichoderma viridescens* mediante un sistema MALDI-TOF-MS en modo lineal positivo, rango m/z 2–20KDa. Los espectros se procesaron con Biotyper Compass 4.1 y se evaluó la similitud mediante dendrogramas jerárquicos. Las cepas de *Fusarium* fueron expuestas a anfotericina B para calcular la concentración mínima de cambio de perfil (MPCC). Las de *Aspergillus* section Flavi se clasificaron según sus perfiles proteicos y potencial micotoxigénico, mientras que los hongos ambientales se cultivaron bajo exposición a Cu^{2+}, Zn^{2+} y Cd^{2+} para analizar biomarcadores de tolerancia. Resultados: El MALDI generó perfiles proteicos reproducibles y de alta resolución que permitieron discriminar variaciones fisiológicas entre especies y condiciones experimentales. En *Fusarium* spp., los desplazamientos en los picos de masa correlacionaron con la tolerancia a anfotericina B, validando el uso del enfoque MPCC como parámetro proteómico rápido de resistencia. En *Aspergillus* section Flavi, los análisis de agrupamiento permitieron diferenciar cepas toxigénicas y no toxigénicas con una concordancia > 85 % respecto a la caracterización química. En hongos ambientales, se identificaron picos diferenciales ($\Delta m/z \approx 300–500$ Da) asociados a mecanismos de estrés oxidativo y detoxificación frente a Cu y Zn. Conclusiones: MALDI-TOF MS demostró ser una herramienta versátil para el análisis funcional de hongos, capaz de detectar respuestas adaptativas a antifúngicos y metales a través de biomarcadores proteómicos específicos. Su rapidez, reproducibilidad y sensibilidad posicionan esta técnica como una plataforma transversal con aplicaciones en diagnóstico micológico, control de calidad alimentaria y biotecnología ambiental.

Keywords: MALDI-TOF, Proteómica, MicrobiologiaAmbiental, Biotecnologia, Espectrometría de masas
Financing: Proyecto 2024SURSUR10; Fondecyt Regular 1221024; Fondecyt Regular 1251789
Acknowledgments: Unidad de Proteómica y Metabolómica, BIOREN-UFRO

EFECTO DEL PREBIÓTICO D-TAGATOSA SOBRE FENOTIPOS PATOGÉNICOS DE *ESCHERICHIA COLI* ADHERENTE-INVASIVA

Paula Bustamante[1], Ámbar Belmar[2], Anahis Ordoñez[2], Javiera Pérez[2], Yasna Soto[2], Catalina Torres[2], Boris Valencia[2], Valeria Pérez-Villalobos[1], Valentina Caicedo[3]

(1) Molecular and Cellular Microbiology Laboratory, Instituto de Ciencias Biomédicas, Centro de Investigación e Innovación, Universidad Autónoma de Chile, Santiago, Chile.
(2) Carrera de Nutrición y Dietética, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile, Santiago, Chile
(3) Carrera de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile, Santiago, Chile

La D-Tagatosa es un azúcar natural y un edulcorante ampliamente utilizado, dado su sabor similar a la sacarosa, pero con bajo aporte calórico e índice glicémico; además de actuar como prebiótico, modulando favorablemente la microbiota intestinal y con potencial antimicrobiano contra bacterias orales. En *Escherichia coli*, la Tag 6-P es un intermediario del catabolismo del galactitol, pero no se habían identificado genes codificantes para transportadores de D-Tagatosa, por lo que no podría ser utilizada como única fuente de carbono. Sin embargo, recientemente se identificó en *E. coli* Nissle 1917 (EcN) una nueva ruta catabólica funcional, conservada en cepas del filogrupo B2 y particularmente en *E. coli* adherente-invasiva (AIEC). Las AIEC son bacterias prevalentes en pacientes con enfermedad de Crohn, caracterizadas por adherirse e invadir células epiteliales intestinales y sobrevivir al interior de los macrófagos, lo que exacerba la inflamación característica de la enfermedad. En este trabajo se evaluó si cepas AIEC pueden utilizar D-Tagatosa como única fuente de carbono y cómo este azúcar afecta sus fenotipos patogénicos. Cepas AIEC de referencia, aislados clínicos y EcN se cultivaron en medio mínimo con D-glucosa, galactitol o D-Tagatosa al 1% p/v. Se evaluó la formación de biopelículas mediante tinción con cristal violeta y la generación de células persistentes tras exposición a ciprofloxacino (50xMIC). La expresión de genes se cuantificó por qRT-PCR y la capacidad de adherirse e invadir células Caco-2 a través de ensayos de infección. Los resultados demostraron que AIEC puede crecer eficientemente en D-Tagatosa, promoviendo la formación de biopelículas y la expresión de genes de virulencia relacionados con adhesión, respuesta a estrés y sobrevida en macrófagos, sin alterar la persistencia; por el contrario, la D-tagatosa disminuye la adhesión a células Caco-2. En conjunto, estos hallazgos sugieren que la D-Tagatosa puede favorecer la colonización y patogenicidad de AIEC a nivel de la formación de biopelículas, sin embargo, parece tener un efecto beneficioso al disminuir la adhesión a células epiteliales intestinales. Nuestros resultados plantean reconsiderar posibles implicancias del consumo de este edulcorante en la patogénesis intestinal, particularmente en individuos con susceptibilidad inflamatoria.

Keywords: AIEC, Tagatosa, Prebiótico, virulencia
Financing: Fondecyt 11230634

QUORUM QUENCHING ACTIVITY OF NATIVE LACTIC ACID BACTERIA FROM *CORYLUS AVELLANA* AGAINST *XANTHOMONAS ARBORICOLA*

Mariannys Chávez[1], Eulàlia Sans-Serramitjana[2], Nathalia Baptista Dias[2], Ana Mutis[3], Jhonny Quintana[4], Patricio Barra[1,2], Paola Durán[1,5]

(1) Biocontrol Research Laboratory, Universidad de La Frontera, Temuco 4811230, Chile
(2) Scientific and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera, Temuco 4811230, Chile.
(3) Laboratorio de Química Ecológica, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Temuco 4811230, Chile.
(4) PhD in Applied Cellular and Molecular Biology, Universidad de La Frontera, Temuco 4811230, Chile.
(5) Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medio Ambiente, Universidad de La Frontera, Temuco 4811230 Chile.

The hazelnut (*Corylus avellana*) represents an essential line of exportation for the Chilean Fruit Industry. However, hazelnut production is affected by blight disease, the primary biotic factor impacting agricultural production and threatening the expansion of hazelnut crops in Chile. This incidence causes damage to approximately 30% of the harvested hazelnuts, resulting from the pathogen agent bacterium *Xanthomonas arboricola* pv. corylina (Xac). The main control of Xac is the use of agrochemicals based on copper compounds, which cause adverse environmental impacts and bacterial resistance. For this, developing more efficient and environmentally friendly control strategies is imminent. The success of Xac is related to *Quorum sensing* (QS), a microbial communication phenomenon that regulates population gene expression and is mediated by diffusible signal factor (DSF). Therefore, a promising alternative is biocontrol using hazelnut native microorganisms to exert the *Quorum Quenching* function (QQ) (a mechanism to disrupt QS). Several reports have shown the potential of Lactic Acid Bacteria (LAB) as quencher microorganisms for the biocontrol of Gram-negative bacteria.

In this study, we proposed to prove hazelnut native LAB strains with quencher traits against QS of Xac. LAB strains were selected to obtain Crude Extract of Extracellular Proteins (CEEP) and tested against Xac culture and DSF solutions. The CEEP (5, 25, and 50 µL) were incubated against DSF (50 µM) overnight at 30°C and subsequently analyzed by HPLC-DAD. The strains E6, E11, FD9, FDB, and FDE (members of the Leuconostoc and Lactococcus genera) showed a significant antagonistic effect against Xac growth, as determined by an agar diffusion assay. Besides, the solutions with DSF showed a significant concentration reduction, becoming undetectable against the largest volume of CEEP (50 µL). This study corroborated that the action of LAB extracellular proteins interferes with the Xac signaling mechanism. We conclude that i) native LAB can exert antagonistic activity on *Xanthomonas arboricola* by interfering with its quorum-sensing mechanism, with strains E6, E11, FD9, FDB, and FDE having the best quencher potential. ii) This activity is mediated by the action of extracellular enzymes that degrade its autoinducer, DSF signal molecules.

Keywords: Biological control, Lactic Acid Bacteria, *Quorum Quenching, Xanthomonas arboricola,* European hazelnut
Financing: Fondecyt de Postdoctorado 3250512
Acknowledgments: We thank Programa Tecnológico 16PTECFS-66647 CORFO, FONDECYT Regular 1201196, and the Scientific and Technological Nucleus for Bioresources (BIOREN-UFRO).

NUEVOS TIOLES DE BAJO PESO MOLECULAR EN *NITROSPIRACEAE*

Javiera Norambuena[1], Thomas Hanson[2]

(1) Laboratorio de Microbiología Ambiental, Bioprocesos y Energía (LAMABE) Facultad de Ingeniería y HUB-AMBIENTAL UPLA, Universidad de Playa Ancha, Avda. Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso 2340000, Chile
(2) School of Marine Science and Policy, University of Delaware 590 Avenue 1743 Newark, DE, USA

Todos los organismos vivos se enfrentan estrés oxidativo, si este no es manejado por la célula se puede generar especies reactivas de oxígeno (ROS), gatillando daño celular. Intracelularmente, las ROS son neutralizadas por sistemas antioxidantes, entre los cuales se encuentran los tioles de bajo peso molecular (LMW). Estos tioles de LMW actúan como buffer no solo frente estrés oxidativo, sino que también mantienen el citoplasma reducido y son capaces de actuar como buffer de metales, por nombrar solo algunas de sus funciones. Estas pequeñas moléculas difieren estructuralmente entre microorganismos, y se desconoce el tiol de LMW en varios géneros. En este trabajo evaluamos los tioles LMW desconocidos en la clase *Nitrospirae*, el organismo biolixiviante *Leptospirillum ferriphilum* y *Nitrospira marina* bacterias oxidantes de nitrito/amonio. El género *Leptospirillum* es uno de los más reconocidos en biolixiviación, siendo capaz de dominar ambientes naturales e industriales. Lo mismo ocurre con el género *Nitrospira*, el cual es fundamental para el proceso de nitrificación en sistemas acuáticos naturales y artificiales. Se ha reportado previamente que los miembros de la clase *Nitrospirae* carecen de genes biosintéticos conocidos para tioles LMW; además, extractos de Leptospirillum carecen de actividad glutatión reductasa. En este estudio, se utilizó la sonda fluorescente monobromobimano para evaluar el perfil de tioles en estos dos representantes de la clase *Nitrospirae*, determinándose nuevos tioles LMW en ambas especies. *L. ferriphilum* posee 8 tioles de LMW y *N. marina* posee 7 nuevos, compartiendo 6 en común. Para determinar la funcionalidad de estos tioles se determinó la respuesta en *L. ferriphilum* a peróxido de hidrógeno (estrés por ROS) y diamida (estrés disulfuro). Solo 2 de estos tioles (U20 y U26) responden a ambos estreses; un tercer tiol (U24) solo responde a peróxido de hidrógeno. Cuando se testearon metales, se observó que U20 responde a cobre, cobalto y mercurio, en cambio U26 solamente a mercurio. Cabe destacar que U24 no responde a ninguno de los metales testeados, pero U25 responde frente a cobre y cobalto. Este trabajo sienta las bases fundamentales para la caracterización y estudio de estos nuevos tioles en organismos extremófilos.

Keywords: Tioles de bajo peso molecular, extremofilos, *leptospirillum, nitrospira*, estrés oxidativo
Financing: Fondecyt iniciación N°11240568
Acknowledgments: Gloria Levicán y Allison Santoro

HERRAMIENTAS DE MICROSCOPÍA AVANZADA Y CITOMETRÍA DE FLUJO PARA EL ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN ENTRE *HELICOBACTER PYLORI* Y *CANDIDA ALBICANS*

Joaquín Olivares Muñoz[1,2], Sara Durán Quinteros[1], Macarena Deride Alegría[1], Patricia Cea Núñez[1], Javiera Contreras Ormeño[1], Hans Luchsinger Montecinos1, Francisca Gacitúa Fuentes1, Kimberly Sánchez Alonzo1, Francisco Fuentes Villalobos2, Apolinaria García Cancino1

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Laboratorio de Inmunovirología, Facultad de Ciencias Biológicas,, Concepción, Chile

Helicobacter pylori es una bacteria Gram negativa que infecta al 50% de la población mundial, asociándose tanto a patologías gastroduodenales como a patologías extragástricas . Bajo condiciones de estrés, como pH ácido, inanición, presencia de antibióticos, entre otros, esta bacteria puede internalizarse en las vacuolas de *Candida albicans*, una levadura comensal de la microbiota humana, siendo capaz de co-agregarse con esta formando biopelículas mixtas, sugiriendo una relación endosimbiótica que podría facilitar la supervivencia y transmisión de *H. pylori*. Sin embargo, las técnicas empleadas previamente para describir esta interacción no permiten resolver aspectos relevantes asociados al tamaño, morfología celular y disposición espacial de los microorganismos durante la interacción. Dada esta problemática, el objetivo de este trabajo fue caracterizar esta interacción mediante herramientas de microscopía avanzada y citometría de flujo, evaluando los detalles micrométricos, así como los cambios morfológicos en *C. albicans* inducidos por el co-cultivo.Se utilizaron las cepas de referencia *H. pylori* J99 y *C. albicans* ATCC 90028, las que se co-cultivaron en solución salina en condiciones y tiempos determinados. Se cuantificó el porcentaje de cuerpos similares a bacterias intralevaduras (Y-BLBs) a diferentes horas. Además, se empleó microscopía confocal de superresolución para visualizar la internalización bacteriana generando reconstrucciones tridimensionales del fenómeno y microscopía electrónica para analizar la ultraestructura y topología celular durante la interacción. Por último, se empleó citometría de flujo para evaluar la interacción entre ambos microorganismos, así como los cambios en la dispersión frontal y lateral de *C. albicans*. Los resultados del análisis por microscopía demostraron que *H. pylori* puede internalizarse en *C. albicans* con presencia de estructuras bacterianas de morfología bacilar, al interior y en la proximidad de las levaduras. El análisis de la co-agregación mostró la adhesión bacteriana a las levaduras y alteraciones superficiales en esta. Finalmente, el análisis mediante citometría de flujo exhibió cambios discretos en el tamaño relativo y granularidad celular de ciertas subpoblaciones de *C. albicans* posterior al co-cultivo. Estos hallazgos evidencian una interacción estrecha entre ambos microorganismos que genera cambios fenotípicos discretos pero evidentes en las células de levadura y evidencian la utilidad de estas herramientas en la caracterización integral de esta interacción.

Keywords: Microscopía, Bacteria, Levaduras, Internalización, Co-agregación
Financing: PROYECTO FONDECYT REGULAR N°124198

EFECTO DE PELÍCULAS DE QUITOSANO/ALGINATO IMPRESAS CON DOXICICLINA SOBRE EL CRECIMIENTO BACTERIANO DE *E. COLI* Y *S. AUREUS*

Patricia Pozo Sanhueza[1], Viviana Vera Lara[1], María José Flores Araya[1]

(1) Universidad católica del Norte, Ciencias Farmacéuticas, Ciencias, Avenida Angamos 0610, Antofagasta, Chile

Antecedentes
Las infecciones bacterianas resistentes a los tratamientos tradicionales representan un desafío creciente en la medicina moderna, especialmente en el manejo de heridas crónicas en piel, por ejemplo en manejo de úlceras de pie diabético. Se han desarrollado distintas estretegias para el tratmiento de este tipo de heridas. En este contexto, las películas híbridas de quitosano y alginato de calcio emergen como sistemas con propiedas antibacterianas y cicatrizantes y para la administración controlada de antibióticos.

Objetivo
Este trabajo tuvo como objetivo evaluar la actividad antimicrobiana de películas de quitosano/alginato de calcio impresas con doxiciclina sobre el crecimiento de *Escherichia coli y Staphylococcus* aureus, bacterias descritas como las causantes de la cronicidad de la herida y la dificultad de la cicatrización.

Metodología
Para la obtención de las películas, se empleó la técnica de síntesis simultánea combinada entre quitosano y alginato con impresión 2D por inyección de tinta. Las películas fueron impresas 2, 3 y 4 veces, y caracterizadas mediante espectroscopia infrarroja por transformada de Fourier (FTIR) para evaluar interacciones poliméricas y determinar el grado de entrecruzamiento. Además, se cuantificó la incorporación de doxiciclina y se realizaron estudios de liberación a las 48 y 96 h en condiciones reguladas de temperatura y pH, mediante la técnica de HPLC. Finalmente, se evaluó la actividad antimicrobiana mediante pruebas de sensibilidad microbiológica (susceptibilidad antimicrobiana de películas impresas con doxiciclina por difusión en agar (Kirby-Bauer) frente a *E. coli y S. aureus.*

Resultados
Los resultados mostraron que las películas obtenidas fueron similares en sus características fisicoquímicas, que hubo entrecruzamiento parcial entre quitosano y alginato de calcio, confirmando la formación de una red polimérica híbrida y que la liberación fue lenta después de la 48 horas. Las pruebas microbiológicas mostraron que las películas impresas 4 veces con doxiciclina muestran una "razón ajustada de inhibición" sobre *S. aureus* estadísticamente similar al control (82% y 94%, respectivamente). Por otro lado la actividad de doxiciclina sobre *E. coli* fue estadísticamente menor que con *S. aureus*, aunque comparada con el control es estadísticamente similar (18% y 23%, respectivamente)..

Por lo tanto, las películas impresas liberan doxiciclina e inhiben el crecimiento bacteriano

in Vitro.

Keywords: alginato/quitosano, antimicrobial films, doxiciclina delivery
Financing: Proyecto Semilla 2022 N°2022080713/UCNProyecto VINCULAB N° VLAB23-16/UCN
Acknowledgments: Agradecimientos a:Departamento de Ciencias Farmacéuticas.Vicerrectoría de investigación y desarrrolo tecnológico (VRIDT-UCN).

CULTIVABLE MICROBIAL COMMUNITIES FROM LITHIUM BRINES ACROSS INDUSTRIAL EVAPORATION PONDS

Carolina F Cubillos[1,2], Gabriel Alfaro[1], Daniela Meneses[1], Cristina Dorador[1], Pablo Aguilar[1,2]

(1) Universidad de Antofagasta, Laboratorio de Complejidad Microbiana, Instituto Antofagasta, Av. Universidad de Antofagasta 02800, Antofagasta, Chile
(2) Universidad de Antofagasta, Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Av. Universidad Antofgasat 02800, Antofagasta, Chile

Lithium is a key element in the current climate crisis, being essential for the production of rechargeable batteries. Chile is one of the world's leading producers of lithium compounds, contributing significantly to the global supply chain. Salar de Atacama holds the world's largest reserve of lithium, with brines that average 1,500 ppm Li.
The industrial extraction process begins with solar evaporation of brines in evaporation ponds, followed by chemical conversion to lithium carbonate. During this process, brines are progressively enriched, increasing from ~0.2% to nearly 6% in the final stages.

Lithium-enriched industrial brines harbour microbial communities that thrive under extreme ionic stress; however, the cultivable fraction remains poorly understood.

This study aimed to characterize the cultivable microbiome inhabiting different stages of the industrial lithium extraction process and to evaluate its tolerance to this element. Enrichment cultures were established from samples collected at three evaporation ponds: Pond 1 (initial stage), Pond 2 (intermediate stage), and Pond 3 (final stage). Microbial isolates were obtained using three media with distinct physicochemical conditions, followed by optical microscopy and 16S rRNA gene sequencing for taxonomic identification.

A total of 11 microbial isolates were recovered: eight from Pond 1 and three from Pond 3. Of these, four grew under aerobic conditions and seven under anaerobic conditions. All isolates were able to grow on solid medium supplemented with 0.35 M LiCl, indicating the presence of intrinsic tolerance mechanisms.

The characterization of lithium-tolerant microbial isolates has the potential to uncover physiological and molecular mechanisms of adaptation, which remain poorly understood to date.

Keywords: Halotolerant, Bacteria, Caotropicity
Financing: Instituto de Dinámica Celular y BiotecnologíaANID/ANILLO/ATE240021

SHORT-TERM MICROBIAL COMMUNITY RESPONSES TO AN INTENSE SIMULATED PRECIPITATION PULSE IN THE HYPER-ARID ATACAMA DESERT SOIL

Antonia Beggs[1], María del Pilar Fernandez Murillo[1], Marlene Manzano[1], Cameron Wagg[2], Jean-Baptiste Ramond[3], Fernando Alfaro[1]

(1) Universidad Mayor, Centro GEMA Genómica, Ecología & Medio Ambiente, Facultad de Ciencias, Camino La Pirámide 5750, Huechuraba, Santiago, Chile
(2) Agriculture and Agri-Food Canada, Fredericton, New Brunswick, Canada
(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Microbiología y Genética Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Marcoleta 49, Santiago, Santiago, Chile

Understanding how microbial communities from hyperarid environments respond to sporadic water availability is crucial for predicting ecosystem responses to unpredictable precipitation related to climate change. Here, we experimentally simulated a short-term precipitation pulse (50 mm) in soils from the hyperarid Atacama Desert to evaluate shifts in microbial community composition, diversity, and functional potential, as well as changes in soil physicochemical properties. Using a microcosm experiment with time-structured sampling and high-throughput amplicon sequencing, we found that changes in soil properties after precipitation do not significantly influence microbial community composition. However, carbon dynamics exhibit significant variation. Actinobacteria and Proteobacteria dominated bacterial communities, exhibiting functional stability over time, which suggests high resilience. In contrast, fungal communities, primarily composed of Ascomycota, displayed greater temporal variation in both taxonomic and functional profiles, particularly during intermediate hydration stages. Notably, fungal functional richness increased despite a limited taxonomic change, indicating lower redundancy and, thus, potentially higher community fragility. Our findings highlight distinct microbial strategies for coping with hydration pulses in extreme drylands, underscoring the role of fungi in nutrient cycling, decomposition, and soil structure, while also revealing their increased vulnerability to environmental fluctuations. Our results reinforce the importance of microbial dynamics in maintaining ecosystem functioning in pulse-reserve systems under ongoing climatic changes.

Keywords: Atacama Desert, Pulse precipitation, Functional resilience, Microbial communities
Financing: Fondecyt 1220358

DIVERSIDAD MICROBIANA Y SU RELACIÓN CON PARÁMETROS FISICOQUÍMICOS EN EL SALAR DE HUASCO

Gabriel Krüger[1,2], Patricio Arros Muñoz[3], Camilo Berríos-Pastén[3], Catalina Kusch[2], Aaron Ascencio[3], Marcos Muñoz[3], Alessandra Choque[4], Bárbara Fuentes[4], Juan Castro-Severyn[1,2], Claudia Saavedra[2], Andrés Marcoleta[3], Francisco Remonsellez[1]

(1) Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile
(2) Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile
(3) Grupo de Microbiologia Integrativa (GMI), Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile
(4) Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias Geológicas, Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile

Antecedentes.
Los salares son ecosistemas extremos con gran diversidad microbiana, gran parte de la cual se mantiene poca explorada y no caracterizada ("Materia Oscura Microbiana") adaptada a múltiples condiciones extremas, como las altas concentraciones de metaloides y litio. Particularmente, el Salar de Huasco es un modelo de estudio clave, por ser poco intervenido y contar con importantes concentraciones de metales, además de gran diversidad microbiana (taxonómica y funcional). Por lo que comprender la influencia de los parámetros fisicoquímicos en estas comunidades microbianas es crucial para desarrollar potenciales aplicaciones biotecnológicas en la biorecuperación sostenible de litio.

Metodología.
Se obtuvieron muestras de sedimento de 9 sitios alrededor de las cuencas del Salar de Huasco para una caracterización metagenómica y metataxonómica de 16S. Para esto se extrajo el ADN de las muestras, se filtraron y ensamblaron para posterior evaluar la diversidad microbiana (índices Shannon, Pielou, Riqueza, Bray-Curtis, PCoA). Además, se midieron pH, conductividad, materia orgánica y fósforo, correlacionando estas variables con la distribución taxonómica para identificar moduladores claves de la comunidad microbiana.

Resultados
Los análisis de diversidad beta revelaron una clara diferenciación en la composición microbiana entre los distintos sitios de muestreo. Los sitios H7 y H8 se distinguieron por exhibir los mayores niveles de riqueza y uniformidad de especies (diversidad alfa). Las variables fisicoquímicas que mostraron una correlación más fuerte con la estructura de la comunidad fueron el pH y la conductividad eléctrica. En particular, se observó que los valores elevados de conductividad eléctrica estaban asociados a los sitios H1, H2, H3 y H5, los cuales, a su vez, presentaban una alta similitud composicional entre sí. El sitio H4, que registró el pH más alto, se caracterizó por un perfil taxonómico atípico y notablemente diferente al de los demás. A nivel de familia, se identificaron grupos predominantes como Rhodobacteraceae,

Nitriliruptoraceae y Balneolaceae, cuya abundancia experimentó variaciones significativas entre los sitios.

Conclusiones
Los resultados indican que el pH y la conductividad eléctrica son factores fisicoquímicos cruciales que moldean las comunidades microbianas en los sedimentos del Salar de Huasco. La variación espacial de estas condiciones crea nichos únicos con perfiles taxonómicos distintivos.

Keywords: Salar de Huasco, Extremófilos, Metagenómica, Diversidad Microbiana, Factores Fisicoquímicos
Financing: Proyecto Anillo ATE240012

CARACTERIZACIÓN DEL MICROBIOMA ASOCIADO A LA RIZÓSFERA DEL CACTUS ENDÉMICO *ERIOSYCE AURATA* Y AISLAMIENTO DE BACTERIAS PGPR COMO ESTRATEGIA PARA SU CONSERVACIÓN

Antonia Naciff[1], Constanza Rojas[1], Gastón Carvallo[2], Pablo Guerrero[3], Carolina Yáñez[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Laboratorio de Ecología Vegetal, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile
(3) Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Laboratorio de Biogeografía, Macroevolución y Sistemática, Universidad de Concepción, Barrio Universitario, Concepción, Chile

El estudio del microbioma de la vegetación xerofítica en zonas áridas y semiáridas es un área de investigación escasa. La especie *Eriosyce aurata,* cactus endémico de Chile en estado vulnerable se presenta como modelo para investigar las comunidades bacterianas de la rizósfera de cactáceas, considerando que las estrategias de conservación actuales, basadas en la viverización, suelen ser poco exitosas y dañinas para la especie. En este contexto, el aislamiento y uso de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) se presenta como una alternativa para favorecer la conservación y restauración de *E. aurata*. El objetivo de este trabajo fue caracterizar el microbioma rizosférico de Eriosyce aurata e identificar bacterias PGPR con potencial aplicación en su conservación. Los resultados muestran que *E. aurata* posee una amplia distribución geográfica habitando en 5 localidades en la zona norte-centro del país. El análisis bioinformático del microbioma de las regiones V3-V4 del gen 16S rRNA identificaron taxas propios de ambientes áridos como *Blastococcus, Geodermatophilus y Rubrobacter*. Los análisis de diversidad alfa (Evenness y Faith) evidenciaron que la rizósfera a nivel de organización taxonómica presenta diferencias entre localidades no así a nivel filogenético, mientras que la diversidad beta (Bray–Curtis y UniFrac ponderado) mostró diferencias en la distribución de datos, pero con alto solapamiento entre localidades tanto a nivel taxonómico como filogenético. Se identificó el microbioma central en la rizósfera compartido entre las 5 localidades el cual se constituye por 37 taxas a nivel de género, sugiriendo la presencia de taxones estables asociados a la especie independientemente de la variación ambiental. En paralelo, se obtuvieron aislados bacterianos de la rizósfera con potencial PGPR. Entre ellos, los géneros *Rhodococcus y Stenotrophomonas* mostraron capacidad de solubilizar fosfatos, fijar nitrógeno, producir auxinas y tener tolerancia al estrés hídrico, mientras que aislados de Pseudomonas presentaron todas las actividades anteriores más la producción de sideróforos. Estos resultados resaltan el valor de integrar la caracterización del microbioma rizosférico con el aislamiento de bacterias funcionales. Actualmente se realizan ensayos de germinación para inocular los aislados seleccionados proponiendo su aplicación como estrategia complementaria para la conservación y fortalecimiento de programas de restauración de cactáceas.

Keywords: Microbioma, PGPR, Metabarcoding, Conservacion, Cactaceas
Financing: Proyecto FIBN-CONAF 020/2023
Acknowledgments: Al proyecto FIBN-CONAF 020/2023, mi directora de tesis Carolina Yáñez, mi codirector Gastón Carvallo, al laboratorio EMRi y mi familia.

VIROME ASSOCIATED WITH THE HYDROTHERMAL SYSTEM OF THE ANDEAN SOUTHERN VOLCANIC ZONE

Jesus Tapia Zuñiga[1], Peter H Barry[2], David Bekaert[3], Joy Buongiorno[6], Jenny Blamey[4,5], Martina Cascone[7], Agustina Chiodi[8], Donato Giovannelli[7], Timothy J Rogers[9], Matt Schrenk[10], Alan Seltzer[15], Matteo Selci[11], Maarten J de Moor[13,14], Carlos Ramirez Umaña[12], Sebastian Osorio[1], Karen G Lloyd[16], Gerdhard L Jessen[17,18]

(1) Universidad Austral de Chile, Escuela de biologia marina, Ciencias, Chile
(2) Woods Hole Oceanographic Institution, Marine Chemistry and Geochemistry Department, USA
(3) Université de Lorraine, Centre de Recherches Pétrographiques et Géochimiques, Francia
(4) Universidad de Santiago, Chile
(5) Fundacion Biociencia, Chile
(6) University of Tennessee Knoxville, USA
(7) University of Naples "Federico II", Department of Biology, Italy
(8) Instituto de Bio y Geociencias del NOA (IBIGEO, UNSa-CONICET), Argentina
(9) University of North Carolina-Charrlotte, USA
(10) Michigan State University, College of Natural Science, USA
(11) Rutgers University, Department of Marine and Coastal Sciences, USA
(12) Servicio Geológico Ambiental (SeGeoAm) Heredia, Costa Rica
(13) Universidad Nacional, Observatorio Vulcanológico y Sismológico de Costa Rica (OVSICORI), Costa Rica
(14) University of New Mexico, Department of Earth and Planetary Sciences, USA
(15) University College Dublin, School of Earth Sciences, Ireland
(16) University of Southern California, USA
(17) Universidad Austral de Chile, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Chile
(18) Centro de Investigación Oceanográfica COPAS Coastal, Chile

Viruses are the most abundant biological entities on the planet, playing an essential role in ecosystems. In extreme environments dominated by microbial processes, their study is key to understanding carbon transformations determined by host-virus interactions. The Andean convergent margin consists of several extreme environments, with countless hydrothermal manifestations spanning marine and terrestrial settings. This vast, yet invisible, subsurface ecosystem constitutes an ideal place to study geomicrobiological interactions. However, the degree of microbial (and specifically viral) control over the migration of geofluids and geogases remains poorly understood. To determine the role of the virome in the dynamics of geofluids across the Andean Southern Volcanic Zone, viruses and mobile genetic elements were extracted from metagenomes obtained from 12 deeply-sourced hydrothermal manifestations along ~500 km in the central and northern zone of Chile (33°–46° S). From the 17 metagenomes corresponding to fluid and sediment samples, a great abundance of viral genomes were identified in the contigs. Lytic-type viruses dominate the virome, and among the identified viral groups, several bacteriophages. Our results suggest a rapid transformation of matter, where the virome would accelerate the transfer of dissolved organic carbon to the

heterotrophic microbial community. Taken together, these results offer a new perspective on the relationships between geology, chemistry, microbiology, and the role of viruses in the hidden subsurface ecosystem of the Andean Southern Volcanic Zone.

Financing: FONDECYT Regular 1251543 & Center for Oceanographic Research COPAS COASTAL, Universidad de Concepción, Chile. ANID FB210021
Acknowledgments: Agradecimiento a Esteban Osses y Maximiliano Amenabar

SULFUR METABOLISM IN *ACIDIHALOBACTER*: GENOMIC INSIGHTS FROM ANCIENT EARTH-LIKE ENVIRONMENTS

Eva Vergara[1,2], Himel Nahreen Khaleque[3], Gonzalo Neira[1], Elizabeth L.J. Watkin[3], Jorge H. Valdés[4], David S. Holmes[1,2]

(1) Centro Científico y Tecnológico de Excelencia Ciencia & Vida, Center for Bioinformatics and Genome Biology, Av. Del Valle Norte 725, Santiago, Chile
(2) Universidad San Sebastián, Facultad de Medicina, Lota 2465, Santiago, Chile
(3) Edith Cowan University, School of Science, 270 Joondalup Dr, Joondalup WA, Australia
(4) Universidad Andrés Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Av. República 330, Santiago, Chile

Background: This study examines the survival strategies of bacteria from the genus *Acidihalobacter* (Ah.) in extreme terrestrial environments, specifically in acidic, saline, and sulfur-rich ecosystems reminiscent of early Earth. By investigating the genomic adaptations of these microorganisms, which thrive under polyextreme conditions, we can gain valuable insights into early microbial evolution and the mechanisms by which life might exist and flourish on other worlds.

Methods: We used bioinformatics and comparative genomics tools to dissect the genomes of four *Acidihalobacter* type strains and two metagenome-assembled genomes (MAGs). These species were isolated from diverse polyextreme environments, including volcanic regions, an acidic saline lake, and deep-sea hydrothermal vents. Orthologous gene families were predicted using OrthoFinder. Multiple sequence alignments were performed with MAFFT, and we then conducted phylogenetic and clustering analysis with IQ-Tree. We also predicted the subcellular localization of key proteins using DeepLocPro. The synteny blocks and genomic visualization were performed using Progressive Mauve and Clinker.

Results: Our phylogenomic analyses showed two clades correlating with ecological specialization. Clade I, including Ah. ferrooxydans and two MAGs, showed significant genomic differences in sulfide:quinone oxidoreductases (SQRs) enzymes and thiosulfate oxidation systems. Specifically, Ah. ferrooxydans lacks the canonical Sox system, suggesting an adaptation to sulfur-rich environments through the alternative S4I pathway. These differences, along with those found in terminal oxidases and regulatory elements, indicate that Clade I species are uniquely adapted to high levels of H2S.

Conclusion: The differences in the genomic adaptations of *Acidihalobacter*, shaped by gene gains and losses over evolutionary time, point to metabolic specialization across habitats ranging from sulfide-rich hydrothermal systems to acidic saline environments like those in the Yilgarn region. This work not only expands our understanding of sulfur biogeocycling in extreme environments but also provides a genomic framework for exploring the limits of life. By studying these terrestrial organisms where sulfur is key to their metabolism, we provide fundamental insights for astrobiology and the search for life in extraterrestrial environments

with similar characteristics.

Keywords: Evolution, Comparative Genomic, Haloacidophile, Sulfur Metabolism, Horizontal Gene Transfer
Financing: ANID/BASAL/FB210008
Acknowledgments: Centro Ciencia & Vida, FB210008, Financiamiento Basal para Centros Científicos y Tecnológicos de Excelencia de ANID

NANOANTIBIÓTICOS COMO ALTERNATIVA TERAPÉUTICA FRENTE AL DESAFÍO GLOBAL DE LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA

Esteban Durán Lara[1], Marcelo Guerrero Almonacid[1], Adolfo Marican Riquelme[2], David Filho[1,2]

(1) Universidad de Talca, Departamento de Microbiológica, Avenida Lircay S/N, Talca Chile
(2) Universidad de Talca, Instituto de Química de Recursos Naturales, Avenida Lircay S/N, Talca Chile

La resistencia antimicrobiana (RAM) representa una amenaza crítica para la salud pública mundial, ya que reduce la eficacia de los antibióticos convencionales y favorece la propagación de bacterias multirresistentes (MDRB). En respuesta a este desafío, los nanoantibióticos han surgido como una estrategia innovadora, combinando nanotecnología y microbiología para el desarrollo de terapias más eficaces y seguras.

Un enfoque central se basa en los hidrogeles inteligentes, materiales tridimensionales con alta capacidad de absorción y versatilidad estructural, capaces de encapsular antibióticos o péptidos antimicrobianos y liberarlos de manera sostenida y localizada en el sitio de infección. Estos sistemas pueden diseñarse para ofrecer tratamientos on-demand, respondiendo a estímulos específicos como pH, temperatura o presencia de enzimas, lo que permite adaptar la liberación del fármaco a las condiciones del microambiente infeccioso. Esta característica no solo optimiza la eficacia terapéutica, sino que también abre la posibilidad de desarrollar terapias individualizadas, ajustadas al perfil de cada paciente y tipo de infección.

En paralelo, las nanopartículas metálicas (plata, cobre, óxido de zinc) representan otra aproximación clave, gracias a su actividad antimicrobiana intrínseca. Estas estructuras interactúan directamente con la membrana bacteriana, generan especies reactivas de oxígeno y alteran macromoléculas vitales, ofreciendo un mecanismo multimodal que dificulta el desarrollo de resistencia. Además, su combinación con plataformas de liberación como los hidrogeles puede potenciar aún más la eficacia y especificidad del tratamiento.

La integración de hidrogeles inteligentes y nanopartículas metálicas posiciona a los nanoantibióticos como una nueva generación de terapias antimicrobianas. Estas tecnologías no solo aportan soluciones inmediatas frente a la RAM, sino que también sientan las bases para un futuro de tratamientos personalizados y a demanda, alineados con los avances en medicina de precisión y con un alto potencial de impacto en la clínica y la salud global.

Keywords: resistencia antimicrobiana, nanoantibióticos, hidrogeles inteligentes, nanopartículas metálicas, Drug Delivery
Financing: FONDECYT Regular N° 1250634 – ANID, Chile.FONDEQUIP EQM230060 – ANID, Chile FOVI N° 230019 – ANID, Chile

EVOLUCIÓN TEMPORAL DEL MICROBIOMA Y LA DESTRUCCIÓN TISULAR DURANTE LA INFLAMACIÓN DE LOS TEJIDOS DE SOPORTE DEL DIENTE EN UN MODELO MURINO

Natalia Endo[1,5], Joaquín Espinoza Arrue[1,5], Marion Arce Paniagua[1,2], Luis Daniel Sansores España[1,5], María Ignacia Muñoz Sepúlveda[1,4,5], Monserrat Reyes Rojas[3], Nicolás Dutzan Muñoz[1,2], Loreto Abusleme Ramos[1,3]

(1) Laboratorio de Microbiología e Inmunología Oral, Facultad de Odontología de la Universidad de Chile, Olivos 943, Santiago, Chile.
(2) Departamento de Odontología Conservadora, Facultad de Odontología de la Universidad de Chile, Olivos 943, Santiago, Chile.
(3) Departamento de Patología y Medicina Oral, Facultad de Odontología de la Universidad de Chile, Olivos 943, Santiago, Chile.
(4) Departamento de Rehabilitación Oral, Facultad de Odontología de la Universidad de Chile, Olivos 943, Santiago, Chile.
(5) Estudiante de Doctorado en Ciencias Odontológicas, Facultad de Odontología, Universidad de Chile, Olivos 943, Santiago, Chile

La periodontitis es una enfermedad inflamatoria, asociada a comunidades microbianas disbióticas. Se caracteriza por la destrucción de tejidos de soporte de los dientes pudiendo provocar su pérdida. Afecta al 14% de la población mundial, deteriorando la salud y calidad de vida de las personas. La transición desde un estado de equilibrio microbioma-hospedero hacia periodontitis permanece poco explorada. En humanos, el estudio es limitado por restricciones éticas y metodológicas, pero el modelo murino de Periodontitis Inducida por Ligadura (PIL) ofrece un sistema controlado para analizar dinámicas microbianas y tisulares durante la transición de salud a enfermedad. Para caracterizar dichos cambios, se realizó este modelo en ratones C57BL/6 y se obtuvieron muestras a los días 0, 1, 3, 5 y 7 post-inducción. Se evaluó carga bacteriana y se secuenció la región V4 del gen 16SrRNA. Se realizaron análisis ecológicos, modelos de asociación multivariable, redes de co-ocurrencia y predicción funcional. Mediante microscopía (CLASI-FISH), se observó la presencia de las bacterias más abundantes. Para evaluar los cambios inflamatorios-destructivos, se analizó pérdida ósea, presencia de colágeno tisular, de osteoclastos (TRAP+) y células inflamatorias (CD45+).

Observamos cambios marcados en el microbioma subgingival al tercer día, con un aumento de la carga bacteriana junto con cambios en composición y estructura comunitaria. La comunidad experimenta su mayor transformación el primer día con un incremento progresivo de Escherichia coli, Streptococcus halotolerans y Enterococcus faecalis, mientras que Streptococcus danieliae —asociado a salud— disminuye. Al tercer día se establece un nuevo perfil taxonómico. Las redes de co-ocurrencia destacaron el probable antagonismo de S. danieliae, sugiriendo ser clave para mantener eubiosis. Al séptimo día, la predicción funcional del microbioma incluye el exporte de proteínas, metabolismo lipídico y de galactosa. Los cambios tisulares son evidenciados el día 5, caracterizados por un aumento significativo

de células TRAP+ y de células CD45+, junto con una pérdida significativa de colágeno y hueso alveolar.

En conclusión, la comunidad microbiana experimenta su mayor transformación durante el día 1 y, una vez establecida la disbiosis al tercer día, comienza la destrucción de los tejidos de soporte de los dientes, siendo significativa al quinto día post-inducción de periodontitis.

Keywords: microbioma, periodontitis, salud oral, modelo murino, microbioma subgingival
Financing: FONDECYT regular 1231728 y 1231350
Acknowledgments: Javiera Canelo

ANÁLISIS METAGENÓMICO DEL RESISTOMA DE LA MICROBIOTA INTESTINAL INTESTINAL EN INDIVIDUOS COLONIZADOS POR BACTERIAS GRAMNEGATIVAS RESISTENTES

Francisco Andre Fuentes Santander[1], Rafael Araos[2], Juan A. Ugalde[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile
(2) Universidad del Desarrollo, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina, Facultad de Medicina, Av Plaza 680, Santiago, Chile

La propagación de microorganismos resistentes a múltiples antibióticos es actualmente una de las mayores amenazas para la salud pública. Estudios recientes han revelado que la microbiota intestinal funciona como un importante reservorio de genes de resistencia a los antibióticos. La metagenómica ha demostrado ser una herramienta esencial para el seguimiento de los genes y elementos genéticos relacionados con la resistencia a los antibióticos. En este trabajo, presentamos el análisis metagenómico del resistoma de 798 muestras correspondientes a 272 individuos, provenientes de diferentes centros de salud de la zona central del país. Para cada una de estas muestras, se verificó, mediante cultivo, la presencia de bacterias Gramnegativas resistentes a antibióticos carbapenémicos, cefalosporinas y fluoroquinolonas. Las muestras se dividen en dos grupos:

- Grupo control: Pacientes que no presentaron colonización por bacterias Gram-negativas resistentes en ninguna visita.
- Grupo caso: Pacientes que presentaron colonización por bacterias Gram-negativas resistentes desde la segunda visita en adelante.

Se extrajo ADN a partir de las muestras fecales, colectadas en tarjetas FOBT. Las muestras fueron secuenciadas con una profundidad promedio de 40 millones de lecturas pareadas, con un largo de 150 nucleótidos. De un total de 798 muestras, se obtuvieron 708 con suficiente material para secuenciar.

De los resultados, observamos que el 53,9% de las muestras en la primera visita ya tenían indicios de colonización por la presencia de bacterias del complejo Enterobacter cloacae, Klebsiella variicola y Klebsiella pneumoniae entre otras. Se observó una mayor diversidad de genes de resistencia a betalactámicos en pacientes del grupo casos con respecto al grupo control. Observamos carbapenemasas solo en pacientes del grupo caso. Finalmente, observamos que la mayoría de los pacientes que presentaron bacterias resistentes a carbapenémicos, no presentaron carbapenemasas, ni variantes de porinas que pudieran explicar los fenotipos de resistencia observados.

En conclusión, observamos un resistoma caracterizado por una alta prevalencia de genes de resistencia a betalactámicos, MLS, tetraciclinas y aminoglucósidos. Es posible que, variantes de otros genes de resistencia a betalactámicos estén actuando en co-ocurrencia

para provocar los fenotipos de resistencia a carbapenémicos observados en los pacientes.

Financing: - Beca de Doctorado Nacional, Año Académico 2024. ANID.- Beneficios complementarios, GOP 2024 y 2025. ANID.- Genomic Epidemiology in Emergent Diseases (GENE2DIS), Proyecto Anillo ATE220061, Universidad del Desarrollo- Fondecyt Regular 1221209- Centros para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC-EE.UU)

EFECTO DE LA DIETA ALTA EN GRASAS SOBRE LA RESISTENCIA A LOS ANTIBIÓTICOS EN LA MICROBIOTA INTESTINAL Y SU RELACIÓN CON EL ESTRÉS OXIDATIVO

Claudia Ibacache-Quiroga[2], Fernanda Figueroa-Ajraz[1], Karoll González-Pizarro[1]

(1) Unievrsidad de Valparaíso, Centro de Micro-Bioinnovación, Facultad de Farmacia, Gran Bretaña 1093, Valparaíso, Chile
(2) Universidad de Valparaíso, Escuela de Nutrición y Dietética, Facultad de Farmacia, Gran Bretaña 1093, Valparaíso, Chile

La resistencia a antibióticos es uno de los principales problemas de salud pública a nivel mundial por lo que es de gran relevancia identificar los factores que contribuyen a éste. En este sentido, este trabajo evaluó el efecto de la dieta alta en grasa (HFD) sobre la resistencia a los antibióticos en le microbiota intestinal y su relación con el estrés oxidativo (OS). Para esto, se sometió a ratas Sprague-Dawley adultas a HFD por 12 semanas y se evaluaron marcadores de estrés oxidativo a nivel sistémico e intestinal (T-SOD, MDA y ratio GSH/GSSG) y en el microbiota (8-OH dG) a las 0, 4, 8, 12 semanas. La relación del OS se determinó mediante suplementación con NAC vía oral y como condición control se utilizaron animales alimentados con dieta control (CD). Para evaluar la resistencia a los antibióticos en muestras fecales, se extrajo ADN total desde muestras fecales del ciego y se secuenciaron con un protocolo pair-end de Illumina (2x150 bp). Tras el control de calidad (Trimmomatic), las secuencias fueron alineadas (Megahit) y anotadas utilizando la base de datos ResFinder para resistencia a antibiótcios y se utilizó Kraken2 para asignación taxonómica. Los resultados indican que la dieta alta en grasa genera un aumento en el OS a nivel intestinal a partir de las 12 semanas, mientras que a nivel sistémico no se observan cambios. En relación con la oxidación del DNA de la MI no se observan diferencia significativa entre CD y HFD. Respecto a la resistencia a los antibióticos en la MI, los resultados muestran que los cambios en el perfil de resistencia a los antibióticos se producen desde las 4 semanas de HFD y perdura por todo el tratamiento, vinculándose a cambios en la composición de la MI. Adicionalmente, los resultados muestran que los animales sometidos a HFD presentan determinantes específicos de resistencia como blaTEM-116, erm(Q) y VanHDX.

Keywords: resistencia a antibióticos, estrés oxidativo, microbiota inetstinal, dieta alta en grasas
Financing: Fondecyt de Iniciación 11230323, ANID. Centro de Micro-Bioinnovación 15/2024, Universidad de Valparaíso.
Acknowledgments: Fondecyt de Iniciación 11230323, ANID. Centro de Micro-Bioinnovación 15/2024, Universidad de Valparaíso.

GENOTYPE-SPECIFIC STRUCTURAL INSIGHTS INTO FIMA–INTEGRIN B1 INTERACTIONS IN HUMAN ORAL PATHOGEN *PORPHYROMONAS GINGIVALIS*

Josefa Nuñez Belmar[1,2,4], Luis Valverde[3], Richard Garratt[3], Fabian Herrmann[6], Juan Pablo Cárdenas[4,5], Jaime Andrés Rivas Pardo[4,5]

(1) Doctorado en Genómica Integrativa, Universidad Mayor, Santiago, Metropolitana, Chile.
(2) Escuela de Odontología, Universidad Mayor, Santiago, Metropolitana, Chile.
(3) São Carlos Institute of Physics, USP, Sao Carlos, Sao Paulo, Brasil.
(4) Centro de Genómica y Bioinformática, Universidad Mayor, Santiago, Chile.
(5) Escuela de Biotecnología, Universidad Mayor, Santiago, Metropolitana, Chile.
(6) Institute of Pharmaceutical Biology and Phytochemistry, Universität Münster, Münster, Deutchland

Background:*Porphyromonas gingivalis*, a keystone pathogen of the periodontitis, adheres to host cells of the gingiva (human oral niche) through its major fimbriae protein FimA, initiating colonization and promoting tissue destruction in the progression of this disease. The interaction with human integrin β1 is crucial for this process and may vary across bacterial fimbrial genotypes. However, this association is still not fully understood.

Methods:To investigate the relationship between FimA genotype and the adhesion process, in silico docking simulations were performed using AlphaFold-predicted 3D structures of *Porphyromonas gingivalis* FimA (genotypes I and IV) and integrin β1, along with five integrin-derived peptides. Docking analyses were conducted using the Molecular Operating Environment (MOE) software, applying rigid docking protocols between FimA and integrin β1, as well as between FimA and the β1-derived peptide sequences. Binding affinities were assessed using the London ΔG scoring function.

Recombinant FimA proteins were cloned, expressed in *Escherichia coli*, and purified. Their structural characteristics were evaluated by SDS-PAGE, size-exclusion chromatography coupled with multi-angle light scattering (SEC-MALS), matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight (MALDI-TOF) mass spectrometry, and circular dichroism spectroscopy.
Results:Docking scores suggest that FimA genotype IV may exhibit more favorable binding energies with integrin β1 and potentially broader peptide interaction surfaces compared to genotype I. Both genotypes appear to engage integrin through multi-site interactions involving N- and C-terminal domains. Lipophilicity mapping supports enhanced surface complementarity in genotype IV. Recombinant expression confirmed monomeric structures (~41.5 kDa), with both genotypes displaying conserved core folding. However, circular dichroism and 3D models revealed possible genotype-dependent differences, including secondary structure variations and sequence divergence in adhesion domains.

Conclusion:FimA–integrin β1 interactions seem to be genotype-dependent, with genotype IV showing indications of enhanced predicted affinity and structural features consistent with increased virulence. These findings highlight the potential relevance of FimA structural

diversity in host–pathogen dynamics and may inform future therapeutic strategies targeting adhesion mechanisms in periodontitis.

Keywords: *Porphyromonas gingivalis*, FimA, Integrin beta 1, protein docking, periodontitis
Financing: This work was supported by ANID through FONDECYT project 1221064 (JARP). JNB is supported by the Integrative Genomics PhD Program at Universidad Mayor. Additional support was provided through international collaborations funded by the UNU-BIOLAC and Bayer Foundation fellowship programs.
Acknowledgments: This study was supported by ANID FONDECYT projects 11200209 (JPC) and 1221064 (JARP). JNB acknowledges support from the Integrative Genomics PhD Program, Universidad Mayor. Additional funding was provided by UNU-BIOLAC and the Bayer Foundation fellowship programs.

PHAGE COCKTAIL DEVELOPMENT AND ANTIBIOTIC SYNERGY FOR THE CONTROL OF AVIAN PATHOGENIC *ESCHERICHIA COLI* IN POULTRY PRODUCTION

Eduardo Tobar-Calfucoy[1,2], Victoria Rojas Martínez[2], Rodrigo Nomrabuena[2], Ana Paula Müller Fernandes[2], Andrea Sabag[1,2], Daniel San Martín[2], Marcela Zabner[2], Pamela Camejo[2], Felipe Rojas[2], Karen Mujica[2], Michael Pino[2], Soledad Ulloa[2], Pablo Cifuentes[2], Hans Pieringer[2], Matías Aguilera[2]

(1) Universidad Andrés Bello, Programa de Doctorado en Biotecnología, Facultad de Ciencias de la Vida, Chile
(2) PhageLab, Chile

Avian pathogenic *Escherichia coli* (APEC) is a widespread pathogen causing colibacillosis in poultry, with high economic impact and increasing prevalence of multidrug-resistant strains. Bacteriophage-based cocktails are emerging as promising alternatives to antibiotics for controlling APEC under commercial farm conditions. In this study, we isolated and sequenced 142 APEC strains from Brazilian broiler farms and 66 lytic bacteriophages. Eight phages with complementary host ranges were selected to assemble a four-phage cocktail. Quantitative in vitro assays demonstrated that the phage cocktail inhibited 56.3% of the isolates, with higher activity against high-risk APEC. The cocktail was also tested in combination with commonly used antibiotics in farms. The phage cocktail was compatible with all antibiotics evaluated, showing synergistic effects with florfenicol, additive effects with trimethoprim-sulfadimidine, and facilitative effects with enrofloxacin and phosphomycin. These results highlight the potential of phage cocktails designed for high specificity and antibiotic compatibility as effective tools to control APEC in commercial poultry production, supporting their future application under farm conditions.

Keywords: APEC, Phage-antibiotic synergy, Poultry, Phage therapy, Phage cocktail
Financing: PhageLab private funding
Acknowledgments: PhageLabANID beca doctorado 21241998

PÓSTER

CARACTERIZACIÓN DE AGUAS SUBTERRÁNEAS COSTERAS SUBSUPERFICIALES DE ALTA VARIABILIDAD SOMETIDAS A CONTAMINACIÓN CRÓNICA

Josefina Abarca-Hurtado[1,2,4], Alejandra Arancibia[2], Michael Seeger Pfeiffer[3,4], Cristian Giovine[2], Roberto Orellana[2,4]

(1) Doctorado en Biotecnología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso y Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile
(2) Laboratorio de Biología Celular y Ecofisiología Microbiana (LaBCEM), Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile
(3) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental (LabMMBA), Departamento de Química, Universidad Ténica Federico Santa María, Valparaíso, Chile
(4) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Av. España 1680, Valparaíso, Chile

Chile es un país que alberga una gran cantidad de acuíferos costeros debido a su extenso contacto con el océano Pacífico. Estas áreas de interacción entre aguas dulces de acuíferos continentales y aguas saladas marinas son ambientes con alta diversidad microbiana debido a gradientes de diversos factores fisicoquímicos. Una fracción de estos cuerpos de agua está contaminada por actividades industriales, lo que aporta una nueva fuente de variabilidad e impacto para el ambiente. Este estudio se centró en la caracterización de los parámetros fisicoquímicos y la ecología microbiana de un acuífero costero poco profundo en el sitio de Las Salinas (Viña del Mar), el cual es una zona costera crónicamente contaminada producto de la industria petrolera por más de ocho décadas.

Se usó bombeo de flujo lento para poder medir parámetros fisicoquímicos in situ (potencial de óxido-reducción, pH, temperatura, O2 disuelto y salinidad) y extraer muestras representativas de las aguas subterráneas presentes, para análisis químicos y microbiológicos ex situ. El Análisis de Componente Principal (PCA) de los parámetros fisicoquímicos (Fe+2, Fe+3, NH4+, NO3-, H2S, SO4-2, O2 disuelto, potencial de óxido-reducción y salinidad) permitió determinar cuatro zonas dentro del sitio: Ferroginosa, Nitrogenosa, Sulfídica Neutra y Sulfídica Levemente Ácida. Las comunidades microbianas de las aguas subterráneas del sitio mostraron que las zonas tenían una estructura similar, a excepción de la zona Sulfídica Neutra, y el filo Proteobacteria era el predominante en todas las zonas. Dentro de los géneros encontrados, varios poseen potencial metabólico para la degradación de hidrocarburos. Estos resultados nos permiten tener una mejor comprensión de estos ecosistemas costeros y nos proporcionan información sobre cómo las comunidades microbianas adaptadas a regímenes hidrogeoquímicos estables influyen en los ciclos biogeoquímicos de entornos altamente dinámicos.

Keywords: aguas subterráneas, contaminación crónica, ecosistemas costeros
Financing: Financiamiento de la Beca Doctorado Nacional ANID.

PROTEASE SYSTEMS IN *ACIDITHIOBACILLUS FERROOXIDANS*: DIFFERENTIAL EXPRESSION AND FUNCTIONAL CHARACTERIZATION OF LON1 IN STRESS RESPONSE

Javiera Acevedo-Arbunic[1], Katherin Izquierdo-Fiallo[1], Gloria Levicán[1]

(1) University of Santiago de Chile, Department of Biology, Chemistry and Biology, Basic and Applied Microbiology Laboratory, Santiago, Chile

Acidithiobacillus ferrooxidans is an acidophilic microorganism that thrives in extreme environments, facing stresses that cause protein damage, requiring rapid proteome remodeling for survival. Proteases play a central role in proteostasis by degrading nonfunctional proteins, recycling components, and regulating selective degradation to adapt cellular responses to stress. This study aimed to characterize *At. ferrooxidans* protease systems under stress and evaluate Lon1's function. mRNA levels of genes encoding proteases *lon1, lon2, lon3, htrA1, htrA2, clpP, clpX, clpA, ftsH, hslU, and hslV* were measured by RT-qPCR under thermal (37°C, 2 h), oxidative (1 mM H_2O_2, 1 h), pH variations (pH 1.2 and 2.0, 1 h), and desiccation (30 min) stress. Controls were cells grown at 30°C and pH 1.6. Stress responses were assessed immediately after a short-term (shock) and long-term (adapted) exposure. Lon1 was selected for functional studies via heterologous expression in *Escherichia coli*. Its role in oxidative stress tolerance was evaluated by determining the MIC of hydrogen peroxide in cultures exposed to serial dilutions of H_2O_2 (0–10 mM). Lon1's ability to reduce protein aggregation was analyzed by purifying intracellular aggregates after thermal (45 °C), oxidative (H_2O_2 at IC50), and acidic (pH 4.5) stress. Protein quantification was performed using the Bradford assay. Results showed predominant upregulation of protease mRNAs under adapted versus shock stress, indicating a greater role during prolonged exposure. HslUV was strongly upregulated in most stresses except desiccation, where other systems prevailed, supporting stress-specific protease functions. Differential expression of *Lon* and *HtrA* gene copies suggests distinct cellular roles. Lon1 increased the MIC of hydrogen peroxide from 2.2 to 3.4 mM and decreased protein aggregation by 82% under thermal stress and 79% under acidic conditions. Proteases exhibit stress-specific responses, suggesting a differential adaptation of proteolytic systems to respond to various types of stress in extreme environments in order to maintain proteostasis.

Keywords: Proteases, *Acidithiobacillus ferrooxidans*, Stress response, Acidophiles, Protease Lon
Financing: This work was supported by ANID doctoral fellowship (21240995), Operational Expenses Grant (24250029), FONDECYT (1211386), and Dicyt-Usach 022543LJ_Ayudante.

COLONIZACIÓN POR ENTEROBACTERIAS MULTIRRESISTENTES Y EXTENSAMENTE RESISTENTES A FÁRMACOS EN NIÑOS ASINTOMÁTICOS DE CAMPAMENTOS Y VILLAS URBANAS EN CHILE: ASOCIACIONES CON FACTORES SOCIODEMOGRÁFICOS Y AMBIENTALES

Priscila Reyes[1], Javiera Vasquez[2], Sebastian Wolter-Salas[1], Carlos Alejandro Zelaya[1], Magdalena Palisson-Kramer[2], Natalia Pino[1], Isabel Huentemilla[1], Pamela Thomson[1], Eduardo Undurraga[2], **Aiko D. Adell**[1]

(1) Universidad Andres Bello, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, República 440, Santiago, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Gobierno, Av. Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Chile

ABSTRACT
Este estudio evalúa la colonización por Enterobacterias resistentes a antimicrobianos (AMR-E) en niños asintomáticos residentes en un asentamiento informal (campamento) y en un área de vivienda formal (villa) de Puente Alto, Santiago de Chile.

METODOLOGÍA:
Se recolectaron muestras fecales de 75 niños (37 del campamento y 38 de la villa) y se aplicaron encuestas domiciliarias para obtener datos sociodemográficos y ambientales. Las enterobacterias fueron aisladas en agar MacConkey suplementado con ciprofloxacino (CIP) y ceftazidima (CAZ). Las colonias con morfología fermentadora de lactosa fueron identificadas mediante MALDI-TOF. La susceptibilidad antimicrobiana se evaluó con el método de Kirby-Bauer, siguiendo estándares CLSI y EUCAST. Los datos se analizaron mediante estadística descriptiva, y modelos de Random Forest. La aprobación ética fue otorgada por la Universidad Andrés Bello.

RESULTADOS:
De las 75 muestras, el 36% (27/75) mostró crecimiento en placas suplementadas con CIP y/o CAZ, incluyendo 15 de campamento y 12 de la villa. Se recuperaron 63 aislados: 44 del campamento (69,8%) y 19 de la villa (30,2%). E. coli fue predominante (60/63), con dos K. oxytoca (campamento) y una C. freundii (villa). En el campamento, el 63,6% (28/44) de los aislados fueron multirresistentes (MDR), incluyendo uno extensamente resistente (XDR), una cepa resistente a carbapenémicos y 18 resistentes a cefalosporinas de tercera o cuarta generación. En la villa, el 94,7% (18/19) fueron MDR, dos XDR y 12 resistentes a cefalosporinas de tercera o cuarta generación.

El análisis preliminar con Random Forest identificó la fuente de agua domiciliaria, el contacto con agua de río y las prácticas de desinfección alimentaria como predictores claves de colonización por AMR-E, con una precisión del 94,1%.

CONCLUSIÓN:

Se evidenció la presencia de fenotipos MDR y XDR en niños de ambos entornos, incluyendo una cepa de *E. coli* resistente a carbapenémicos y múltiples aislados resistentes a cefalosporinas de tercera o cuarta generación. Los sistemas deficientes de saneamiento y la exposición a agua de río contaminada resultaron ser predictores dominantes de la colonización por AMR-E, por lo que Fortalecer infraestructura de agua y saneamiento en áreas urbanas vulnerables son urgentes para reducir la exposición a AMR-E.

Keywords: Resistencia adquirida en la comunidad, Resistencia a cefalosporinas (3ª/4ª gen), β-lactamasa de espectro extendido (BLEE), Resistencia a carbapenémicos, Entornos urbanos de bajos recursos
Financing: Financiado por ANID Fondecyt 1221536 y 1242022.
Acknowledgments: Agradecemos a las familias, colaboradores de encuestas y al colegio Novomar por su apoyo. Un especial agradecimiento a Fundación Patroncito y a los líderes comunitarios.

INFLUENCIA DE LA LIMITACIÓN DE OXÍGENO Y DE LA VELOCIDAD ESPECÍFICA DE CRECIMIENTO EN LA PRODUCCIÓN DE PROTEÍNA RECOMBINANTE Y LA HETEROGENEIDAD POBLACIONAL DE *KOMAGATAELLA PHAFFII*

Cristóbal Adrián[1], Stephanie Braun Galleani[1,2], Edgar Velastegui[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Avenida Brasil 2085, Valparaíso, Chile
(2) Instituto Milenio de Biología Integrativa (iBio), Santiago, Chile

La levadura metilotrófica *Komagataella phaffii* (*Pichia pastoris*) se ha consolidado como una plataforma celular altamente eficiente para la producción de proteínas recombinantes, gracias a su capacidad para alcanzar altas densidades celulares y la disponibilidad de promotores fuertes como pAOX1. Sin embargo, su escalado industrial enfrenta un desafío significativo respecto a la formación de gradientes de oxígeno y nutrientes, lo cual induce condiciones fisiológicas heterogéneas, afectando la viabilidad y promoviendo subpoblaciones celulares que comprometen la productividad y la reproducibilidad del proceso. La disponibilidad de oxígeno y la velocidad específica de crecimiento (μ) son factores críticos que influyen en el metabolismo celular, la acumulación de especies reactivas de oxígeno (ROS), y la expresión de la proteína recombinante. Evaluar su impacto es fundamental para optimizar los bioprocesos a escala industrial.

La presente investigación tiene como objetivo evaluar la influencia de la limitación de oxígeno y la tasa de dilución (equivalente a μ) en el desempeño de *K. phaffii* en cultivos continuos (quimiostato). Para ello, se empleará una cepa de *K. phaffii* con expresión de eGFP controlada por el promotor pAOX1, como gen reportero. Citometría de flujo se utilizará para cuantificar la expresión de eGFP a nivel unicelular, permitiendo determinar la productividad específica de eGFP y la heterogeneidad poblacional (determinada mediante el coeficiente de variación, CV). Además, se evaluará la generación de especies reactivas de oxígeno (ROS).

Resultados iniciales revelaron una ventana operacional donde los niveles intermedios óptimos de metanol (6 a 10 g L-1) lograron maximizar la productividad específica de eGFP (qP) y, simultáneamente, minimizar la heterogeneidad poblacional (bajo CV). Por el contrario, concentraciones subóptimas de metanol incrementaron el CV. Esto sugiere que forzar la expresión máxima genera un alto estrés metabólico que se traduce en un aumento de la variabilidad celular.

La definición de esta ventana operacional es crucial para el desarrollo de bioprocesos de *K. phaffii* más robustos, eficientes y escalables para la industria biotecnológica, garantizando una alta expresión recombinante con una mínima diversidad celular.

Financing: Financiamiento: ANID-FONDECYT Iniciación 11200933 y Postdoctorado 3250078, ANID- InES Género INGE220007

PREVALENCIA DE INFECCIONES POR HERPESVIRUS EN ADULTOS DEL SUR DE CHILE: IMPLICANCIAS CLÍNICAS Y EPIDEMIOLÓGICAS

Patricia Aguila-Torres[1], Marco Barra[2], Marcelo Marín[2], Yennyfer Arancibia[3], Rodrigo Torres[3], Carolina Martin[2]

(1) Universidad Austral, Laboratorio de Microbiología Molecular, Puerto Montt, Chile
(2) Universidad Austral, Laboratorio de Ciencias Biomédicas, Puerto Montt, Chile
(3) Universidad San Sebastián, Facultad de Medicina y Ciencia, Sede De la Patagonia, Puerto Montt, Chile

Introducción:
Entre los Herpesvirus se encuentra el virus Epstein-Barr (VEB) y el virus Herpes simplex tipo 1(VHS-1). Ambos corresponden a patógenos con una prevalencia en población adulta global superior al 70%; vinculado el primero principalmente a procesos neoplásicos y el segundo a enfermedades neurodegenerativas/neuropsiquiátricas. Si bien, ambos son de distribución universal y se transmiten principalmente en la infancia a través de la vía oral, una de sus principales características es que la infección aguda ocurre de forma asintomática en inmunocompetentes, y una vez que ingresan al organismo del individuo, permanecen en él a lo largo de toda su vida; pudiendo gatillar procesos de inflamación crónica que conlleven a mayor riesgo de enfermedades.

La interacción sinérgica entre estas infecciones persistentes, sumado a factores ambientales y genéticas podría influir notoriamente en las alteraciones crónicas que afectan la salud humana actual.

Este estudio tuvo como objetivo describir la seroepidemiología del VEB y VHS-1 en individuos adultos de la ciudad de Puerto Montt

Metodología:
Se diseñó un estudio observacional, descriptivo y transversal en 46 adultos que asistieron al Centro Las Familias (Puerto Montt) durante el año 2025. Se aplicó un cuestionario con variables sociodemográficas y clínicas. La detección de anticuerpos IgG anti-VEB y anti-VHS-1 se realizó mediante técnica de ELISA. El protocolo fue aprobado por el Comité de Ética Científico del SSRR.

Resultados:
Se observó una seroprevalencia de 99% para VEB y 90% para VHS-1 (edad media: 41 años). Del total de infectados, 88,7% residía en áreas urbanas y 11,3% en zonas rurales. La seropositividad predominó en mujeres. El título promedio de anticuerpos fue de 49,2 UI/ml con valores mínimos y máximos de 18,3 y 86,9 UI/ml, respectivamente. El 60,6% pertenecía a Fonasa, destacando la presencia de comorbilidades: hipertensión arterial (27,3%), diabetes mellitus tipo 2 (12,1%), depresión (30,3%) y trastornos visuales (65,6%).

Conclusiones:
Las prevalencias encontradas para VEB y VHS-1 son comparables a las reportadas en otras regiones del mundo, con predominio en población urbana y en mujeres. Se requiere estudios adicionales que exploren la interacción de estas infecciones con determinantes sociodemográficos y económicos en la salud de la población chilena.

Keywords: Herpesvirus, virus Epstein-Barr, virus Herpes simplex tipo 1, Chile
Financing: Financiamiento: ANID: InES I+D UACh 2021 INID210009, ANID Fondecyt 11230898

MICROBIAL DYNAMICS AND FUNCTIONAL POTENTIAL OF THE NITROGEN CYCLE IN COASTAL WETLANDS OF VALPARAÍSO, CHILE

Polette Aguilar-Muñoz[1,2,3], Macarena Pérez-Flores[1,4], Francisca Morales-Herrera[1], Kerina González[1,4], Marcela Cornejo[5], Verónica Molina[1,2,3]

(1) HUB Ambiental UPLA, Universidad de Playa Ancha, Subida Leopoldo Carvallo 207, Valparaiso, Chile
(2) Departamento de Ciencias y Geografía, Universidad de Playa Ancha, Avenida Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile
(3) Centro de Investigación Oceanográfica COPAS COASTAL, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(4) Doctorado Interdisciplinario en Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile
(5) Escuela de Ciencias del Mar e Instituto Milenio de Oceanografía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile

Coastal wetlands are ecosystems of high ecological value, where microorganisms play a central role in biogeochemical cycles. Within the nitrogen cycle nitrification and denitrification processes regulating nutrient availability and preventing the accumulation of toxic compounds by the transformation of ammonium to nitrate and subsequently into nitrogen gas. However, cultural eutrophication resulting from anthropogenic activities, such as agriculture, urbanization, and wastewater discharges generate nutrient and contaminant overloads that disrupt and degrade these ecosystems. These pressures reduce the natural purification capacity of wetlands, alter microbial community composition, and compromise biodiversity. In this context, understanding the microbial dynamics of the nitrogen cycle is essential for the conservation of coastal wetlands and for mitigating the impacts associated with global change. In this study, five coastal wetlands from the Valparaíso region (Chile) were evaluated over two seasons, covering different levels of anthropogenic disturbance. Environmental parameters, nutrient concentrations, and greenhouse gas emissions were characterized, while microbial community composition was analyzed using shotgun metagenomic sequencing. The results revealed seasonal variations in microbial communities, with Pseudomonadota, Bacteroidota, and Actinomycetota consistently dominating across all wetlands. Furthermore, genes associated with ammonium assimilation (*nifH, gdh, ureC*) as well as nitrification and denitrification processes were detected, indicating a high completeness of the nitrogen cycle in the studied ecosystems. Comparisons among wetlands showed differences in the relative abundance of functional genes and taxa depending on the degree of anthropogenic pressure, such as domestic and industrial wastewater discharges, suggesting a direct influence of environmental stressors on microbial metabolic potential. Microbial communities in the coastal wetlands of Valparaíso exhibit a high metabolic potential to sustain the nitrogen cycle, even under different levels of anthropogenic pressure, underscoring their ecological importance and the need to incorporate microbial functional traits into management and conservation strategies.

Keywords: Coastal Wetlands, Nitrogen Cycle
Financing: Fondecyt postdoctoral 3240498, Fondecyt regular 1211977, Proyecto RED 21992, FONDAP Coastal Proyecto ANID FB210021, Concurso Regular de Investigación 2024 CNE 19-2526, Concurso Regular de Investigación INGE 220004, A-004

EFECTO DE LA MODIFICACIÓN GLUTAMIL-QUEUOSINA (GLUQ) DE TRNA EN LA EVOLUCIÓN DE LA FRECUENCIA DE USO DE CODONES

Alejandro Ahumada[1], Christopher Lavalle[1], Benjamín Correa[1,2], Francisca Salazar[3], Juan Carlos Salazar[3], Verónica Bravo[4], Assaf Katz[1]

(1) Universidad de Chile, Núcleo Interdisciplinario de Biología y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Facultad de Medicina, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile
(3) Universidad de Chile, Núcleo Interdisciplinario de Microbiología, Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Facultad de Medicina, Santiago, Chile
(4) Universidad de Santiago de Chile, Centro de Investigaciones Biomédicas y Aplicadas (CIBAP), Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias Médicas, Santiago, Chile

Los nucleótidos modificados en los tRNAs, especialmente en las posiciones 34 (posición "wooble") y 37 del brazo del anticodón, juegan un papel relevante en modular la interacción entre el codón del RNA mensajero y el anticodón del tRNA. Mediante análisis bioinformáticos nuestro grupo observó una correlación entre el uso de codones y la presencia de enzimas modificadoras de tRNA. En particular, se destaca una fuerte correlación entre la presencia del gen *gluQ* y el uso de los codones GAT y GAC. El gen *gluQ* codifica para GluQ-RS, enzima que modifica con glutamil-queuosina al nucleótido 34 del anticodón del tRNAAsp, que decodifica los codones GAT y GAC. Actualmente, no existe evidencia experimental que demuestre una relación causal entre el uso de codones y la presencia de enzimas modificadoras de tRNA. Para investigar dicha relación, estamos realizando experimentos de evolución in vitro con las cepas *E. coli K*-12 MG1655 silvestre y *ΔgluQ* con el objetivo de determinar si la ausencia de la modificación de nucleótidos produce una evolución hacia un uso de codones diferentes. En este contexto, se estandarizó la metodología para preparar medios de cultivo con gradiente de antibiótico que serán utilizados en los experimentos de evolución in vitro, con el objetivo de aplicar una mayor presión selectiva para el uso del nicho ecológico. Se emplearon medios semisólidos de LB-agar con indicador de pH, suplementados con lactosa y glutamato, probando distintas concentraciones de agar.
Se logró definir las condiciones óptimas de los medios de cultivo para la evolución in vitro, permitiendo observar el crecimiento de las bacterias a través de la placa gracias a un indicador de pH. Se observa que la cepa mutante coloniza el espacio en la placa de forma más lenta en presencia o ausencia del antibiótico. Así mismo, la mutante presenta una menor velocidad de crecimiento en medio líquido. Sin embargo, en medio mínimo no se altera la velocidad de traducción por la mutación de *gluQ*, esto sugiere que el impacto de la modificación *gluQ* podría depender de las condiciones ambientales o bien se relaciona con otros procesos, como la fidelidad de la traducción.

Keywords: Uso de codones, Evolución, tRNA
Financing: Fondecyt 1250180

LOS HÍBRIDOS DE *SACCHAROMYCES* RECIÉN FORMADOS, ESTABILIZAN SU PLOIDÍA DE FORMA DISTINTA SEGÚN LAS CONDICIONES DE ESTABILIZACIÓN EN FERMENTACIÓN DE CERVEZA LAGER

Sonia Albillos[1,2], Francisco Cubillos[1,2]

(1) Universidad Santiago de Chile, Biología, Química y Biología, Santiago de Chile, Chile
(2) iBio

Los híbridos recién formados entre especies del género *Saccharomyces* son inherentemente inestables, presentando con frecuencia reorganizaciones cromosómicas y fluctuaciones en la ploidía que pueden comprometer su utilidad industrial a largo plazo. Para investigar cómo distintos regímenes de estabilización afectan tanto la estabilidad genómica como los rasgos fermentativos, construimos híbridos diploides, triploides y tetraploides mediante el cruce entre una cepa domesticada de cerveza de *S. cerevisiae* y el aislado silvestre chileno PB3 de *S. eubayanus*. Estos híbridos representan genéticamente los antecedentes evolutivos de *S. pastorianus*, la levadura lager, y nos permiten evaluar directamente cómo la ploidía y el ambiente interactúan durante la estabilización evolutiva.

Cada híbrido fue propagado durante evolución experimental en medio de extracto de malta a 15°B bajo cuatro condiciones contrastantes: temperaturas baja (12 °C) y moderada (25 °C), cada una con y sin la adición de 6 % de etanol. Se establecieron tres líneas evolutivas independientes por condición, permitiendo un análisis robusto de los efectos combinados de ploidía y ambiente.

Nuestros resultados revelan diferencias marcadas en la estabilidad genómica según el nivel de ploidía. Los híbridos diploides y triploides tendieron a mantener su ploidía original de forma más consistente, mientras que los tetraploides presentaron una alta propensión a la pérdida de ploidía, especialmente bajo condiciones de estrés como la presencia de etanol. Además, se observaron eventos frecuentes de aneuploidía y reorganizaciones cromosómicas, cuya incidencia varió en función del tratamiento aplicado. Finalmente estas diferencias probablemente contribuyen a diferencias fermentativas, tanto de crecimiento como de consumo de azúcare , como de producción de etanol y aromas.

Estos hallazgos demuestran que las condiciones ambientales durante la estabilización juegan un papel decisivo en la integridad del genoma y en la estabilidad a largo plazo de los híbridos de Saccharomyces. Comprender estos procesos es clave para el desarrollo racional de nuevas levaduras híbridas con aplicaciones industriales, particularmente en la producción de cerveza y otras fermentaciones a bajas temperaturas.

Keywords: Evolución, *Saccharomyces pastorianus*, Fermentación cerveza, Ploidía, Estabilización de híbridos
Financing: Postdoctorado USACHiBio
Acknowledgments: LGM

CARACTERIZACIÓN DEL PERFIL DE RESISTENCIA A LOS ANTIBIÓTICOS EN BACTERIAS AISLADAS EN LA BASE PRAT DE LA ANTÁRTICA.

Esteban Aliaga Narváez[1], Karina Álvarez Mondaca[1], Roberto Bastias Romo[1], Nicolás Plaza[2], Katherine García[2], Jorge Olivares Pacheco1

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Av. Universidad Nº 330, Curauma, Valparaíso, Chile
(2) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Av. Pedro de Valdivia 425, Santiago, Chile

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es un fenómeno natural en bacterias, sin embargo este se ha visto potenciado por el mal uso de antibióticos, llevando incluso a clasificar genes de resistencia y bacterias resistentes de ambientes clínicos como contaminantes emergentes. La Antártica es el continente menos intervenido por la especie humana, convirtiéndose en un ambiente propicio para estudiar cómo funcionan los mecanismos de evolución del fenómeno de RAM.

Este estudio planteó caracterizar el fenómeno de resistencia a antibióticos en bacterias aisladas en zonas cercanas a la Base Prat de la Antártica, para ello se realizaron muestreos en 3 puntos de la Bahía Discovery a 5 y 25 (m) de profundidad. Se aislaron 45 cepas. Se realizó análisis 16S para identificación de los aislados a nivel de género y posteriormente pruebas de susceptibilidad a antibióticos por el método de Kirby-Bauer. Se obtuvieron 6 cepas multirresistentes, de las cuales 4 fueron resistentes a Carbapenémicos, por lo que se les realizó Blue-Carba Test para identificar producción de carbapenemasas, de éstas, un aislado perteneciente al género *Psychrobacter* resultó positiva para este tipo de enzima. Los resultados revelan mayor proporción de cepas resistentes en los puntos P6 y P10 en aguas superficiales, no obstante, la única cepa portadora de carbapenemasas pertenece a una muestra de agua superficial del punto P7. La presencia de carbapenemasas es frecuentemente asociada a una contaminación causada por influencia antropogénica y no se ha reportado la presencia de estas enzimas en el género *Psychrobacter*. Por esto, encontrar bacterias resistentes y positivas para carbapenemasas en un ambiente prístino como la Antártica es alarmante y se deben realizar más estudios para comprender de mejor manera cómo evolucionan los mecanismos que conllevan al fenómeno de RAM.

Keywords: RAM, Antártica, Carbapenemasas
Acknowledgments: Proyecto INACH RT2721

COMUNIDADES MICROBIANAS ASOCIADAS A MICROPLÁSTICOS: DESARROLLO DE LÍNEA BASE PARA CARACTERIZACIÓN POLIMÉRICA EN TRACTO GASTROINTESTINAL DE SALMÓNIDOS DE LA PATAGONIA NORTE DE CHILE.

María Almonacid Soto[1], Patricia Águila Torres[1], Jose Luis Iriarte Machuca[2], Karla Pozo Gallardo[3], Mariett Torres Gutiérrez[3], Cristina Vergara[1]

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular. Universidad Austral, Puerto Montt. Chile.
(2) Instituto de Acuicultura. Universidad Austral, Puerto Montt. Chile
(3) Laboratorio de Microplásticos y contaminantes emergentes. Universidad San Sebastián, Concepción, Chile.

La presencia de microplásticos se ha documentado en las profundidades marinas, ríos, lagos y arroyos, incluyendo áreas remotas como los fiordos de la Patagonia chilena, demostrando su capacidad de contaminar diversos entornos a escala global. En la superficie de estos sustratos poliméricos, alberga comunidades microbianas denominada "plastifera". Transformándose en ecosistemas microbianos que podrían actuar como vectores de dispersión para diversas poblaciones microbianas. Se han identificado en microplásticos, microrganismos patógenos de la familia Vibrionaceae y Aeromonas salmonicida, patógenas para peces. Siendo fundamental analizar su relación con la propagación de enfermedades para especies de cultivo como salmónidos. Especie de alto valor para la producción acuícola chilena. Pudiendo ser ingerida y acumularse en el tracto gastrointestinal, provocando una serie de efectos dañinos en el organismo, que requieren ser analizados en mayor profundidad. Por consiguiente, el objetivo de la presente investigación fue caracterizar trazas de microplástico en tracto gastrointestinal de salmónidos de la Patagonia Norte de Chile. Del universo muestral analizado, el 48% mostro presencia confirmada de microplásticos, evidenciando una preferencia selectiva hacia la ingestión de fragmentos de color negro. El análisis por FTIR revelo predominancia de polyethylene (PE) con un 33 % de abundancia relativa, seguido de polyethylene terephthalate (PET) y poliamida (Nylon). Este estudio, en comunidades microbianas contribuye a generar un respaldo científico sobre los microplásticos más frecuentes en la acuicultura chilena. Los resultados obtenidos se utilizarán como línea base epidemiológica, para la identificación taxonómica y caracterización funcional de las comunidades microbianas intestinales impactadas por la ingesta involuntaria de microplásticos en especies de interés acuícola y su posible relación como vectores de dispersión de microorganismos patógenos.

Keywords: Plastifera, Salmónidos, FTIR
Financing: Estudiante del Programa de Doctorado en Ciencias de la Acuicultura, guiado por la investigadora Dra. Patricia Águila Torres del Laboratorio de Microbiología molecular de la Universidad Austral de Chile, Campus Pelluco, Puerto Montt. Chile.
Acknowledgments: Al laboratorio de Microplásticos y contaminantes emergentes, Universidad San Sebastián, Concepción, Chile, dirigido por la Dra. Karla Pozo (Proyecto fondecyt regular 1241723); Instituto de Acuicultura, de la Universidad Austral de Chile. Puerto Montt y Beca Doctorado Nacional financiado por ANID.

DENTIN-ON-CHIP: AN IN-VITRO MODEL TO STUDY AGING-ASSOCIATED COLLAGEN GLYCATION AND BIOFILM PATHOGENICITY

Simon Alvarez Martinez[1,2], Javiera Ortiz Mendez[1], Pablo Berrios[2], Carla Inostroza Venegas[2], Andrea Ravasio[2], Sebastian Aguayo[2,3]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Marcoleta 391, Santiago, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Instituto de Ingeniería Biológica y Médica, Facultad de Medicina, Facultad de Ciencias Biológicas, Facultad de Ingenieria, Avda. Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Chile
(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Odontología, Facultad de Medicina,, Marcoleta 391, Santiago, Chile

Background: Conventional in vitro models for oral biofilm research, such as hydroxyapatite discs, petri dishes, or natural dentin samples, face significant limitations. Simplified substrates lack the tubular microarchitecture, collagen matrix, and biochemical complexity required to replicate the native environment. At the same time, natural samples are inherently variable due to differences in patient age or health status. Biological heterogeneity complicates reproducibility and often leads to conflicting results. Moreover, the scarcity of standardized biological material, coupled with ethical and logistical constraints, further limits their applicability.

These shortcomings restrict our ability to dissect how aging-associated changes, such as collagen crosslinking and the accumulation of advanced glycation end-products (AGEs), reshape dentin properties, promoting cariogenic synergy between Streptococcus mutans and Candida albicans. Despite their clinical importance, no reliable and reproducible in vitro platform has been available to systematically model these interactions under physiologically relevant conditions.

Methods: To overcome these challenges, we developed a reproducible biomimetic dentin-on-chip model, fabricated from PDMS microstructures patterned with dentin-like tubules, coated with type I collagen, and mineralized with hydroxyapatite. Collagen glycation was induced with methylglyoxal (MGO) to emulate aged dentin. Dual-species *C. albicans*-*S. mutans* biofilms were cultured under static and with or without salivary pellicle preconditioning. Their structural and molecular features were characterized by confocal laser scanning microscopy (CLSM) for biomass, thickness, and EPS quantification, atomic force microscopy (AFM) for nanomechanical properties, and RT-qPCR to assess expression of virulence-associated genes. Results: Microfabricated glycated substrates significantly enhanced biofilm stiffness, extracellular polymeric substance (EPS) production, and microbial co-adhesion compared to non-glycated and natural dentin substrates. Gene expression analysis further revealed upregulation of adhesion-and matrix-binding genes in *S. mutans* as well as adhesion and hyphal development genes in *C. albicans*, supporting the notion that glycation drives a more pathogenic biofilm phenotype.

Conclusion: This study presents the first dentin-on-chip platform capable of recapitulating age-associated biochemical alterations and their impact on oral biofilms. By combining reproducibility with biological relevance, this system addresses long-standing limitations of conventional models and opens new opportunities for testing preventive and therapeutic strategies against biofilm-mediated oral diseases in aging populations.

Keywords: Aging, Oral Microbiology, Biofilms, Dental caries, Mechanobiology
Financing: Acknowledgments: FONDECYT regular #1220804, #1210872, FONDEQUIP #EQM210101, Beca Doctorado Nacional ANID.

EXTREMOPHILIC MICROORGANISMS: SUSTAINABLE BIOFACTORIES FOR FERROMAGNETIC NANOPARTICLES

Valentina Antunez-Ossio[1], Jenny M. Blamey[1,2]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Santiago, Chile
(2) Fundacion Biociencia, Santiago, Chile

The development of new alternatives for the synthesis of nanoparticles (NPs) has been of great interest. Chemical synthesis has traditionally been employed; however, this requires the use of numerous toxic reagents, resulting in the production of environmentally harmful residues. Biological synthesis of nanoparticles has emerged as a promising alternative. The primary objective of this work is to demonstrate the capability of two extremophilic microorganisms, isolated both from low temperature extreme Antarctic environments, belonging to genera Pseudomonas and Geobacillus, in the biosynthesis of ferromagnetic NPs, both intra and extracellularly. For the biological synthesis, two iron salts—iron sulfate and ferric chloride—were employed as metal precursors. In order to optimize the synthesis process various factors that influence the NPs synthesis were studies. These include pH range (2–7), temperature (25–65°C), and precursor concentration (1–10 mM iron salts). Experiments were conducted using three culture media: LB, TGY, and TSB. The magnetic properties of the resulting NPs were assessed at different bacterial growth phases by applying an external magnetic field generated by a neodymium magnet. Characterization of the biosynthesized NPs was performed using UV–Vis spectroscopy, scanning electron microscopy (SEM) coupled with energy-dispersive X-ray spectroscopy (EDX), transmission electron microscopy (TEM), and Fourier-transform infrared spectroscopy (FTIR). TEM analysis was carried out to visualize both intra- and extracellular nanoparticles, while FTIR analysis was used to determine whether the biosynthesized nanoparticles were functionalized. FTIR spectra confirmed the presence of functional groups coating the nanoparticles. SEM/EDX analysis confirmed the formation of ferromagnetic nanoparticles. Among the evaluated parameters, iron concentration and medium pH were found to be the most critical for magnetic NP biosynthesis. These bacteria proved to be capable of synthesizing iron oxide nanoparticles with unique magnetic properties, making them promising candidates for use in various applications.

Keywords: Ferromagnetic nanoparticles, Iron oxide nanoparticles, Nanoparticle biosynthesis, Extremophiles.
Acknowledgments: Fundación Biociencia, Facultad de Química y Biología, USACH.

IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS CON CAPACIDADES PARA LA FIJACIÓN DE NITRÓGENO O LA SOLUBILIZACIÓN DE FOSFATO PROVENIENTES DE HUMEDALES.

Sofía Apablaza Bustamante[1,2,3,4], Gabriel Gálvez Jiménez[2,3], Mauricio Latorre Mora[2,3,4]

(1) Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile
(2) Universidad de O'Higgins, Laboratorio de Bioingeniería, Instituto de Ciencias de la Ingeniería, Libertador Bernardo O'Higgins 611, Rancagua, Chile
(3) Universidad de O'Higgins, SYSTEMIX, Libertador Bernardo O'Higgins 611, Rancagua, Chile
(4) Universidad de O'Higgins, BioSav, Ruta I-90 S/N, San Fernando, Chile

Los humedales corresponden a zonas de transición entre los ambientes terrestres y acuáticos. Son ecosistemas altamente productivos por sus ciclos biogeoquímicos, entre los que destacan los ciclos del nitrógeno y el fósforo, los cuales abarcan procesos como la fijación de nitrógeno y la solubilización de fosfato. Las bacterias fijadoras de nitrógeno y solubilizadoras de fosfato tienen un rol clave, con potencial biotecnológico en agricultura, minería y biorremediación, ofreciendo soluciones sostenibles para el manejo de nutrientes y recuperación ambiental.

Pese a su importancia, en Chile los estudios sobre la microbiología de humedales junto con su potencial biotecnológico son escasos. En este contexto, este trabajo tiene como objetivo principal identificar bacterias con capacidad de fijación de nitrógeno o solubilización de fosfato provenientes de los humedales Las Juntas, San José y Río Tinguiririca, ubicados en la Región de O'Higgins.

Primero, se analizó la diversidad bacteriana en humedales mediante secuenciación 16S rRNA, evaluando diversidad alfa y beta con los índices ecológicos correspondientes. En paralelo, se analizó la química del suelo. Luego, se diseñaron diferentes medios de cultivo con la finalidad de aislar la mayor cantidad de bacterias, construyendo una colección bacteriana, la cual será sometida a ensayos fenotípicos y genotípicos con tal de evaluar las capacidades de interés. Los resultados de los análisis de diversidad alfa y beta revelaron que en los 3 humedales existe una alta diversidad bacteriana, con distribución uniforme de especies. Además, la comunidad bacteriana entre los humedales de estudio es diferente. Con respecto a los aislados bacterianos mediante medios nutritivos, se logró generar una colección de 158 especies en total provenientes de los 3 humedales. Cada una de las especies fueron sometidas a los ensayos fenotípicos correspondientes, encontrándose 68 bacterias capaces de fijar nitrógeno, 13 que pueden solubilizar fosfato y 27 con ambas capacidades. Las especies con estas capacidades estarán sujetas a la secuenciación 16S rRNA para eliminar redundancia y los análisis genotípicos para ratificar la presencia de los genes involucrados en la fijación de nitrógeno y solubilización de fosfato.

Keywords: Humedales, Colección bacteriana, Fijación de Nitrógeno, Solubilización de Fosfato, Biotecnología Ambiental

Financing: Proyecto ANILLO regular ANID ACT210004, Center for Mathematical Modeling, Apoyo a Centros de Excelencia ACE210010; ANID Millennium Science Initiative Program ICN2021_044; Fondo Basal FB210005; ANID FONDECYT 1230194. Fondo Interdisciplinario y Proyecto Núcleo UOH.

PERFIL MOLECULAR DE RESISTENCIA A BETALACTÁMICOS Y VIRULENCIA DE 20 CEPAS DE *ESCHERICHIA COLI* PRODUCTORAS DE ESBL AISLADAS DE LA UNIDAD DE CUIDADOS INTESIVOS Y CONSULTORIOS EXTERNOS DE UN HOSPITAL TERCIARIO DEL SUR DE PERÚ.

Yehosüa Aragon Chicata[1], Adriana Paola Morron Vizarreta[1], Irma Patricia Valdivia Carbajal[1], Jorge Andres Ballon Echegaray[1]

(1) Universidad Nacional de San Agustin de Arequipa, Laboratorio de Investigación de Microbiología Molecular, Medicina, Av Alcides Carrion s/n, Arequipa, Peru

Background
La resistencia antimicrobiana mediada por la produccion de enzimas Betalactamasas y otros factores virulencia en *Escherichia coli* es un problema que se ha extendido en todo el mundo más aun debido al uso incontrolado de antibióticos, ya que *E coli* es el principal causante de infección del tracto urinario (ITU) . Este estudio describe los perfiles moleculares de resistencia a antibióticos y virulencia de *E.coli* de aislados intrahospitalarios (UCI) y Consultorio Externo (CE) y perfil de resistencia a los betalactámicos.

Methods
En esta investigación se caracterizó molecularmente 20 aislados de *E. coli* productora de betalactamasas de espectro extendido (ESBL) provenientes 10 de la unidad de cuidados intensivos (UCI) y 10 de Consultorios externos (CE) de un hospital terciario del sur de Perú. El fenotipo de productores de Betalactamasas de espectro extendido ESBL se determinó mediante el uso de del sistema automatizado Microscan®. Se identificaron los aislados mediante espectrometría de masas (VITEK® MS, BioMérieux). Se utilizó una reacción en cadena de la polimerasa convencional para la detección de los genes de resistencia a betalactámicos *blaCTX-M1 , blaCTX-M2, blaCTX-M9, blaOXA-1-LIKE, blaSHV, blaTEM, blaVEB, blaOXA-48*-LIKE y genes de virulencia papC, fimH, hlyA, fyuA, papG II-
Results

La caracterización fenotípica de los aislados UCI y CE se tuvieron los siguientes resultados blaCTX-M1(100%/80%), blaCTX-M2(80%/40%), blaCTX-M9 (100%/40%), blaOXA-1-LIKE(80%/40%), blaSHV(10%/0%), blaTEM (10%/20%), blaVEB (40%/0%), blaOXA-48-LIKE (0%/0%) respectivamente. Virulencia: papC, fimH y papG II muy prevalentes y similares (≥85% ambos grupos); fyuA (40% vs 32.5%) y hlyA (27.5% ambos) con diferencias mínimas.

Conclusion
Los aislados de *E. coli* muestran mayor frecuencia de resistencia antimicrobiana en provenientes del área de UCI respecto a CE. Estos resultados sugieren circulación de linajes compartidos y presión hospitalaria aumentada selectiva debido al uso de antibióticos como profilaxis.

Keywords: Resistencia antimicrobiana, fenotipo, betalactamasas
Financing: El presente estudio es parte del proyecto “Desarrollo de un protocolo para la

detección de resistencia a beta-lactamicos en Enterobacterias mediante Espectrometría de Masas con Tiempo de Vuelo" financiado por UNSA Investiga con numero de Contrato Nº IBA-IB-56-2020-UNSA.
Acknowledgments: Laboratorio de Investigación de Microbiología Molecular de la facultad de medicina UNSA.Universidad de Nacional de San Agustin por financiar este proyecto de investigación.

STRUCTURE-GUIDED METAGENOMICS REVEALS THE RESISTOME AND VIRULOME LANDSCAPE ALONG AN ANTARCTIC THAW GRADIENT

Patricio Arros Muñoz[1], Camilo Berríos Pastén[1], Ian Pérez Ramírez[2], Alexis Gaete Silva[3], Cristian Arenas[3], Jacqueline Acuña Sobarzo[4], Milko Jorquera Tapia[4], Verónica Cambiazo Ayala[3], Francisco Chávez Espinosa[2], Andrés Marcoleta Caldera[1]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa, Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile
(2) Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile
(3) Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, Universidad de Chile, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, El Líbano 5524, Macul, Santiago, Chile
(4) Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada (EMALAB), Universidad de la Frontera, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Francisco Salazar 01145, Temuco, Araucanía, Chile

The increasing dissemination of genes that, when expressed by bacteria, confer resistance to antibiotics (ARGs), collectively referred to as the resistome, and the rise of multiresistant bacterial infections, corresponds to one of the greatest challenges to human health in the 21st century. The phenomenon of antimicrobial resistance (AMR) has been observed in ancient and non-intervened sites, showing that the mechanisms that underlay AMR are the result of thousands of years of bacterial evolution. Similarly, microorganisms inhabiting extreme and remote ecosystems have been shown to possess and express virulence factor genes (VFGs), which constitute the virulome of an ecological niche.

The Antarctic Peninsula possesses a vast diversity of multiresistant and potentially virulent bacteria living in its soils. Moreover, climate change is the main driving factor of permafrost thawing and pristine soil exposure, which could harbor unexplored virulomes and resistomes. Then, the following questions arise: How diverse are the resistomes and virulomes in the thawing gradient observed in the Antarctic Peninsula? What are the effects of climate change on this diversity? Which bacterial taxa carry these ARGs and VFGs?

To answer these questions, we developed a methodology to infer and characterize remote orthologs of known ARGs and VFGs based on structural and functional similarities observed in endemic Antarctic genes from three sampling sites of the thawing gradient observed in King George Island (KGI). Using this methodology, we ontologically characterized 99142 KGI ARG and VFG orthologs and linked them to taxonomically classified assembled contigs and reconstructed MAGs (metagenome assembled genomes), finding that semifrozen soil samples house the highest abundance of ARGs compared to moraine soils and ice-free vegetated areas, while both semifrozen and moraine soils posses a significantly more abundant virulome compared to vegetated areas. These differences are explained by a reduced number of genera, particularly from phylum Pseudomonadota, with special emphasis on the *Pseudomonas_E, Telluria, Thermomonas, Arenimonas, Polaromonas and*

Sphingomicrobium genera.

Therefore, permafrost thawing exposes a unique microbiota with a high abundance of multiresistant and potentially virulent bacteria.

Keywords: Resistome, Virulome, Antarctica, Climate Change, Metagenomics
Financing: Proyecto Anillo mBioClim ACT210044, Grant FONDECYT 1221193. P. Arros was supported by María Ghilardi Venegas Foundation.

EVOLUCIÓN ADAPTATIVA DE LEVADURAS NATIVAS COMO ESTRATEGIA PARA MEJORAR EL BIOCONTROL DE *BOTRYTIS CINEREA* EN POSTCOSECHA

Ángeles Ariadna Arroyo Díaz[1], Mariajose Carvajal[1], Daniela Catrileo[1], Liliana Godoy Olivares[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Fruticultura y Enología, Agronomía y Sistemas Naturales, Av. Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Chile

Durante la etapa de postcosecha de frutas y hortalizas, aproximadamente el 30% de la producción se pierde debido a enfermedades fúngicas, siendo *Botrytis cinerea* el principal agente causal. Frente a la creciente demanda de alimentos más inocuos y sostenibles, el uso de levaduras como agentes de biocontrol de hongos fitopatógenos se presenta como una alternativa prometedora. Sin embargo, su eficacia se ve comprometida bajo las condiciones de refrigeración típicas del almacenamiento (0–4 °C). Este estudio tuvo como objetivo obtener variantes de levaduras con mayor tolerancia al frío, capaces de controlar *B. cinerea* a 3 °C. Se seleccionaron cuatro cepas nativas: ApYCPUC51, MpYCPUC63, AsYCPUC116 y PfYCPUC211, las cuales mostraron un crecimiento ralentizado a 3 °C en comparación con 25 °C. Estas cepas fueron sometidas a evolución adaptativa en cultivo batch a 15 °C y 3 °C. La variante ApYCPUC51A evidenció un mejor desempeño en crecimiento a 25 °C, 15 y 3°C respecto a su cepa original. Resultados similares se observaron para la variante AsYCPUC116B. Además, se detectó una mayor producción de pulcherrimina en las variantes MpYCPUC63C, MpYCPUC6D y MpYCPUC63E, en comparación con la cepa parental. Para evaluar la capacidad biocontroladora, se realizó un ensayo de competencia indirecta enfrentando las cepas originales con conidias de *B. cinerea*. MpYCPUC63 y AsYCPUC116 lograron reducir el crecimiento del patógeno en un 60% a 15 °C, aunque no se observaron reducciones significativas a 25 °C ni a 3 °C. Estos resultados evidencian que, si bien las cepas poseen potencial como agentes de biocontrol, su eficacia se encuentra limitada a temperaturas moderadamente bajas, lo que restringe su aplicación práctica en condiciones reales de transporte y almacenamiento. En conclusión, la evolución adaptativa se plantea como una estrategia clave para generar variantes de levaduras con mayor tolerancia al frío, ampliando así su utilidad en la postcosecha de productos hortofrutícolas.

Keywords: Tolerancia al frío, Actividad antagónica, Hongos fitopatógenos
Financing: Proyecto CORFO 23CVC-245655

EVALUACIÓN DE LA DISTRIBUCIÓN SUBCELULAR DE LOS EFECTORES SOPD2 Y GTGE DE SALMONELLA TYPHIMURIUM EN *DICTYOSTELIUM DISCOIDEUM*

Andrea Avilés Thom[1], Fernando Amaya Inzunza[1], Sergio Álvarez[1], Carlos Santiviago[1]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Independencia, Santiago, Chile

Para sobrevivir intracelularmente, Salmonella transloca proteínas efectoras (o "efectores") hacia la célula hospedera mediante dos sistemas de secreción de tipo III independientes. En particular, los efectores GtgE y SopD2 de Salmonella Typhimurium inactivan a la GTPasa monomérica Rab32, promoviendo la supervivencia intracelular del patógeno en macrófagos murinos. Recientemente, nuestro grupo determinó que GtgE y SopD2 contribuyen a la supervivencia intracelular de S. Typhimurium en la ameba *Dictyostelium discoideum*. También determinamos que la GTPasa monomérica Rab32A de esta ameba se localiza en la superficie de compartimientos vesiculares de tamaño variable y es inactivada proteolíticamente por GtgE. El objetivo de este estudio fue determinar la distribución subcelular de los efectores GtgE y SopD2 de S. Typhimurium al interior de *D. discoideum*. Para esto, se clonó el ORF de los genes gtgE y sopD2 de S. Typhimurium en el vector pDM334 para expresar fusiones del reportero fluorescente GFP en la región N-terminal de cada efector. También se clonó el ORF del gen *rab32A* de *D. discoideum* en el vector pmRFPmars para expresar una fusión del reportero fluorescente mRFPmars en la región N-terminal de Rab32A. Los plasmidios recombinantes generados se transformaron en *D. discoideum* para analizar la localización subcelular de todas las proteínas de fusión mediante microscopía confocal. Al igual que en el caso de Rab32A, observamos que GFP-GtgE se localiza en la superficie de compartimientos membranosos intracelulares de tamaño variable en la ameba. Por otra parte, observamos que GFP-SopD2 se localiza preferentemente en la membrana plasmática de la ameba, formando parches discretos. Además, observamos que una fracción de dicha fusión se localiza en la superficie de compartimientos membranosos intracelulares de tamaño variable en la ameba. Finalmente, un análisis preliminar de cepas de *D. discoideum* que coexpresan GFP-GtgE o GFP-SopD2 junto con mRFPmars-Rab32A nos permitió detectar la presencia de cada efector junto a la GTPasa Rab32A en la superficie de un mismo compartimiento membranoso, aunque no observamos una colocalización de sus respectivas señales de fluorescencia. En conjunto, nuestros resultados sugieren que los efectores GtgE y SopD2 podrían colocalizar e interactuar con la GTPasa Rab32A en la superficie de compartimientos vesiculares intracelulares de *D. discoideum.*

Keywords: Salmonella, *Dictyostelium discoideum*, SopD2, GtgE, GTPasa Rab32A
Financing: Este trabajo fue financiado por los proyectos FONDECYT 1171844 y 1212075, y la beca CONICYT/ANID 21191925.

VARIANTES ALÉLICAS EN *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* ASOCIADAS A LA ADAPTACIÓN A LA LIMITACIÓN DE NITRÓGENO EN FERMENTACIÓN VÍNICA

Camila Bastias[1], Eduardo Kessi pérez[1,2], Claudio Martínez[1,2]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Ciencia y tecnología de los alimentos, Facultad tecnológica, Santiago, Chile
(2) Universidad de Santiago de Chile, Centro de estudios en Ciencia y tecnología de los alimentos (CECTA), Santiago, Chile

La fermentación vínica depende en gran medida de la capacidad de *Saccharomyces cerevisiae* para aprovechar eficientemente las fuentes de nitrógeno presentes en el mosto de uva, un recurso que puede ser limitado en condiciones naturales. La levadura ajusta su respuesta transcripcional y metabólica en función de la disponibilidad de nitrógeno, lo que impacta directamente en su crecimiento y en el desempeño fermentativo. Con el fin de identificar determinantes genéticos asociados a la adaptación a estas condiciones, se fenotipificaron 1011 cepas de *S. cerevisiae* y se realizó un análisis GWAS, identificando variantes en múltiples genes, entre los cuales se seleccionaron RRT5, PNP1 y PDR12 para validación experimental. Se realizaron validaciones funcionales en los genes y polimorfismos identificados con mutantes generadas por CRISPR-Cas9 y recombinación homóloga en la cepa vínica industrial T73 que confirmaron que estos genes influyen en parámetros clave como tiempo de latencia, tasa de duplicación y eficiencia de crecimiento, evaluados en condiciones de mosto natural con alto (MN170) y bajo nitrógeno (MN60); (i) en RRT5, el SNP 601A>C modificó significativamente la fase de latencia, confirmando su impacto en la adaptación inicial; (ii) en PNP1, tanto la deleción como la mutación puntual afectaron la eficiencia de crecimiento en MN170, sugiriendo un rol en el metabolismo de nucleótidos durante fermentación; y (iii) en PDR12, se observó que las mutaciones puntuales (2781 T>C y 4393 A>G) alteraron la tasa de crecimiento bajo limitación de nitrógeno, consistente con la función del transportador en la tolerancia a condiciones de estrés ácido y limitaciones nutricionales. En conjunto, estos hallazgos aportan evidencias de variantes alélicas para el mejoramiento de levaduras vínicas y diseño de cepas más eficientes en el aprovechamiento de las fuentes nitrogenadas, contribuyendo a la optimización del proceso fermentativo en la industria vitivinícola.

Keywords: *Saccharomyces cerevisiae*, FERMENTACIÓN, nitrógeno, GWAS, CRISPR-CAS9
Financing: ANID/Fondecyt 1250815, ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL 21241985.

"IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA DE LEVADURAS NO-*SACCHAROMYCES* AISLADAS DE LA RESERVA NACIONAL DE COYHAIQUE"

Gabriela Bañados Pangue[1,2,3,4,5,6], christian oporto[1,2,3,4,5,6], Loreto Carrasco[1,2,4,5], Francisco Cubillos Riffo[1,2,3,4,5,6]

(1) Bañados G. 1, 2, Oporto C.1, 2, Carrasco L.1 y Francisco C.1, 2
(2) 1.- Departamento de química y biología, Universidad de Santiago de Chile (USACH)
(3) 2.- Núcleo milenio del limite de la vida patagónica (LiLi)
(4) Bañados G. 1, Oporto C.1, 2, Carrasco L.1 y Francisco C.1, 2
(5) 1.- Facultad de Química y Bilogía, Universidad de Santiago de Chile (USACH)
(6) 2.- Núcleo milenio del limite de la vida patagónica (LiLi)

El estudio de la diversidad de levaduras silvestres se ha centrado históricamente en el género *Saccharomyces*, lo que ha generado un sesgo en el conocimiento disponible y ha dejado a las levaduras no-Saccharomyces o no convencionales escasamente exploradas, a pesar de su relevancia ecológica y sus notables adaptaciones a condiciones ambientales adversas. Los bosques templados del sur de Chile representan un escenario idóneo para abordar esta brecha, ya que presentan estaciones climáticas bien marcadas, gradientes altitudinales pronunciados, incluyendo el límite arbóreo. Este último corresponde a la máxima altura en la que crece la especie arbórea dominante, y representa un ambiente extremo para la sobrevivencia de levaduras. En este contexto, se analizaron 221 aislados de cortezas de Nothofagus pumilio provenientes de la Reserva Nacional de Coyhaique mediante amplificación del marcador molecular ITS tanto en el límite arbóreo, como 200 metros bajo el mismo. Al descartar los amplicones de 850 pb correspondientes a *Saccharomyces*, se identificaron 158 aislados (84%) como levaduras no convencionales. Su prevalencia varió según la altitud (límite y bajo límite arbóreo) y la estacionalidad (primavera temprana, primavera tardía y verano). Los índices de diversidad, como riqueza y Shannon, mostraron mayor diversidad en primavera temprana bajo el límite arbóreo, lo que sugiere un efecto de las condiciones microambientales en la coexistencia de taxones. Posteriormente, la secuenciación del marcador ITS de 40 aislados representativos permitió identificar ocho géneros, entre ellos *Candida y Lachancea*. Asimismo, se detectó *Ogataea neixiangensis*, previamente reportada en reservas naturales de China, lo que sugiere una distribución más amplia de levaduras no convencionales en ecosistemas templados poco intervenidos. En conjunto, estos resultados confirman la alta prevalencia y diversidad de levaduras no convencionales en ambientes naturales templados y destacan la importancia de su estudio para comprender los patrones de distribución microbiana en estos ecosistemas.

SHORT-TERM MICROBIAL COMMUNITY RESPONSES TO AN INTENSE SIMULATED PRECIPITATION PULSE IN THE HYPER-ARID ATACAMA DESERT SOIL

Antonia Beggs[1], María del Pilar Fernandez Murillo[1], Marlene Manzano[1], Cameron Wagg[2], Jean-Baptiste Ramond[3], Fernando Alfaro[1]

(1) Universidad Mayor, Centro GEMA - Genómica, Ecología & Medio Ambiente, Facultad de Ciencias, Camino La Pirámide 5750, Huechuraba, Santiago, Chile
(2) Agriculture and Agri-Food Canada, Fredericton, New Brunswick, Canada
(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Microbiología y Genética Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Marcoleta 49, Santiago, Santiago, Chile

Understanding how microbial communities from hyperarid environments respond to sporadic water availability is crucial for predicting ecosystem responses to unpredictable precipitation related to climate change. This study experimentally elucidates the immediate, short-term microbial strategies by contrasting the temporal dynamics of bacterial and fungal communities—at both taxonomic and functional levels—following a simulated precipitation pulse (50 mm) in soils from the hyperarid Atacama Desert. Using a microcosm experiment with time-structured sampling and high-throughput amplicon sequencing, we found that changes in soil properties after precipitation do not significantly influence microbial community composition. However, carbon dynamics exhibit significant variation. Actinobacteria and Proteobacteria dominated bacterial communities, exhibiting functional stability over time, which suggests high resilience. In contrast, fungal communities, primarily composed of Ascomycota, displayed greater temporal variation in both taxonomic and functional profiles, particularly during intermediate hydration stages. Notably, fungal functional richness increased despite a limited taxonomic change, indicating lower redundancy and, thus, potentially higher community fragility. Our findings highlight distinct microbial strategies for coping with hydration pulses in extreme drylands, underscoring the role of fungi in nutrient cycling, decomposition, and soil structure, while also revealing their increased vulnerability to environmental fluctuations. Our results reinforce the importance of microbial dynamics in maintaining ecosystem functioning in pulse-reserve systems under ongoing climatic changes.

Keywords: Atacama Desert, Microbial communities, Pulse precipitation, Functional resilience
Financing: Proyecto Fondecyt 1220358

TRANSCRIPTOMIC MODULATION OF *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* IN RESPONSE TO PSRU-379-INDUCED OXIDATIVE STRESS

Angélica Bravo Rozas[1], Scarlet Vallejos-Monroy[1], Matias Cuevas[1], Guadalupe Pizarro[2], Iván González[2], Marcelo Rivas-Astroza[3], Christian Palavecino Beaumont[1]

(1) Laboratorio de Microbiología Celular y Fotodinámica, Centro de Investigación en Ciencias Biomédicas Aplicadas, Centro de Investigación de Ingeniería en Materiales, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad Central de Chile.
(2) Departamento de Química, Facultad de Ciencias Naturales, Matemática y del Medio Ambiente, Universidad Tecnológica Metropolitana.
(3) Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias Naturales, Matemática y del Medio Ambiente, Universidad Tecnológica Metropolitana.

Background. One of the most pressing global threats to human health is the rise of multidrug-resistant (MDR) bacteria. Among these, MDR strains of *Klebsiella pneumoniae* are particularly concerning due to their clinical impact. Given the shortage of new antibiotics, antimicrobial photodynamic therapy (aPDT) has gained attention for treating MDR infections. aPDT involves photosensitizer compounds (PS) that, when activated by specific wavelengths, produce localized oxidative stress to kill pathogens. Although the molecular response of *K. pneumoniae* to aPDT is not yet fully understood, emerging evidence suggests that PS treatment changes gene expression related to oxidative stress response, DNA repair, and membrane integrity. This study aims to assess the transcriptional response of *K. pneumoniae* exposed to sublethal levels of a new ruthenium-based PS, PSRu-379. Past research showed that the minimum effective concentration (MEC) of PSRu-379, activated by blue light, is 3 µg/mL, and its antimicrobial mechanism involves producing singlet oxygen.

Methods. The transcriptional response of *K. pneumoniae* was assessed under the previously determined PSRu-379 MEC. RNA was extracted using TRI reagent. RT-qPCR targeting oxidative stress-related genes (*oxyR, sodA, rpoE, mrkD, acrB, and rmpA*) was performed using the 2-ΔCt method, comparing treated vs control conditions. Additionally, RNA-seq analysis was performed on samples treated compared with non-treated controls. Obtained RNA was sequenced and analyzed with OmicsBox (Transcriptomics Module), using the *K. pneumoniae* KPPR-1 reference genome (ATCC 43816; CP009208). Differentially expressed genes (DEGs) were further analyzed for functional enrichment using STRING (GO and KEGG pathways).
Results. RT-qPCR showed modulation of genes involved in oxidative stress response and cell envelope damage. RNA-seq analysis identified 110 upregulated genes, primarily related to energy and sulfur metabolism, and 61 downregulated genes, primarily associated with amino acid biosynthesis and ABC transporter activity.

Conclusion. Sublethal doses of PSRu-379 trigger adaptive transcriptional responses in *K. pneumoniae*, promoting general stress survival pathways while downregulating genes involved in pathogenicity.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, photodynamic therapy, transcriptomic response
Financing: FONDECYT grants: 1241555 (awarded to CEP), 1240357 (awarded to GCP), and 1230199 (awarded to IAG).

CARACTERIZACIÓN DE LAS VÍAS BIOSINTÉTICAS DEL ÁCIDO INDOLACÉTICO (IAA) EN *PARABURKHOLDERIA PHYTOFIRMANS* PSJN

Pascale Butron[1], Luciano Muñoz[1], Bernardo González[1]

(1) Universidad Adolfo Ibañez, Laboratorio de Bioingeniería, Ingeniería y Ciencias, Av. Diag. Las Torres 2640, Santiago, Chile

El cambio climático impone importantes desafíos en la agricultura actual, incrementando la frecuencia e intensidad de diversos factores de estrés abiótico, como la salinidad y la sequía, que reducen significativamente la productividad de los cultivos. Las bacterias rizosféricas promotoras del crecimiento vegetal (PGPR), como *Paraburkholderia phytofirmans* PsJN, representan una alternativa prometedora para mitigar estos efectos. Esta cepa es capaz de modular el equilibrio de auxinas, en particular mediante la síntesis y degradación de ácido indolacético (IAA), una fitohormona esencial en procesos clave del desarrollo vegetal, como la elongación celular, la diferenciación de tejidos y respuesta ante estímulos ambientales.

Este estudio busca caracterizar las vías de síntesis de IAA dependientes del triptófano en *P. phytofirmans* PsJN mediante un enfoque combinado de análisis genómico, transcriptómico y elaboración de mutantes. Se emplearon herramientas bioinformáticas para identificar genes candidatos a través de comparaciones y alineamientos múltiples de secuencias, seguidos de la generación de mutantes por interrupción génica para determinar cúales genes se encuentran funcionalmente activos en la producción de IAA y evaluar su contribución relativa frente a la cepa silvestre.

Los resultados del análisis transcriptómico y bioinformático indican la presencia de múltiples genes asociados a enzimas clave involucradas en diversas rutas de síntesis de IAA, lo que sugiere la existencia de redundancia funcional que podría explicar la capacidad de PsJN para mantener la producción de auxina incluso cuando algunas rutas metabólicas son interrumpidas. Esta característica estaría directamente relacionada con su eficacia en la promoción del crecimiento vegetal.

Este estudio amplía la comprensión sobre las importantes interacciones planta-bacteria que sustentan la capacidad de las PGPR para favorecer el desarrollo y bienestar de las plantas. Además, revela los mecanismos moleculares específicos que posee PsJN para la producción de fitohormonas, proporcionando información clave para futuras aplicaciones biotecnológicas en estrategias de agricultura sostenible orientadas a incrementar la resiliencia de los cultivos, especialmente bajo condiciones de estrés.

Keywords: Cambio climático, IAA, PGPR, *Paraburkholderia phytofirmans* PsJN
Financing: Fondecyt regular 1230472, CAPES
Acknowledgments: CAPES, Fondecyt

EFFECT OF HIGH OSMOLARITY ON THE INCORPORATION OF SOPB INTO SALMONELLA TYPHI OMVS AND THEIR ANTI-APOPTOTIC ACTIVITY IN EPITHELIAL CELLS.

Adriana Bértolo Fernández[1], Ignacio Fuentes[1], Juan A. Fuentes[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratorio Genética y Patogénesis Bacteriana, Centro de Investigación de Resiliencia a Pandemias, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

Introduction. Outer membrane vesicles (OMVs) are spherical structures secreted by Gram-negative bacteria, that serve as important vehicles for transporting bacterial molecules, including virulence factors, to host cells. These OMVs play an important role in bacterial survival and pathogenesis by modulating host immune responses and facilitating infection. Salmonella enterica serovar Typhi responds to high osmolarity by utilizing the type III secretion system (T3SS) to secrete effectors such as SopB, which is known to inhibit apoptosis in epithelial cells, thereby manipulating host cell processes to favor a suitable environment for infection. However, the influence of environmental factors such as osmolarity on the incorporation of SopB into OMVs remains poorly understood. Uncovering how this stress modulates OMV cargo composition could reveal key regulatory mechanisms involved in virulence.

Objective. This study examines whether high osmolarity influences the incorporation of SopB into outer membrane vesicles and its subsequent delivery and biological activity in epithelial cells.

Results and conclusion. Using FLAG-tagged strains of S. Typhi, we first assessed the presence of SopB in OMVs produced under low and high osmolarity conditions by Western blot and found that SopB was enriched in OMVs under high osmolarity. To evaluate delivery to epithelial cells, we performed immunofluorescence assays, which confirmed that SopB was effectively internalized. Finally, to study the anti-apoptotic effect, flow cytometry using apoptotic and necrotic markers demonstrated that delivered SopB retain its ability to inhibit apoptosis in epithelial cells.

Keywords: OMVs, Salmonella Typhi, SopB, Apoptosis

COMPARACIÓN DE SUSCEPTIBILIDAD BACTERIANA Y CAMBIOS MORFOLÓGICOS EN BIOPELÍCULAS DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* FRENTE A TERAPIAS ANTIBIÓTICAS

Sofía Cabezón Leighton[1], Karen Moreno[2], María Paz Durán[2], Jaime Figueroa Valverde[2]

(1) Universidad Austral de Chile, Programa Honor en Investigación de la Facultad de Medicina, Facultad de Medicina, Edificio Ciencias Médicas, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile
(2) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Edificio Ciencias II, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile

Pseudomonas aeruginosa es un bacilo Gram negativo que se caracteriza por formar biofilm. Es un patógeno oportunista de gran relevancia clínica a nivel mundial, puesto que, en 2017, la OMS lo reconoció como patógeno prioritario para la investigación. En Chile también es importante, en 2004, fue el microorganismo más aislado en neumonías nosocomiales en Unidad de Cuidados Intensivos pediátricas (30,6%). Este estudio nos permite observar que *Pseudomonas aeruginosa* cambia su comportamiento al momento de formar biofilm en presencia de distintos antibióticos, información clave para el futuro desarrollo de estrategias terapéuticas que eviten la persistencia bacteriana en infecciones intrahospitalarias.

El presente estudio tuvo como objetivo comparar la susceptibilidad bacteriana y cambios morfológicos en biopelículas de *P. aeruginosa* frente a los antibióticos Cotrimoxazol y Trimetoprima en concentraciones indicadas por el Comité Europeo de Evaluación de la Sensibilidad Antimicrobiana (EUCAST). Se eligieron estos antibióticos por ser un tratamiento rutinario de uso hospitalario y estaban presentes las Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) en EUCAST. Con ambos antibióticos se determinó la CMI y el efecto de la concentración de los antibióticos en la formación de biofilm. Además, se buscó comparar dentro del mismo biofilm el comportamiento de bacterias sésiles y planctónicas. Finalmente, se evaluó los cambios morfológicos de las biopelículas expuestas a los antibióticos mediante microscopía electrónica de barrido (SEM).

Los resultados obtenidos evidencian que *P. aeruginosa* presenta resistencia frente a Trimetoprima y Cotrimoxazol, aun cuando las concentraciones ensayadas se encontraban dentro de los valores de CMI de referencia (64 µg/mL para Trimetoprima y 8 µg/mL para Cotrimoxazol). Sin embargo, la comparación de los valores de densidad óptica (OD) entre ambos tratamientos muestra diferencias en el crecimiento bacteriano, lo que sugiere menor susceptibilidad a Trimetoprima que a Cotrimoxazol. Además, se hicieron ensayos para observar exclusivamente el biofilm, y los cambios morfológicos de la biopelícula, sugiriendo que la formación de biopelículas aumenta la capacidad de resistencia a antibióticos porque generan una estructura de exopolisacáridos, los cuales, forman una barrera física para los antibióticos y permiten la sobrevida bacteriana.

Keywords: Biofilm, Concentración mínima inhibitoria, Microscopía Electrónica de Barrido, Susceptibilidad bacteriana, *Pseudomonas aeruginosa*
Financing: (Sponsored by Facultad de Medicina UACh and INCAR UACh)

Acknowledgments: Agradezco al Dr. Jaime Figueroa, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Laboratorio de Microbiología de Peces, Programa Honor en Investigación, Facultad de Medicina, a mis padres y compañeras de laboratorio por su apoyo incondicional en este trabajo.

SALMONELLA Y ENTEROBACTERALES MULTIRRESISTENTES EN AVES SILVESTRES DEL HUMEDAL RÍO LLUTA EN EL NORTE DE CHILE

Vivien Cadet-Arenas[1], Maximiliano Mora-Miranda[2], Pedro Jimenez-Bluhm[1], Andrea Moreno-Switt[1]

(1) Escuela de Medicina Veterinaria, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile
(2) Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

Introducción:
Las aves silvestres son capaces de dispersar patógenos multirresistentes generando riesgos para la salud de la fauna y los humanos. Dada la limitada información epidemiológica e impacto en salud pública, este estudio buscó determinar la presencia y características de Salmonella y Enterobacterales fermentadoras de lactosa en aves del humedal Río Lluta, evaluando su rol en la diseminación de cepas resistentes a los antimicrobianos.

Metodología:
Se recolectaron 186 muestras de heces de aves migratorias en el Humedal Río Lluta en el norte de Chile, en dos muestreos: septiembre de 2024 y enero de 2025. Todas las muestras fueron enriquecidas en agua peptonada. La selección de Salmonella se realizó en caldo RV y agar XLT4; y para los Enterobacterales, se seleccionaron colonias fermentadoras de lactosa, obtenidas en agar MacConkey suplementado con 2 µg/mL de Ceftazidima. Mediante PCR se confirmaron las cepas de Salmonella y se detectaron genes de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) en las bacterias fermentadoras de lactosa. Adicionalmente, se realizaron pruebas de susceptibilidad antimicrobiana con el sistema Sensititre para 14 antibióticos a todas las cepas aisladas y para 10 cepas seleccionadas se evaluó la producción de BLEE mediante sensidiscos. Junto con esto, se secuenció mediante WGS cepas de Salmonella seleccionadas.

Resultados:
Se aislaron 32 fermentadoras de lactosa con BLEE tipo CTX-M y TEM. Se confirmaron 12 cepas de Salmonella, de las cuales 5 son del serotipo Infantis. La susceptibilidad antimicrobiana de fermentadoras de lactosa identificó alta frecuencia de resistencia a cefalosporinas (75%) y colistina (31%). En aislados de Salmonella, destacó la alta frecuencia de resistencia en el serotipo Infantis, presentando resistencia a la colistina en 2 aislados (17%). Adicionalmente, se secuenciaron 8 cepas de Salmonella, a partir de las cuales se armó un árbol filogenético, donde podemos observar una similitud genética entre las 5 cepas aisladas y los demás genomas analizados, donde la mayoría pertenece al HC20 “343”.

Conclusión:
Estos hallazgos destacan el papel de la fauna silvestre en la epidemiología de la resistencia antimicrobiana, esencial para desarrollar estrategias de “Una Salud” y mitigar riesgos en ecosistemas y salud pública.

Keywords: aves silvestres, Salmonella, Enterobacterias, resistencia antimicrobiana, One Health
Financing: FONDECYT REGULAR 1231082.
Acknowledgments: Mis agradecimientos al laboratorio BaFoP de la Escuela de Medicina Veterinaria de la PUC y mis agradecimientos a Natalia Guzmán y Cristóbal Oyarzún, del laboratorio del Dr. Pedro

ESTUDIO DEL EFECTO DEL OXÍGENO EN LA PRODUCCIÓN DE ÁCIDO LÁCTICO EN *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* A NIVEL DE BIORREACTOR

Laura Camesasca[1], Silvia Batista[2], Claudia Lareo[1]

(1) Departamento de Ingeniería Bioquímica, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay
(2) Unidad de Microbiología Molecular-BIOGEM, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay

El ácido láctico (LA) es un compuesto de gran versatilidad y utilidad a nivel industrial, que puede ser producido mediante fermentaciones microbianas. Comparado con el uso de bacterias como organismo productor, las levaduras poseen una mayor tolerancia a la acidez y menores requerimientos nutricionales. Sin embargo, es necesaria la modificación genética de la levadura para incrementar la producción de LA. Dentro de las modificaciones necesarias se encuentra la eliminación de genes vinculados a la producción de etanol y la incorporación de genes de LDH (lactato deshidrogenasa) eficientes. Por otro lado, se conoce que otros factores, como la composición del medio y la concentración de O_2 disuelto disponible pueden afectar el rendimiento de la producción de LA.

En este trabajo se utilizó la levadura *Saccharomyces cerevisiae* (BY4741), portando los genes PDC1 y ADH1 silenciados y expresando un gen de LDH bovino en un plásmido de alto número de copias. En estudios previos llevados a cabo a nivel de matraces, se observó un incremento en los niveles de producción de LA en condiciones con mayores concentraciones de O_2 disuelto. Esto puede deberse a que el transporte de LA conlleva un gasto energético para la célula. Por lo tanto, condiciones microaerobias o aerobias podrían facilitar el transporte del ácido y de esta forma favorecer su producción. Para estudiar la influencia del O_2 en la producción de LA, se realizaron fermentaciones a nivel de biorreactor de laboratorio variando las condiciones de oxigenación (condiciones de saturación de O_2 de 0 a 40 %). Se utilizó medio mínimo o medio complejo, así como la adición de pulsos de fuente de carbono. El nivel de producción más alto de LA fue 14,7 g/L en la condición de mayor oxigenación, con suministro de pulsos de glucosa.

Los resultados obtenidos permiten concluir que, si bien no se constata un rol directo del O_2 sobre la producción de LA, condiciones más aerobias favorecerían su producción, así como también disminuirían la producción de subproductos como el etanol, ácido acético y glicerol.

Keywords: *Saccharomyces cerevisiae*, oxigeno disuelto, biorreactor, cido láctico

IMPLEMENTACIÓN Y OPTIMIZACIÓN DE LA TÉCNICA FLUORESCENCE IN SITU HYBRIDIZATION (FISH) EN MUESTRAS AMBIENTALES HIPERSALINAS DEL SALAR DE ATACAMA

Tamara Campillay[1], Priscilla Avendaño[1], Cinthya Tebes-Cayo[1], Cecilia Demergasso[1]

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

El Salar de Atacama constituye un ambiente extremo único, caracterizado por su alta salinidad, intensa radiación solar, limitada disponibilidad de nutrientes y agua, además de la presencia de arsénico y otros aportes del ambiente volcánico. Estas condiciones han favorecido el desarrollo de comunidades microbianas altamente especializadas, cuyo estudio es clave para comprender los mecanismos de adaptación y resiliencia en ecosistemas hipersalinos. En este contexto, la técnica de hibridación in situ con sondas fluorescentes representa una herramienta valiosa, ya que permite identificar y visualizar microorganismos directamente en su ambiente natural, aportando información esencial sobre su diversidad, morfología, actividad y organización espacial respecto de otros microorganismos y/o sustratos.

En este trabajo se realizó la implementación y optimización de la técnica FISH utilizando sonda de arquea (ARCH915) y de bacteria (EuB338) en muestras ambientales hipersalinas del Salar de Atacama. Se analizaron distintas condiciones experimentales para optimizar los resultados: con ARCH915 se evaluó principalmente la concentración de formamida en el buffer de hibridación (25% y 35%) y el tipo de preparación de la muestra (diluida y concentrada). Con EUB338 se evaluaron parámetros, como la concentración de sonda (1-2 µM), tiempo de incubación de la sonda (2 horas/ toda la noche), uso de solución de bloqueo y tiempo de exposición (1-2 horas).

Las pruebas realizadas permitieron ajustar la metodología FISH a las condiciones hipersalinas, reducir la autofluorescencia, mejorar la intensidad de la señal y la especificidad de hibridación. Se obtuvieron resultados reproducibles, y consistentes a los alcanzados mediante qPCR, lo que confirma la robustez del protocolo. Estos hallazgos consolidan a FISH como una herramienta capaz de visualizar, identificar y cuantificar directamente las comunidades microbianas en su contexto espacial, aportando un valor único para el estudio de ecosistemas extremos. Como proyección, se está trabajando en la optimización de una sonda diseñada para Alphaproteobacteria, con el fin de ampliar la aplicación de FISH hacia grupos microbianos específicos y profundizar en el estudio de actores microbianos claves en ambientes hipersalinos.

Keywords: Fluorescent in situ Hybridization (FISH), Salar de Atacama, comunidades microbianas, ambientes hipersalinos
Acknowledgments: Proyecto Fondecyt 1231507, SQM Litio.

EFECTO DE LA CONCENTRACIÓN DE *PARABURKHOLDERIA PHYTOFIRMANS* PSJN EN EL DESARROLLO DE *ARABIDOPSIS THALIANA*

Angela Cantillo González[1,2], Felipe Maturana[1,2], Bernardo González[1,2]

(1) Universidad Adolfo Ibañez, Laboratorio de Bioingeniería, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Santiago, Chile
(2) Center of Applied Ecology & Sustainability (CAPES), Santiago, Chile

Paraburkholderia phytofirmans cepa PsJN es una bacteria clasificada como Promotora de Crecimiento Vegetal que se encuentra tanto en la rizosfera como dentro de los tejidos de las plantas. Esta cepa no solo puede estimular el crecimiento de diversas especies, incluyendo tomate (*Lycopersicon esculentum* L.) y *Arabidopsis thaliana*, sino que también contribuye a mejorar la tolerancia de las plantas en condiciones de estrés, lo que la convierte en un recurso valioso para la agricultura. No obstante, el impacto de la concentración de inoculación de *P. phytofirmans* PsJN en el crecimiento vegetal ha sido poco explorado. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de diferentes concentraciones de la cepa PsJN sobre el crecimiento de A. thaliana en ensayos realizados en placa Petri con medio de cultivo y en sustrato definido. Para los ensayos en placas, semillas estériles se sembraron en medio Murashige y Skoog (MS) ½ con sacarosa durante 4 días. Las plantas fueron transferidas a un nuevo medio sin sacarosa e inoculadas con la cepa PsJN a diferentes concentraciones. Para los ensayos en sustrato, las semillas estériles se sembraron en maceteros con sustrato de turba-perlita-vermiculita. El día de siembra, los maceteros se inocularon con la cepa PsJN en diferentes concentraciones. Como control, se sembraron semillas en las mismas condiciones sin inoculación de la bacteria. Al final de los ensayos se tomaron datos del peso fresco, seco y del área de la roseta. Los resultados en los ensayos de placas mostraron que inocular *A. thaliana* con PsJN en bajas concentraciones genera una leve diferencia en el crecimiento de las plantas, sin observar un cambio significativo, e incluso en algunos parámetros, mostraron un efecto negativo. En el caso de los ensayos en sustrato, la inoculación con la cepa PsJN, en las diferentes concentraciones, mostró efectos negativos en los parámetros evaluados. Estos resultados sugieren que la complejidad de la matriz y la concentración del inóculo constituyen un factor determinante en la capacidad de promoción del crecimiento vegetal. Este estudio se complementará con análisis microbianos para revelar cómo la concentración del inóculo modula la composición microbiana y su relación con los resultados obtenidos.

Keywords: Promotora de Crecimiento Vegetal (PGPR), *Arabidopsis thaliana*, microbioma
Financing: Este trabajo fue financiado por el proyecto FONDECYT 1230472 y Center ofApplied Ecology and Sustainability (CAPES). ANID PIA/BASAL AFB240003.

ANÁLISIS GENÓMICO DE BACTERIAS DEGRADANTES DE PET AISLADAS DE DIFERENTES FUENTES TERMALES ENCONTRADAS EN LA REGIÓN DE CAJAMARCA, PERÚ

Marco A. Rivera-Jacinto[2], Claudia Rodriguez-Ulloa[2], Sara R. Briones-Ramírez[2], Betsy Quispe-Cruz2, Sandra Carrasco-Tarrillo[2], Juan Pablo Cardenas[1]

(1) Universidad Mayor, Centro de Genómica y Bioinformática, Huechuraba, Santiago, Chile
(2) Universidad Nacional de Cajamarca, Laboratorio de Microbiología, Departamento de Ciencias Biológicas, Cajamarca, Peru

La contaminación por plásticos representa uno de los principales problemas ambientales a nivel mundial, debido a que su degradación en el ambiente es extremadamente lenta. En especial, la degradación de derivados del tereftalato de polietileno (PET) representa un importante desafío para la investigación biotecnológica, debido a su persistencia y resistencia a la degradación física-mecánica; además, en los últimos años, la literatura reporta cada vez con más frecuencia la existencia de enzimas conocidas como hidrolasas de PET.

En este estudio, presentamos el análisis genómico de un set de 4 genomas bacterianos completos, provenientes de aislados obtenidos de dos zonas termales de la Región de Cajamarca, Perú. Estos aislados fueron obtenidos mediante cultivos convencionales (temperatura de crecimiento promedio: 55 °C, pH promedio: 6.6) y su capacidad de degradación de PET fue evaluada sobre agar mínimo de sales con PET como única fuente carbonada y la visualización de halos de degradación; el ADN genómico de las bacterias fue purificado y enviado a secuenciación en plataformas Illumina y Nanopore. El genoma fue ensamblado de manera híbrida (usando Unicycler) y pulido para mejorar la calidad del ensamblaje (usando Pilon). Los genomas completos de las cepas fueron anotados para la búsqueda de esterasas, carboxiesterasas, lipasas, cutinasas y otras enzimas especializadas como PETasas y MHETasas, conocidas por estar involucradas en la degradación biológica de PET. Las propiedades taxonómicas y de calidad de los ensamblados fueron evaluados con GTDBtk y CheckM2, respectivamente.

Los resultados sugieren que dos aislamientos pertenecen a la especie Bacillus licheniformis, una a *Neobacillus thermocopriae* y una a *Brevibacillus agri*. Todos los aislamientos poseen al menos dos genes asociados con posibles PETasas, incluyendo proteínas similares a las encontradas en modelos degradadores de PET como *Ideonella sakaiensis*. Análisis funcionales sugirieron que estas cepas poseen un amplio repertorio de esterasas y carboxilesterasas. El perfil de enzimas activas de carbohidratos sugirió que las cepas anteriormente mencionadas exhiben propiedades que se relacionarían con su capacidad de degradación de plásticos tipo PET. Esto confirma el potencial microbiano obtenido de sitios geotermales como minas de enzimas de mucha utilidad y potencial biotecnológico poco explorado.
Keywords: genómica, PET, degradacion, sitios termales, Peru

Financing: Este trabajo fue subvencionado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA

(Perú) en el marco del concurso “Proyectos de Investigación Básica - E041-2024-03”, según contrato Nº PE501088097-2024-PROCIENCIA.
Acknowledgments: Los recursos computacionales fueron provistos parcialmente por el CGB de la Universidad Mayor (Chile).

EFECTO DE LA INTERACCIÓN PLANTA-LEVADURA MEDIADA POR LA EMISIÓN DE VOCS EN LA MODULACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE TRANSPORTADORE DE NITRÓGENO EN PLANTAS DE TOMATE.

Mariajose Carvajal Contardo[1], Daniela Catrileo[1], Francisco Albornoz[2], Marlene Gebauer[2], Liliana Godoy[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Fruticultura y Enología, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Avenida Vicuña Mackenna 4860, Macul., Santiago, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Agonomía y Sistemas Naturales, Avenida Vicuña Mackenna 4860, Macul., Santiago, Chile

Los microorganismos benéficos pueden alterar la arquitectura radicular de las plantas mediante diversos mecanismos, principalmente asociados a la síntesis de hormonas vegetales. No obstante, el potencial bioestimulante de los compuestos orgánicos volátiles (VOCs) microbianos ha sido menos estudiado, especialmente en levaduras del suelo. Este trabajo tuvo como objetivo investigar la producción de VOCs por *Solicoccozyma terrea* y su efecto sobre el desarrollo radicular en plantas de tomate. Se realizó un experimento con plántulas de tomate expuestas a los VOCs emitidos por *S. terrea*, evaluando cuatro tratamientos: plántulas sin exposición (T), inóculo de *S. terrea* sin plántulas (St), plántulas expuestas a los VOCs del inóculo (TSt) y un control sin plántulas ni inóculo (C). La morfología radicular fue analizada en cada caso. Los VOCs se identificaron mediante cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (GC–MS). En un segundo experimento, se evaluó la respuesta de las plántulas y la expresión de transportadores de nitrato en raíces frente a tres compuestos específicos detectados en el primer análisis, bajo condiciones de baja y alta disponibilidad de nitrógeno. Se identificaron 57 VOCs, de los cuales tres, alcohol isopropílico, 2-pentilfurano y trans-1,3-pentadieno, estuvieron presentes exclusivamente en el tratamiento TSt. Estos compuestos estimularon la formación de raíces laterales, incrementaron el volumen radicular y promovieron la expresión de los transportadores de nitrato NRT1.2, NRT2.1 y NRT2.3 en condiciones de deficiencia de nitrógeno. Este estudio aporta, por primera vez, evidencia de que una levadura de suelo como *S. terrea* puede inducir el desarrollo radicular en tomate mediante la emisión de VOCs, y que ciertos compuestos volátiles específicos modulan la expresión de genes relacionados con la absorción de nitrato.

Keywords: *Solicoccozyma terrea*, Levadura bioestimulante, VOCs, Plant Growth Promotion Microorganism
Financing: Proyecto CORFO23-CVC245655

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS TOLERANTES A METALES TÓXICOS, AISLADAS DESDE EL SALAR DE HUASCO, DESIERTO DE ATACAMA. CHILE

Natanael Castillo Pérez[1], Victor Hernadez[2], Paulina Aguayo[1,4], Victor Guzman-.Fierro[3], Victor Campos[1]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario S/N, Concepcion
(2) Universidad de Concepcion, Departamento de Botanica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Barrio Universitario S/N, Concepcion, Chile
(3) Universidad de Concepcion, Departamento de Materiales, Facultad de Ingenieria, Barrio Universitario S/N, Concepcion, Chile
(4) Universidad de Concepcion, Departamentos de Sistemas Acuáticos, Facultad de Ciencias Ambientales, Barrio Universitario S/N, Concepcion, Chile

Los humedales andinos de altitud en el Desierto de Atacama (Chile), incluidos los salares como el Salar de Huasco, constituyen ecosistemas excepcionales caracterizados por una gran variabilidad en las condiciones físico-químicas, las cuales a menudo se combinan con altas concentraciones de compuestos metálicos tóxicos. Los microorganismos que habitan estos ambientes extremos han desarrollado diversas estrategias adaptativas para hacer frente a estos estreses, lo que les otorga un notable potencial para aplicaciones biotecnológicas. En este estudio, se investigó la composición de la comunidad bacteriana presente en los sedimentos del Salar de Huasco mediante secuenciación de alto rendimiento usando Illumina NGS. Además, se aislaron cepas bacterianas capaces de tolerar altas concentraciones de compuestos tóxicos con aplicaciones industriales. Los grupos taxonómicos dominantes (con una abundancia ≥1%) fueron las phyla Proteobacteria(principalmente Delta- y Alfa-Gamma-proteobacteria), Bacteroidetes, Firmicutes, Acidobacteria, Spirochaetes, Deinococcus-Thermus, Gemmatimonadetes y Verrucomicrobia. Se aislaron tres cepas bacterianas, identificadas preliminarmente como *Actinomyces* sp. ACT, *Pseudomonas* sp. H8, *Acidobacterium* HVN y *Flavobacterium* H7. Los análisis de resistencia a metales demostraron que estas cepas eran capaces de tolerar al menos 1 mM de Pb, As, Cu y Ni. Además, mostraron resistencia a concentraciones de hasta 1000 mM de LiCl. La capacidad de las cuatro cepas bacterianas, aisladas del Salar de Huasco, para tolerar metales, sugiere su posible aplicación en biotecnología, especialmente en la bioremediación de metales tóxicos.

Keywords: Litio, Salar Huasco, Arsenico, Metagenomica, metales pasados
Financing: Fondecyt Regular 1251397
Acknowledgments: Laboratorio de Microscopía Electrónica del CESM-UdeC

CONSERVACIÓN A CORTO PLAZO DEL SEMEN CANINO A 5 °C COMO ESTRATEGIA DE REDUCCIÓN DE USO DE ANTIBIÓTICOS

Macarena Castro[1], Felipe Pezo[2], María José Contreras[3]

(1) Doctorado en Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Universidad Autónoma de Chile.
(2) Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile
(3) Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Universidad Autónoma de Chile, Temuco 4810101, Chile.

El uso de profiláctico de antibióticos en el almacenamiento de semen destinado a biotecnologías reproductivas, como la inseminación artificial, es una práctica común pero controvertida, debido a su posible contribución al desarrollo de resistencia bacteriana. En este contexto, surge la necesidad de desarrollar alternativas sostenibles que permitan conservar la calidad espermática sin recurrir a antimicrobianos. El presente estudio tuvo como objetivo evaluar la viabilidad del medio Tris-yema de huevo al 20 % sin antibióticos para el almacenamiento a corto plazo de semen canino refrigerado a 5 °C, analizando parámetros clave de calidad espermática. Se recolectaron ocho eyaculados de perros de distintas razas, los cuales fueron divididos en dos alícuotas. Cada una se diluyó en Tris-yema de huevo al 20 %, con y sin adición de gentamicina (grupo control y tratamiento, respectivamente), y se almacenaron a 5 °C. Las muestras se evaluaron a las 0, 24 y 48 horas, considerando los siguientes parámetros: motilidad espermática, integridad de la membrana plasmática, integridad del acrosoma, estrés oxidativo intracelular y potencial de membrana mitocondrial. Los resultados indicaron que no hubo diferencias significativas entre ambos tratamientos en la mayoría de los parámetros evaluados durante las 48 horas de almacenamiento. Sin embargo, el tiempo de refrigeración tuvo un efecto negativo progresivo en la integridad de la membrana plasmática, la integridad acrosomal y el potencial mitocondrial, mientras que el estrés oxidativo intracelular mostró un leve incremento, más pronunciado en las muestras sin antibióticos. A pesar de ello, las diferencias no comprometieron la viabilidad funcional del esperma. Estos hallazgos sugieren que el uso del diluyente Tris-yema de huevo sin antibióticos es una alternativa eficaz y segura para el almacenamiento a corto plazo de semen canino, preservando su calidad funcional durante al menos 48 horas a 5 °C. Esta estrategia representa un enfoque sostenible y responsable en la reproducción asistida, al reducir el uso innecesario de antibióticos y contribuir a mitigar el riesgo de resistencia antimicrobiana.

Keywords: Espermatozoide, Antibióticos, Refrigeración, Tris-yema, Calidad espermática
Financing: FONDECYT INICIACION [11240632]

PREDICCIÓN IN-SILICO DE DOMINIOS TRANSMEMBRANA Y SEÑALES DE TRANSLOCACIÓN EN ENZIMAS DE SISTEMAS DE RESTRICCIÓN-MODIFICACIÓN: EVIDENCIA DE UNA ADN-METILTRANSFERASAS ORIENTADAS HACIA EL PERIPLASMA

Gustavo Castro Toro[1,2], Pedro Sepúlveda Rebolledo[1], Francisco Issota[1,5], Raúl Araya[3], Raquel Quatrini[4]

(1) CCTE Ciencia y Vida, Fundación Ciencia y Vida, Santiago Chile
(2) Programa de Doctorado en Inmunologia y Microbiologia, Facultad de Medicina, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile
(3) Universidad San Sebastián, Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Diseño, Santiago, Chile
(4) Universidad San Sebastián, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile.
(5) Departamento Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica, Santiago, Chile.

Los sistemas de restricción y modificación (R-M) constituyen uno de los mecanismos de defensa frente a ADN foráneo más extendidos en bacterias. Estos complejos combinan actividades endonucleasa y metiltransferasa, permitiendo discriminar entre el ADN propio y el extraño mediante reconocimiento y modificación de secuencias cortas específicas, actuando principalmente en el citoplasma. Sin embargo, reportes recientes han descrito nucleasas con señales de translocación que actúan extracelularmente (ej. en biofilms), lo que sugiere que variantes o componentes puntuales podrían desempeñar funciones extracitoplasmáticamente. Este escenario plantea la necesidad de explorar sistemáticamente la localización subcelular de las enzimas R-M y sus posibles adaptaciones estructurales, con el fin de identificar variantes asociadas a membrana o con potencial actividad extracitoplasmática.

Con tal fin, en este trabajo se analizaron 345.508 secuencias proteicas de sistemas R-M de REBASE clasificadas en subtipos, empleando herrarimentas bioinformáticas dedicadas (e.g. TMHMM, SignalP 5.0 y 6.0). Los resultados revelaron la presencia de dominios transmembrana putativos en aproximadamente el 1% de las enzimas evaluadas, además un 10 % de enzimas de R-M presentan señales de translocación putativa. Entre los hallazgos más relevantes destaca la identificación de dominios transmembrana en ADN metiltransferasas de sistemas tipo II. Según las predicciones, este tipo de enzima tendría su dominio catalítico orientado hacia el periplasma y una secuencia N-terminal con un 40 % de similitud a señales de translocación. La orientación de estas enzimas hacia el espacio periplásmico sugiere un papel potencialmente novedoso y relevante que podría ampliar la acción de los sistemas R-M más allá de su función clásica como primera línea de defensa a nivel citoplasmático. Profundizar en la caracterización computacional y experimental de estas proteínas será determinante para ampliar el conocimiento sobre la diversidad funcional de los sistemas R-M y sus implicaciones tanto en la interacción bacteria-entorno como en posibles aplicaciones biotecnológicas.

Keywords: Inmunidad Microbiana endonucleasas ADN-metiltransferasas membrana

Financing: ANID/Fondecyt 1221035ANID/BASAL/FB210008VRID/USS/BECAS/DOCTORADO NACIONAL (G.C-T. 80015086)
Acknowledgments: Acknowledgments: ANID/Fondecyt 1221035, ANID/BASAL/FB210008; VRID/USS/BECAS/DOCTORADO NACIONAL (G.C-T. 80015086)

DETERMINACIÓN DEL INGRESO DE *HELICOBACTER PYLORI* J99 A *CANDIDA ALBICANS* 90028 INDUCIDO POR ESTRÉS OXIDATIVO

Patricia Alejandra Cea Núñez[1], Javiera Contreras[1], Joaquín Olivares[1], Sara Durán[1], Kimberly Sánchez[1], Apolinaria García[1]

(1) Universidad de Concepción, Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

Helicobacter pylori es una bacteria Gram negativa, microaerofílica, intracelular facultativa y con altos requerimientos nutricionales para su cultivo. *Candida albicans* es un hongo diploide, polimórfico, que tiene la capacidad de adaptarse a diferentes condiciones ambientales. La interacción entre ambos microorganismos se puede dar porque pueden coexistir en diversas regiones anatómicas, como en la cavidad oral, gastrointestinal y genital de los seres humanos. Además, se ha observado que *H. pylori* es capaz de ingresar a *C. albicans,* específicamente a su vacuola, cuando se encuentra sometida a condiciones ambientales estresantes, lo que sugiere que la levadura podría actuar como vector de transmisión de la bacteria. El objetivo general de este estudio es: "Determinar el ingreso de *H. pylori* J99 a *C. albicans* 90028 inducido por estrés oxidativo". Metodología: Se realizaron ensayos de estrés oxidativo en condiciones de anaerobiosis, aerobiosis y microaerobiosis (control), utilizando microscopia óptica (MO) y realizando puntos de observación a las 0, 1, 3, 6, 12, 24 y 48h; se observaron levaduras portadoras de cuerpos similares a bacterias (Y-BLB) y se cuantificaron mediante análisis estadísticos (ANOVA- de doble vía, Tukey). La detección e identificación de *H. pylori* al interior de la vacuola de *C. albicans* se realizó mediante técnicas como PCR convencional, microscopia electrónica de barrido (SEM) y microscopia electrónica de transmisión (TEM). Resultados: En todas las condiciones de estrés oxidativo estudiadas existe ingreso bacteriano, esto se pudo evidenciar mediante PCR, MO, MET. Mediante MEB se evidenció el desarrollo de hifas por parte de *C.albicans* y la capacidad de formación de biopelículas entre ambos microorganismos. Conclusión: La internalización de H. pylori J99 en *C. albicans* 90028 depende tanto de la concentración de oxígeno como del tiempo de incubación, siendo la condición anaeróbica la que presenta un mayor ingreso, con diferencia estadística significativa ($p<0,0001$) respecto a las otras condiciones. Por lo que se concluye que la falta de oxígeno potencia la endosimbiosis entre ambos microorganismos.

Financing: Proyecto Fondecyt Nº 1241988

EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD INFECTIVA DE BACTERIÓFAGOS CONTRA MÚLTIPLES BACTERIAS DEL COMPLEJO *PSEUDOMONAS SYRINGAE* CAUSANTES DEL CÁNCER BACTERIANO DEL CEREZO (PRUNUS CERASUS) I

Uriel Chulak[1], Mauricio Nùñez[1], Ninoska Rojas[1], Jorge Araya[1], Daniela Santic[1], Paulina Pimentel[1], Catalina Mèndez[1], Carolina Yañez[1], Roberto Bastìas[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaiso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida universidad 330, Valparaiso, Chile

El complejo bacteriano *Pseudomonas syringae* agrupa múltiples especies fitopatógenas responsables del cancro bacteriano del cerezo (*Prunus cerasus*), entre las que destacan *P. syringae* pv. syringae (Pss), *P. syringae* pv. morsprunorum (Psm) y *P. viridiflava* (Pv). La creciente aparición de aislados resistentes a compuestos a base de cobre, tratamiento más utilizado para el control de estas infecciones, ha impulsado la búsqueda de alternativas innovadoras, entre las cuales los bacteriófagos se perfilan como herramientas prometedoras para el manejo de fitopatógenos. No obstante, aún se desconoce si su infectividad se mantiene constante entre aislados de una misma especie o si varía significativamente entre especies y patovares del complejo. En este estudio se evaluó la infectividad de 115 bacteriófagos frente a 50 aislados de Pseudomonas asociados al cancro bacteriano del cerezo. La infectividad se determinó mediante ensayos de lisis en medio líquido (killing assays) en microplacas de 96 pocillos, empleando una multiplicidad de infección de 1 (MOI = 1). El crecimiento bacteriano se monitoreó por espectrofotometría a 600 nm, y el área bajo la curva (AUC) se utilizó para calcular un puntaje de infectividad (PunInf) específico para cada combinación fago–hospedero. Los resultados preliminares indican que la infectividad depende del hospedero. Los fagos de Pv y Pss mostraron una mayor especificidad y alta eficiencia frente a sus respectivos hospederos, mientras que los fagos de Psm presentaron un espectro más amplio, con mayor infectividad incluso hacia bacterias Pss. Este trabajo constituye una evaluación sistemática sin precedentes de la infectividad de bacteriófagos contra un amplio conjunto de aislados del complejo *P. syringae*, y sienta las bases para el diseño racional de cócteles de fagos con potencial aplicación en programas fitosanitarios orientados al manejo del cancro bacteriano del cerezo.

Keywords: *Pseudomonas syringae*, Bacteriofagos, Infectividad, Interaccion fago-bacteria
Financing: Proyecto Fondef ID24I10127
Acknowledgments: Proyecto Fondef ID24I10127Pontificia Universidad Católica de Valparaíso (PUCV)Agroadvance

DIVERSITY AND FUNCTIONALITY OF BETA-LACTAMASES FROM ANTARCTIC BACTERIA OF THE *PSEUDOMONAS FLUORESCENS* COMPLEX

José Coche-Miranda[1], Iyaray Céspedes Navarro[1], Camilo Berríos-Pastén[1], Bruno Cardemil[1], Francisco Chávez[1], Andrés Marcoleta[1]

(1) Universidad de Chile, Biología, Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

Antibiotic resistance (AMR) is a global public health crisis, and it is projected that by the year 2050, more people will die from AMR-related infections than currently die from cancer. In this context, the importance of monitoring extreme environments as natural reservoirs of AMR mechanisms has been recognized due to the potential for genes present in these environments to be horizontally transferred to pathogenic microorganisms. Among such environments, Antarctica has emerged as a natural reservoir of beta-lactam resistance. In this sense, members of the *Pseudomonas fluorescens* complex have gained attention due to their potential pathogenicity and their role as reservoirs of resistance genes, including beta-lactamases. Therefore, this study aimed to characterize the genetic diversity of class C beta-lactamases and their contribution to beta-lactam resistance in Antarctic bacteria belonging to the *P. fluorescens* complex. Initially, the Prodigal and BLASTp programs were used to identify class C beta-lactamases from 121 genomes of Antarctic Pseudomonas isolates, resulting in the detection of 117 chromosomally encoded class C beta-lactamase sequences. These sequences were classified into 14 distinct families, with pairwise sequence identities ranging from 40.7% to 97.6%. Also, antibiotic susceptibility was assessed using disk diffusion and broth microdilution assays for eight representative strains from eight different species within the *P. fluorescens* complex, each naturally carrying chromosomal class C beta-lactamases. Of these, five strains exhibited equal or greater resistance to beta-lactam antibiotics compared to the control strain *P. aeruginosa* PAO1, showing resistance to 9 out of 17 tested beta-lactam antibiotics. Moreover, seven of the eight strains demonstrated resistance to at least one clinically relevant anti-pseudomonal antibiotic. Additionally, heterologous expression of a beta-lactamase from one of the Antarctic isolates in *Escherichia coli* S-17 resulted in a 14-fold increase in resistance to the last-generation antibiotic ceftazidime. In conclusion, Antarctic *P. fluorescens* strains exhibit high levels of beta-lactam resistance and harbor a wide diversity of class C beta-lactamases. Strikingly, part of them would have an extended action spectrum compared to clinical *P. aeruginosa*, conferring resistance to a highly relevant third-generation cephalosporin to combat this pathogen.

Keywords: *pseudomonas*, antartica, resistencia a antibióticos, beta-lactamasas, fluorescens
Financing: FONDECYT REGULAR 1221193

DETECCIÓN MOLECULAR DE *LEPTOSPIRA* SPP. Y *BORRELIA* SPP EN HEMOCULTIVOS NEGATIVOS DE PACIENTES FEBRILES

María José Contreras[1], Fernanda Wielandt[1], Javiera Pradenas[2], Constanza Martínez-Valdebenito[2], Lina Jimena Cortes[1], María Luisa Rioseco[3,4], Loreto Rojas[3], Yazmín Pinos[5], Rodrigo Muñoz[6], Monica Pinto[6], Ariel Figueroa[6], Carlos Mejias[7], Gerardo Acosta-Jamett[8], Cecilia Vial[1], Katia Abarca[2], Thomas Weitzel[1]

(1) Universidad del Desarrollo, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Medicina, Santiago, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Medicina, Santiago, Chile
(3) Hospital Regional de Puerto Montt, Puerto Montt, Chile
(4) Universidad San Sebastián sede Patagonia, Medicina, Puerto Montt, Chile
(5) Hospital Regional de Osorno, Osorno, Chile
(6) Hospital Regional de Punta Arenas, Punta Arenas, Chile
(7) Hospital Regional de Coyhaique, Coyhaique, Chile
(8) Universidad Austral de Chile, Valdivia, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria y Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Santiago, Chile

Introducción: Los patógenos bacterianos no cultivables, como *Leptospira* spp. y *Borrelia* spp., representan un desafío en el diagnóstico debido a su baja recuperación en medios convencionales. Ambas bacterias zoonóticas presentan síntomas iniciales similares, progresando a formas clínicas graves si no se detectan y tratan a tiempo. Los métodos moleculares son una herramienta clave para la detección y vigilancia de estos patógenos. Objetivo: Estandarizar una técnica de qPCR para la detección de *Leptospira* spp. y *Borrelia* spp. y evaluar la presencia de estos patógenos en hemocultivos negativos de pacientes febriles sin diagnóstico, para vigilancia molecular. Metodología: Para la estandarización de las qPCR se construyeron plásmidos sintéticos con fragmentos del gen 16S de *Leptospira* spp. y *Borrelia* spp. como controles positivos. Partidores y sondas específicos se seleccionaron desde la literatura. Se generaron curvas de calibración con diluciones seriadas (10X) y réplicas técnicas (3X) para determinar la eficiencia (%E) y el límite de detección (LOD) del ensayo. Para la detección de estos patógenos se recolectaron 1.600 remanentes de hemocultivos negativos de pacientes febriles hospitalizados en Osorno, Puerto Montt, Coyhaique y Punta Arenas (ago. 2024–jul. 2025). Las muestras fueron centrifugadas y el ADN fue extraído del pellet con un sistema automatizado. Se realizó qPCR para *Leptospira* spp. y solo las muestras negativas para este patógeno fueron analizadas para *Borrelia* spp. Resultados: Se optimizó el qPCR en formato de 384 pocillos con un volumen final de 5 µL/reacción. El LOD para Leptospira spp fue de1×10^{-7} ng/µL con %E=108,20 %. Para Borrelia spp. el LOD: 1×10^{-8} ng/µL y %E=108,57 %. De 1600 hemocultivos negativos recolectados, se ha extraído ADN de 1384 muestras y se han analizado por qPCR 381 de ellas. En el 2,1% se detectó *Leptospira* spp. (8/381), y en las 373 muestras negativas restantes, se detectó en el 1% (2/373) *Borrelia* spp. Estos resultados serán confirmados realizando el ensayo qPCR por triplicado. Conclusiones:

Se estandarizaron qPCR para ambos patógenos. Además, este sistema detectó un 2% de *Leptospira* spp y un 1% de *Borrelia* spp en remanentes de hemocultivos negativos, lo que puede ser útil en estudios epidemiológicos.

Keywords: Hemocultivos, *Borrelia, Leptospira*, Pacientes febriles
Financing: Proyecto Anillo-ATE-220061

INFLUENCIA DEL ERGOSTEROL EN EL TROPISMO DE *HELICOBACTER PYLORI* J99 A *CANDIDA ALBICANS* ATCC 90028

Javiera Contreras Ormeño[1], Patricia Cea Núñez[1], Joaquín Olivares Muñoz[1], Sara Durán Quinteros[1], Michelle Sánchez Alonzo[1], Jessy Pavón Pérez[2], Apolinaria García Cancino[1]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Farmacia, Concepción, Chile

Helicobacter pylori es una bacteria que afecta al 73% de la población chilena, cuya infección está asociada a patologías gástricas, incluyendo cáncer gástrico. Se considera un organismo intracelular facultativo por su capacidad de internalizarse en diversas células eucariotas, entre ellas levaduras del género *Candida*. A pesar de la falta de conocimiento sobre los mecanismos que rigen la atracción de *H. pylori* por la levadura, diversos estudios han establecido que la bacteria internaliza colesterol, una molécula estructuralmente similar al ergosterol, y que este lípido es crucial para la colonización del huésped. En consecuencia, la hipótesis de este trabajo es que el ergosterol de membrana de *C. albicans* tiene un efecto atractante sobre *H. pylori,* lo cual favorece su ingreso a la levadura. Para demostrar esta hipótesis, el objetivo general del estudio fue determinar la influencia del ergosterol de *C. albicans* en el tropismo de *H. pylori*, para lo cual se utilizaron cepas de referencia *H. pylori* J99 y *C. albicans* ATCC 90028, además de cepas mutantes de *C. albicans* (knock-out para genes involucrados en la síntesis de ergosterol). Se llevó a cabo la extracción del ergosterol presente en el medio de cultivo de cepas de Candida silvestres y mutantes, cuyo análisis mediante HPLC demostró que *C. albicans* no secreta ergosterol al entorno extracelular con el propósito de atraer a *H. pylori*. Tras la extracción del ergosterol de membrana mediante lisis alcalina con KOH al 25% y su detección por HPLC-MS, se realizó un ensayo de atracción en agar semisólido suplementado con ergosterol extraído de las cepas de levadura. La presencia de ergosterol en el medio promovió un incremento en la motilidad bacteriana dentro del agar semisólido. Finalmente se analizó el porcentaje de ingreso de *H. pylori* J99 a *C. albicans* mediante ensayos de co-cultivo de estos microorganismos utilizando la cepa de levadura wild-type y mutante, obteniéndose un mayor ingreso de la bacteria a *C. albicans* ATCC 90028 con respecto a *C. albicans* mutante knock-out ERG6. Los resultados obtenidos sugieren que la composición lipídica de la membrana de C. albicans juega un rol importante en el proceso de endosimbiosis bacteria-levadura.

Keywords: *Helicobacter pylori, Candida albicans*, Ergosterol, Endosimbiosis bacteria-levadura
Financing: Proyecto Fondecyt Regular N°1241988

DIVERSIDAD FUNGICA EN LA ZONA COSTERA DE LA CIUDAD DE ANTOFAGASTA

Agustín Cortés Castillo[2], Aracelly Bravo Cortés[1], Raúl Castro Ortiz[1], Bastián Jofre Gajardo[1], Nicomedes Valenzuela-Lopez[1]

(1) Unidad de Microbiología, Dpto. Tecnología Médica, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Chile.
(2) Unidad Bioquímica, Dpto. Biomédico, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Chile

Chile es un país conocido principalmente por su diversidad geográfica presentando diferentes tipos de climas a lo largo de sus regiones, entre ellos destacando un clima desértico único en el mundo siendo este el más seco, y que se encuentra ubicado en la zona norte del país. Su extensa costa en el océano Pacífico con más de 6,000 km está marcada por sus impresionantes acantilados y playas. La segunda región de Antofagasta se destaca por su numerosa biodiversidad en su flora y fauna marina, la cual cuenta con numerosos estudios relacionados a su diversidad. Sin embargo, las investigaciones relacionadas a los microorganismos pertenecientes al reino Fungi son escasas, principalmente las del medio acuático a comparación de sus contrapartes terrestres.

El presente trabajo tuvo como objetivo demostrar la existencia y diversidad de hongos marinos en las orillas de distintas playas y balnearios, dentro y fuera la ciudad de Antofagasta. Para ello se recolectaron tres muestras de agua con sedimento por cada sector, con un total de 15 muestras provenientes desde la costa dentro de la ciudad: Playa Las Almejas, Playa La Chimba, Playa Paraíso y Playa Llacolén; fuera de la ciudad: Playa La Rinconada. Las muestras se procesaron mediante centrifugación previa y fueron inoculadas en los agares harina de avena (OA), Patata- Zanahoria (PCA) y Dicloran Rosa de Bengala cloranfenicol (DRBC), obteniéndose un total de 18 cepas. Estas fueron subcultivadas en agar Patata - Dextrosa (PDA), para su caracterización morfológica. Por último, se guardaron como ceparios con el fin de resguardar y preservarlas.

Como resultado según las características morfológicas y microscópicas se obtuvieron cinco géneros diferentes, correspondientes a *Aspergillus, Penicillium, Trichoderma, Ochroconis y Paecilomyces*. Además, se encontró la presencia de Levaduras al igual que hongos de micelio estéril los cuales no se pudieron identificar y asociar a un género.

Finalmente, podemos concluir que las playas estudiadas en la ciudad de Antofagasta presentaron una limitada biodiversidad de géneros y especies fúngicas marinas cultivables. Sin embargo, es necesario aplicar otras metodologías para obtener y recuperar una mayor diversidad de hongos cultivables así como poder identificarlos a nivel de especie.

Keywords: Diversidad fungica, Hongos marinos, hongos cultivables, *Aspergillus, Trichoderma*

ESTUDIO LONGITUDINAL DE BACTERIAS RESISTENTES A LOS CARBAPENÉMICOS UTILIZANDO EL METRO DE VALPARAÍSO COMO CENTINELA

Richard Covarrubia-Lopez[1], Jorge Olivares-Pacheco[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo de Resistencia Antimicrobiana en Bacterias Patógenas y Ambientales (GRABPA), Facultad de Ciencias, Avenida Universidad #330, Valparaíso, Chile

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye una amenaza global, impulsada por el uso indiscriminado de antibióticos y la diseminación de bacterias y genes de resistencia entre distintos entornos. Patógenos como Acinetobacter baumannii y miembros de Enterobacterales resistentes a los carbapenémicos han sido clasificados por la OMS como patógenos prioritarios, debido a la escasez de tratamientos efectivos; si bien este fenómeno ha sido ampliamente estudiado en entornos intrahospitalarios, en la comunidad persisten vacíos de conocimiento sobre su dinámica, especialmente en el transporte público, identificado como "hot-spot" de diseminación de bacterias resistentes en entornos urbanos.

En este estudio, se tomaron muestras desde las estaciones de la red de metro de Valparaíso, se evaluó el perfil de resistencia a los antibióticos y se secuenciaron 20 genomas de aislados resistentes a carbapenémicos, obtenidos a partir de 2 muestreos diferentes Invierno (n=15) y Primavera (N=5).

En el primer muestreo se identificaron a *Klebsiella pneumoniae* (n=4), *Pseudomonas aeruginosa* (n=5), *Enterobacter asburiae* (n=2), *Citrobacter freundii* (n=2) y *A. baumannii* (n=2). En el segundo muestreo, se identificaron *K. pneumoniae* (n=1), *C. freundii* (n=1), *Enterobacter asburiae* (n=2) y *P. aeruginosa* (n=1). La tipificación por MLST reveló la presencia y persistencia de clones de alto riesgo, como ST337 y ST25 (*K. pneumoniae*), ST815 (*P. aeruginosa*) y ST129 (*C. freundii*). Al analizar el resistoma, se encontraron β-lactamasas clínicamente relevantes (*blaKPC-2, blaVIM-2, blaNDM-1, blaCTX-M-15, blaOXA*) y genes asociados a resistencia a desinfectantes (*qacE*). El análisis del moviloma evidenció una amplia diversidad de plásmidos (IncFIB(K), IncR, IncN, IncX5, IncC, IncP6), muchos de ellos conjugativos y portadores de múltiples genes de resistencia, destacando un aislado de *C. freundii* portador de un plásmido IncFII con el gen *blaNDM* y el sistema de secreción tipo IV (T4SS), además los resultados de ANI, confirmaron con un valor de ≥99.999% que los aislados que compartían la misma tipificación por MLST, podrían corresponder a la misma cepa.

La presencia y persistencia de bacterias resistentes en la red de metro respaldan que este medio de transporte es un excelente candidato, de centinela para monitorear el estado de la fenómeno de la RAM a nivel comunitario.

Keywords: Resistencia, entornos urbanos, RAM

INTEGRACIÓN DE VARIABLES ECOLÓGICAS Y FISICOQUÍMICAS PARA IDENTIFICAR BIOINDICADORES DEL FONDO MARINO EN EL SUR DE CHILE.

Carolina Soledad Curiqueo Roca[1], Juan. A Ugalde1, Derie Fuentes[2], Jorge Valdes[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Ciencias Biológicas, Facultad de ciencias de la vida, República 252, Santiago, Chile
(2) Investigador independiente

Los efectos ambientales provocados principalmente por la actividad antropogénica aumenta el flujo y la acumulación de materia orgánica en el fondo marino, afectando la composición, estructura y función natural del sedimento sobre las comunidades bentónicas. Los aumentos continuos de materia orgánica a lo largo del tiempo modifican la estructura de la comunidad (pérdida de diversidad), con una persistencia final de especies tolerantes y oportunistas hasta que el ambiente se vuelve anóxico y finalmente produce la pérdida completa de especies (ambiente azoico). En Chile, se han reportado diferentes efectos ambientales en relación al cultivo de salmón y mejillón, siendo el más importante el aumento del flujo de materia orgánica en el fondo marino, la cual se acumula en sedimentos y posteriormente se oxida, resultando en una disminución del oxígeno disuelto en la columna de agua y también en el potencial de oxidación-reducción de los sedimentos. El monitoreo regulatorio se realiza principalmente mediante indicadores fisicoquímicos (O_2, pH y redox) y mantiene un enfoque mayoritariamente reactivo ante condiciones anaeróbicas, lo que evidencia la necesidad de señales biológicas tempranas que reflejen la respuesta del sistema. En este trabajo buscamos identificar indicadores biológicos basados en la caracterización de comunidades microbianas mediante el gen del ARN ribosomal 16S (ARNr 16S) frente a variables ambientales medidos in situ. El estudio se enfocó en sedimentos cercanos a centros de cultivo de salmón con contrastes oceanográficos. Para abordar este desafío, se caracterizaron las comunidades bacterianas por secuenciación 16S y se analizaron correlaciones entre variables ambientales y abundancias por taxón, y su relación con la diversidad alfa de cada muestra. Complementariamente, se evaluó la asociación comunidad-ambiente mediante análisis de correspondencia canónica, con selección de predictores, para identificar las variables que mejor explican la estructura comunitaria. Los resultados muestran que las variables fisicoquímicas describen consistentemente la organización de las comunidades bacterianas y que es factible construir predictores biológicos e índices compuestos que integren diversidad y composición. Esta aproximación permitirá complementar el monitoreo oficial con umbrales de gestión basados en respuesta biológica local, favoreciendo decisiones preventivas, lo cual además, facilitará la evaluación del impacto bentónico en el sur de Chile.

Keywords: indicadores biologicos, Diversidad bacteriana, Sedimentos marinos, Impacto ambiental
Financing: FONDEF ID23I10402

ESTRATEGIA GENÉTICA PARA LA PRODUCCIÓN ESTABLE DE CELULOSA BACTERIA EN CULTIVOS AGITADOS DE *KOMAGATAEIBACTER XYLINUS* ATCC23768

Martín Céspedes Escuti[1,2], Irene Martínez[1,2]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ingeniería Química, Biotecnología y Materiales, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Beauchef 851, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Centro de Biotecnología y Bioingeniería (CeBiB), Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Beauchef 851, Santiago, Chile

La celulosa bacteriana (CB) es un biopolímero de alto valor agregado, destacando por su pureza, cristalinidad y biocompatibilidad, con potencial en sectores como la biomedicina, alimentación y los materiales avanzados. Sin embargo, su producción a escala industrial enfrenta importantes limitaciones, especialmente bajo condiciones de cultivo agitado, donde la cepa *Komagataeibacter xylinus* ATCC23768 tiende a adquirir un fenotipo no productor de celulosa (Cel^-), asociado a mutaciones espontáneas y desregulación metabólica.

Esta investigación propone una estrategia biotecnológica integrada para estabilizar el fenotipo Cel^+ y aumentar la producción de CB en sistemas agitados. La metodología se centra en una estrategia de edición genética dual. En primer lugar, se modificó el sitio blanco de inserción del transposón IS630 en el gen *ccpAx*, cuya disrupción ha sido identificada como una de las principales causas genéticas de la pérdida de producción, con el fin de prevenir la inserción. En segundo lugar, se implementará una estrategia de knockout del gen pde mediante el sistema CRISPR-Cas9, con el objetivo de inhibir la actividad que degrada el mensajero c-di-GMP, promoviendo así la activación sostenida de la ruta biosintética de CB.
En este trabajo se diseñaron tres modificaciones (M1, M2 y M3) al sitio de inserción del transposón mediante mutagénesis dirigida, considerando mantener la secuencia aminoacídica correspondiente. Como resultado, a diferencia de la silvestre, que mutó a las 72 h desde el fenotipo Cel^+ hacia un fenotipo Cel-, las cepas M1, M2 y M3 presentaron un retraso en la aparición del fenotipo Cel^-: M3 mutó a las 120 h, y M1/M2 a las 144 h. Notablemente, la cepa M3 mostró además un aumento del 30 % en la producción de celulosa bacteriana en comparación con la cepa silvestre, evidenciando un efecto adicional positivo.

Estos resultados, actualmente en validación mediante secuenciación del gen *ccpAx* y del genoma completo, respaldan la hipótesis de que una intervención genética precisa sobre el sitio blanco del transposón puede aumentar significativamente la estabilidad fenotípica y la producción de celulosa en condiciones agitadas. En combinación con la futura inactivación de pde, esta estrategia dual ofrece una solución potencial para superar barreras críticas de la producción escalable de CB.

Keywords: Celulosa Bacteriana, Biomateriales, Edición genética, *Komagataeibacter xylinus*, Cultivo agitado
Financing: Centro de biotecnología y bioingeniería CeBiB AFB240001
Acknowledgments: Centro de biotecnología y bioingeniería CeBiB AFB240001Escuela de postgrado de la Facultad de Ingeniería y Ciencias - Universidad de Chile.

FUNCTIONAL CHARACTERIZATION OF BETA-LACTAMASES FROM ANTARCTIC ISOLATES OF THE *PSEUDOMONAS FLUORESCENS* SPECIES COMPLEX

Iyaray Céspedes Navarro[1], José Coche-Miranda[1], Javier Saldés[1], Jorge Vielma[1], Francisco P. Chávez[2], Andrés E. Marcoleta[1]

(1) Universidad de Chile, Grupo de Microbiología Integrativa, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias
(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología de Sistemas (SysmicroLab), Departamento de Biología, Facultad de Ciencias

The *Pseudomonas fluorescens* species complex comprises a genetically and metabolically diverse group of Gram-negative bacteria that inhabit different environments and are noted for their broad resistance to beta-lactam antibiotics. These compounds are among the most used antimicrobial agents for treating infectious diseases, although their effectiveness is declining due to the rise of beta-lactamases, enzymes that hydrolyze and inactivate beta-lactams. The sources and dissemination patterns of this resistance mechanism are of utmost relevance in the context of the antibiotic resistance crisis. In this regard, Antarctic P. fluorescens strains were reported to possess class C beta-lactamases that could account for their high beta-lactam resistance, prompting the possibility that permafrost melting could expose novel resistant microbes and resistance genes, including beta-lactamases. Therefore, this study aims to establish the role of class C beta-lactamases in beta-lactam antibiotic resistance among Antarctic isolates of the *P. fluorescens* complex. To achieve this, the resistance profile of eight strains was obtained using disk diffusion and broth microdilution assays. Likewise, the genome of these strains has been studied bioinformatically with the RGI-CARD program to identify the beta-lactamases that are in the genome and classify them according to their class. Finally, the in vivo functionality of the class C beta-lactamases obtained from recombinant model strains is evaluated. The isolates were found to have diverse resistance profiles, with all strains resistant to at least one clinically important anti-pseudomonal antibiotic. In the case of ceftazidime, cefepime, and cefotaxime, at least four strains had a minimum inhibitory concentration higher than *Pseudomonas aeruginosa* PAO1, a clinical isolate used as a reference. In addition, the bioinformatic analysis allowed us to examine the biocatalytic and conserved motifs of the beta-lactamases that are in the genome of the isolates.

Finally, transformant strains of *Escherichia coli* S17-1 lambda-pir with beta-lactamases from Antarctic isolates were obtained, which reduced their susceptibility to certain beta-lactam antibiotics. Therefore, we conclude that Antarctic isolates of the *P. fluorescens* complex have high levels of resistance to beta-lactam antibiotics and that class C beta-lactamase could play an important role in mediating this resistance.

NATIVE BACTERIA FROM LA ARAUCANÍA: A ONE HEALTH APPROACH TO MITIGATE WATER STRESS IN TOMATOES

CAMILA DELGADO VERGARA[1,2,4], Sharon Viscardi[2,5], Luis Marileo[5,6], Ricardo Tighe Neira[3,4], Leovijildo Medina[3], Patricio Barra[8,9], Paola Díaz[3,7], Claudio Inostroza Blancheteau[3,4]

(1) 1 PhD Program in Agricultural Sciences, Faculty of Natural Resources, Universidad Católica de Temuco, Chile.
(2) 2 Interdisciplinary Research Laboratory in Applied Microbiology (LIMA), Faculty of Health Sciences, Universidad Católica de Temuco, Chile.
(3) 3 Research Nucleus in Food Production, Universidad Católica de Temuco, Chile.
(4) 4 Laboratory of Plant Physiology and Biotechnology, Department of Agricultural and Aquaculture Sciences, Faculty of Natural Resources, Universidad Católica de Temuco, Chile.
(5) 5 Biotechnology of Functional Foods Laboratory, La Araucanía, Chile.
(6) 6 School of Veterinary Medicine, Faculty of Natural Resources and Veterinary Medicine, Universidad Santo Tomás, Chile.
(7) 7 Department of Veterinary Sciences and Public Health, Faculty of Natural Resources, Universidad Católica de Temuco, Chile.
(8) 8 Scientific and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera, Chile.
(9) 9 Biocontrol Research Laboratory, Universidad de La Frontera, Chile. *sviscardi@uct.cl

Climate change is intensifying water scarcity in Chilean agriculture, directly affecting the yield of key crops such as tomato. Microorganisms are emerging as a sustainable alternative to mitigate the negative effects of this type of stress. Lactic acid bacteria (LAB), considered GRAS (Generally Recognized As Safe), have emerged as an alternative to improve plant resilience to these challenges. In this study a greenhouse trial was conducted to evaluate the effect of bacterial strains native to the Araucanía region on tomato plants (*Solanum lycopersicum* L.) under two irrigation conditions: optimal and water stress (60%). Three bacterial treatments were applied: *Enterococcus* sp. (BB3), *Lactobacillus* sp. (BB6), and their consortium (BB3+BB6), compared to a control. The experimental design was a completely randomized block with nine replicates. Data analysis was performed using two-way ANOVA followed by Tukey's test. Plants treated with LAB showed improved physiological performance under water stress. Specifically, treatment with the BB3 strain resulted in a 25% reduction in lipid peroxidation and a 21% increase in proline and total phenol content. These results indicate that native strains improve the plants' ability to mitigate the effects of water stress. It is also worth noting that this project involved conducting a satellite trial in a Mapuche community with people who practice peasant family farming (PFA) in the region, also bringing science closer to the field, similar results were obtained. The use of native LAB from the Araucanía Region, particularly the BB3 strain, represents an effective biotechnological strategy for improving tomato crop resistance to water stress. This approach aligns with the "One Health" perspective by promoting sustainable agricultural production and food security by taking care of the environment.

Keywords: Climate Change, Microorganisms, Lactic Acid Bacteria, Water Stress, One Health
Financing: Funding by Fondecyt Regular 1250993

PRODUCCIÓN DE FOSFOLÍPIDOS Y COQ POR *THRAUSTOCHYTRIUM* SP. RT2316-16

Natalia Deumacán Inostroza[1], Carolina Shene De Vidts[1,2], Liset Flores Saldivia[1,2]

(1) Universidad de La Frontera, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile
(2) Universidad de la Frontera, Centro de Biotecnología y Bioseparaciones de Alimentos BIOREN, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile

La producción de fosfolípidos (FL) y coenzima Q10 (CoQ10) de origen microbiano constituye una estrategia innovadora para el desarrollo de ingredientes funcionales con aplicaciones en las industrias alimentaria, cosmética y farmacéutica. Estos compuestos presentan propiedades bioactivas relacionadas con la salud cardiovascular, cognitiva y mitocondrial. *Thraustochytrium* sp. RT2316-16 es un microorganismo marino con capacidad para acumular FL y metabolitos de interés en condiciones de cultivo controladas; sin embargo, los factores que regulan su síntesis aún requieren optimización.

Este estudio evaluó el efecto de la composición del medio de cultivo, particularmente glucosa, extracto de levadura (EL) y glutamato monosódico (GMS) sobre la producción de biomasa, lípidos totales (LT), FL y CoQ10. Se empleó un diseño factorial completo 3^2, con nueve combinaciones de nutrientes. Los cultivos se realizaron durante siete días a 15 °C, con agitación y en oscuridad.

Los resultados evidenciaron que la concentración de glucosa y la relación EL/GMS influyeron significativamente en el crecimiento celular y en la síntesis de FL. La formulación con 30 g L^{-1} de glucosa, 9 g L^{-1} de EL y 0,9 g L^{-1} de GMS permitió alcanzar 57,1 mg FL g^{-1} de biomasa, constituyendo la condición más favorable. El modelo estadístico explicó adecuadamente la variabilidad experimental e identificó interacciones positivas entre glucosa y EL, permitiendo predecir condiciones óptimas de producción. Además, se observó un incremento del tamaño celular en medios con mayores concentraciones de EL y GMS, alcanzando diámetros promedio de 68,9 nm, 61,5 nm y 59,6 nm, lo que sugiere una mayor acumulación lipídica.

Respecto a la coenzima Q, se detectó únicamente CoQ9, con un contenido máximo de 2,82 µg L^{-1}, mientras que CoQ10 no fue detectada, posiblemente debido a su degradación en etapas tardías del cultivo, tal como se ha reportado en estudios previos.

En conjunto, los resultados demuestran que la composición del medio de cultivo influye directamente en la biosíntesis de FL por *Thraustochytrium* sp. RT2316-16 y validan la extracción desde biomasa húmeda mediante etanol, lo que constituye una alternativa simplificada y sostenible para el escalamiento industrial. Este trabajo proporciona una base sólida para optimizar la producción y recuperación de lípidos en sistemas biotecnológicos.

Keywords: Fosfolipidos, *Thraustochytrium*, CoenzimaQ10

Financing: Proyecto Fondef IT23I0020, Investigador responsable: Carolina Shene. 2024-2025Proyecto basal del centro de Biotecnología y bioingeniería AFB240001, investigador titular Carolina Shene. Proyecto Fondecyt 1230547. 2023-2025. Investigador responsable: Carolina Shene.
Acknowledgments: Laboratorio de Bioprocesos y Bioseparaciones, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de La Frontera, Temuco.

QUORUM SENSING Y MODULACIÓN DE FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS EN *COBETIA MARINA* POR UN BIOSURFACTANTE PRODUCIDO POR BACTERIAS DEL DESIERTO DE ATACAMA.

Alejandro Dinamarca[3], Astrid Quezada[3], Claudia Ibacache-Quiroga[3], Bernardita Valenzuela Guerrero[1], Pedro Zamorano[1,2], Maira Cayo[1], Francisco Solis[1], Leticia Barrientos[4,5], León Bravo[6], Karoll González-Pizarro[3]

(1) Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile
(2) Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile
(3) Centro de MicrobioInnovación, Escuela de nutrición y Dietética, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile
(4) Extreme Environments Biotechnology Lab, Center of Excellence in Translational Medicine, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile
(5) Facultad Ciencias de la Salud, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Chile, Temuco, Chile
(6) Universidad de La Frontera, Department of Agronomical Sciences and Natural Resources, Temuco, Chile

Las biopelículas bacterianas poseen impactos positivos y negativos, asociando pérdidas económicas a nivel global. Su formación está regulada, entre otros mecanismos, por el sistema de comunicación intercelular conocido como Quorum Sensing (QS), el cual coordina la expresión génica en respuesta a la densidad poblacional. Los biosurfactantes (BSs), moléculas anfipáticas producidas por microorganismos, representan una alternativa biológica ambientalmente sustentable para modular la formación de estas biopelículas. Este estudio tuvo como objetivo evaluar el efecto de un biosurfactante producido por la bacteria aislada desde el Desierto de Atacama, *Brevibacterium frigoritolerans* CC-UV22LB-1 sobre la formación de biopelículas y la expresión de genes asociados al Quorum Sensing en *Cobetia marina* MM1IDA2H-1. Metodología: Se seleccionó la cepa Brevibacterium frigoritolerans CC-UV22LB-1, aislada de ecosistemas extremos, por su capacidad de reducir la tensión superficial. El extracto biosurfactante se seleccionó por su capacidad de reducir la tensión superficial (TS) y su concentración micelar crítica (CMC), de 6,25 mg/mL. El efecto del BS sobre la formación de biopelículas se evaluó en Cobetia marina MM1IDA2H-1 a una concentración de 12,5 mg/mL, y en las fases de crecimiento bacteriano exponencial y estacionaria, y a distintas temperaturas de incubación. A nivel molecular, se identificaron in silico los genes *luxS, hfq, flhC, rsmA y secE* asociados al sistema de Quorum Sensing en el genoma de *Cobetia marina* MM1IDA2H-1. La expresión génica de estos genes se analizó mediante RT-qPCR en presencia y ausencia del extracto biosurfactante. Resultados: El extracto biosurfactante de Brevibacterium frigoritolerans CC-UV22LB-1 no mostró un efecto sobre el sistema de QS de *Chromobacterium violaceum* a través de la producción de violaceína, mientras que en cuanto a la formación de biopelículas en *Cobetia marina* MM1IDA2H-1, el BS mostró un efecto inhibidor dosis-dependiente en la fase exponencial (reducciones

significativas a 25 y 50 mg/mL). Se identificaron y validaron por PCR los genes *luxS, hfq, flhC, rsmA y secE* en *Cobetia marina* MM1IDA2H-1. De estos, el gen *rsmA* mostró una represión significativa (log_2FoldChange = -8,08) en presencia del extracto biosurfactante, sugiriendo una modulación de vías regulatorias en la formación de biopelículas.

Keywords: Biosurfactantes; *Cobetia*; *Quorum Sensing*; Biofilms
Financing: Proyectos Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo: Exploración N°13220184; FONDEQUIP EQM230165 y REMC FSQ210003, Ministerio de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación. Proyecto DIUV-CIDI N°15/2024, Universidad de Valparaíso.

GENERACIÓN Y CARACTERIZACIÓN PRELIMINAR DE UNA CEPA MUTANTE *ΔSNF1* EN *PHAFFIA RHODOZYMA* PARA ESTUDIOS FUNCIONALES DEL COMPLEJO SNF1/AMPK

Alejandro Durán[1], Melissa Gómez[1], Dionisia Sepúlveda[1], Salvador Barahona[1], Marcelo Baeza[1], Jennifer Alcaíno[1]

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

Phaffia rhodozyma, es una levadura capaz de sintetizar el carotenoide astaxantina, con aplicaciones biotecnológicas en la industria farmacéutica, cosmética y acuícola. Sin embargo, pese a que se han logrado avances en la optimización de su producción, aún existen vías regulatorias no descritas que podrían influir tanto en la biosíntesis de isoprenoides como en la capacidad adaptativa de la levadura. El complejo SNF1/AMPK (Sucrose Non-Fermenting 1), es un regulador maestro de la homeostasis energética en eucariontes, conservado en mamíferos, plantas y hongos. En *Saccharomyces cerevisiae*, participa en vías como la β-oxidación y regula la expresión de genes involucrados en rutas catabólicas alternativas y rutas metabólicas secundarias en condiciones de limitación de carbono. En *P. rhodozyma*, la presencia y función de un homólogo de SNF1 podría estar vinculada a la regulación de rutas de la carotenogénesis y la respuesta ante estrés metabólico. El objetivo de este estudio fue generar y validar una cepa mutante Δsnf1 en *P. rhodozyma* y evaluar preliminarmente su impacto fenotípico como herramienta para estudios funcionales del complejo SNF1.

A partir de análisis de secuencias genómicos y transcriptómicos de *P. rhodozyma*, se diseñaron partidores específicos y se construyó un módulo de reemplazo génico, utilizando como base el vector pBlueScript SK- (pBS). En este módulo se incluyó un casete de resistencia para sustituir el gen nativo SNF1. El módulo se amplificó por PCR con el que se transformó una cepa silvestre de *P. rhodozyma* mediante electroporación. Este enfoque permitió seleccionar colonias transformantes con la *Δsnf1* por resistencia antibiótica en primera instancia y, posteriormente se extrajo DNA genómico para confirmar la deleción mediante PCR con partidores específicos río arriba, internos y río abajo del locus SNF1 y del casete de resistencia. Los análisis preliminares muestran que la cepa mutante *Δsnf1* presenta una pigmentación más anaranjada que la cepa silvestre, sugiriendo alteraciones en la biosíntesis de carotenoides. Esta construcción genética constituye una herramienta clave para estudios funcionales del complejo SNF1 y su impacto en la regulación metabólica y carotenogénica en *P. rhodozyma.*

Keywords: Edición genética, mutante, fenotipo, carotenoides, *Phaffia rhodozyma*
Financing: Fondecyt 1220384

ANÁLISIS E IDENTIFICACIÓN DE GENES IMPLICADOS EN LA PRODUCCIÓN DE BIOFILM EN *PISCIRICKETTSIA SALMONIS*, BAJO CONDICIONES SIMULADAS DE CAMBIO CLIMÁTICO

María Paz Durán Nahuelcheo[1,2], Karen Moreno[2], Genaro Soto[1], Jaime Figueroa[1,2]

(1) 1 Instituto de Bioquímica y Microbiología, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
(2) 2 Centro FONDAP-INCAR (ANID), 1695, Concepción, Chile.

Piscirickettsia salmonis es una bacteria Gram negativa, fastidiosa, cocoide pleomórfica, intracelular facultativa, agente causal de Piscirickettsiosis, que afecta principalmente a salmónidos como *Oncorhynchus kisutch, Salmo salar y Oncorhynchus mykiss*, esta infección presenta un gran impacto en la industria salmonera, generando importantes pérdidas económicas pese al uso de vacunas y antibióticos administrado vía oral.

En el entorno al que se expone esta bacteria incluyen factores estresantes como el uso de antibióticos, y estrés térmico y salino debido al cambio climático. Cuando este patógeno se expone a ambientes hostiles posee la capacidad que generar biofilm, por lo que se propuso que la producción de biofilm de *P. salmonis* está regulada por genes que se expresan bajo condiciones de mayor temperatura y salinidad como estrategia de persistencia del patógeno. Se uso 2 cepas, LF-89, en las cuales se observó que bajo condiciones óptimas de crecimiento (CE), ambas cepas mostraron moderada producción de biofilm, lo que sugiere que presentan una producción constante de biofilm, sin embargo, LF-89 a 21°C con una salinidad de 15g/L mostró fuerte producción de biofilm, y Psal-005, mostró esa respuesta a 21°C y a salinidad de 3g/L. Ambas evidenciaron incrementos significativos en los transcritos de pslD en condiciones estresantes, sugiriendo mayor producción de biofilm. Además, LF-89 tuvo niveles más altos de transcritos de bipA evidenciando cambios significativos en las tres condiciones estresantes, en comparación con lo obtenido a CE, por su parte en Psal-005 bipA disminuyo significativamente en condiciones estresantes.

Se sugiere que en *P. salmonis* la producción de biofilm está regulada por genes que se expresan en condiciones estresantes, para persistir en estos ambientes. En ambos genogrupos aumentó la formación de biopelículas en respuestas a estas condiciones. Sin embargo, la cepa LF-89 demostró mayor crecimiento en condiciones estresantes que el aislado Psal-005, del genogrupo EM, reflejando más adaptabilidad y persistencia. Estos resultados aportan información clave sobre los mecanismos de adaptación de *P. salmonis* y abren líneas de investigación sobre su persistencia y regulación genética por efecto del cambio climático.

Keywords: *Piscirickettsia salmonis*, Biofilm, Cambio climático, Acuicultura
Financing: Proyecto ANID N°1523A0007
Acknowledgments: Centro FONDAP-INCAR, Laboratorio de Biología Molecular de Peces, familia y amigos.

EVALUACIÓN DEL ROL DE LA ADHESINA BABA DE *HELICOBACTER PYLORI* J99 EN LA ADHESIÓN, CO-AGREGACIÓN E INTERNALIZACIÓN BACTERIANA A *CANDIDA ALBICANS* ATCC 90028 BAJO CONDICIONES DE ESTRÉS AMBIENTAL

Sara Durán-Quinteros[1], Joaquín Olivares Muñoz[1], Macarena Deride Alegría[1], Javiera Contreras Ormeño[1], Patricia Cea Núñez[1], Hans Luchsinger Montecinos[1], Francisca Gacitúa Fuentes[1], Kimberly Sánchez Alonso[1], Francisco Fuentes Villalobos[2], Apolinaria García Cancino[1]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Laboratorio de Inmunovirología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

La infección por *Helicobacter pylori* afecta aproximadamente al 50% de la población mundial y representa el principal factor de riesgo para el desarrollo de adenocarcinoma gástrico. Recientemente, se ha descrito que esta bacteria puede interactuar estrechamente con *Candida albicans*, una levadura comensal de la microbiota humana, logrando internalizarse en las vacuolas fúngicas frente a la exposición a antibióticos, limitación de nutrientes, cambios en la tensión de oxígeno, de pH y de temperatura. Aunque los mecanismos moleculares subyacentes a esta interacción no se conocen, se ha propuesto que la adhesión a las levaduras es un paso clave en donde la adhesina bacteriana BabA podría jugar un rol determinante. En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo caracterizar la adhesión, co-agregación e internalización de una cepa silvestre (*H. pylori* J99 WT) y de una cepa mutante por deleción del gen babA (*H. pylori* J99 *ΔbabA*) a células de *C. albicans* ATCC 90028, bajo condiciones de estrés de nutrientes y de tensión de oxígeno.

Para ello, ambas cepas bacterianas fueron co-cultivadas independientemente con *C. albicans* ATCC 90028 en caldo Brucella suplementado con 7% de suero fetal bovino, en condiciones de aerobiosis, anaerobiosis, e independientemente en un medio deficiente en nutrientes. El porcentaje de levaduras portadoras de cuerpos bacterianos intracelulares (%Y-BLBs) fue cuantificado mediante microscopía óptica en diferentes tiempos. La co-agregación fue analizada mediante ensayos de formación de biopelículas mixtas con cristal violeta y microscopía electrónica de barrido, mientras que la interacción célula-célula fue analizada por citometría de flujo.

Los resultados evidenciaron que tanto *H. pylori* J99 WT como su mutante *ΔbabA* pueden internalizarse en *C. albicans* ATCC 90028 en todas las condiciones evaluadas, alcanzándose la mayor tasa de internalización en co-cultivos con *H. pylori* J99 WT. El análisis de co-agregación mostró adhesión bacteriana, alteraciones en la superficie de levaduras y mayor formación de biopelículas en co-cultivos con *H. pylori* J99 WT. Por su lado, la citometría de flujo reveló diferencias en la interacción de ambas cepas con las células de levaduras. Estos resultados destacan el posible rol de BabA en la interacción funcional entre ambos microorganismos en condiciones de estrés ambiental.

Keywords: Bacteria, Levadura, Internalización, Co-agregación, Adhesina
Financing: PROYECTO FONDECYT REGULAR 124198

EVALUATION OF THE EFFECTS OF HYPOXIA ON *SALMO SALAR* AND ITS CONSEQUENCES IN THE FACE OF *PISCIRICKETTSIA SALMONIS* INFECTION

Daniela Díaz Ibarrola[1,2], Jaime Figueroa Valverde[1,2], Karen Moreno[1,2]

(1) Universidad Austral de Chile, Laboratorio de Biología Molecular de Peces, Ciencias, Valdivia, Chile
(2) Universidad de Concepción, Fondap INCAR, Concepción, Chile

Hypoxia in fish infected with *Piscirickettsia salmonis* can generate physiological, histological, transcriptomic and microbiological effects, affecting their respiratory capacity, metabolism and immunity. The hypoxia-inducing factor (HIF) regulates the cellular response to lack of oxygen, but the combination of hypoxia and infection can weaken the immune system, increasing susceptibility to diseases and affecting the aquaculture industry. This study seeks to evaluate how hypoxia impacts the physiological, transcriptomic response and the intestinal microbiome of Salmo salar infected with *P. salmonis*. For this purpose, 60 fish (80-120 g) were subjected to hypoxia (2.5 mg/L) and normoxia (8 mg/L) for 7 days and then divided into four experimental groups: normoxia, hypoxia, normoxia + infection and hypoxia + infection. Infection was performed with *P. salmonis* (1×10^6 bacteria, strain LF-89), and the intestine was removed on days 3 and 10 post-infection. Initial results showed no mortality attributable to hypoxia or infection. DNA and RNA extraction for sequencing is currently underway, and qPCR analysis of key genes (*HIF, IL1B, TLR1, IgM, Zo-1, Muc2, Cldn4*) is being performed. Hypoxia and infection are expected to affect intestinal integrity and immune response, reducing the expression of *Zo-1, Muc2, and Cldn4*, which would indicate increased epithelial permeability. Furthermore, IL-1β and TLR1 could be overexpressed, suggesting exacerbated inflammation. IgM production could be increased with infection, but decreased under prolonged stress. Together, the results could demonstrate increased inflammation and disruption of intestinal homeostasis, providing key information for aquaculture management strategies. Few studies have analyzed the impact of hypoxia on economically important fish in Chile. Understanding how they respond to this stress is key to their well-being. *Piscirickettsia salmonis*, one of the main threats to aquaculture, could be enhanced by environmental factors such as hypoxia, increasing susceptibility to disease. Exploring this interaction is essential to developing effective solutions. Proper microbiome management could optimize growth, reduce antibiotic use, and improve sustainability, lowering operating costs and minimizing the industry's environmental impact.

Keywords: *Piscirickettsia salmonis*, Infection, Hypoxia, Intestine, Fish
Financing: This work is funded by the Fondap INCAR Center (Interdisciplinary Center for Aquaculture Research) and by the Vice-Rectorate of Research and Development VIDCA DEPOST, Doctorate in Aquaculture Sciences UACh code BPD03-2024.
Acknowledgments: Laboratorio de Biología Molecular de Peces, Universidad Austral de ChileEscuela de Graduados, sede Puerto Montt, Universidad Austral de ChileFacultad de Ciencias, Universidad Austral de ChileVicerrectoría de Investigación y Desarrollo, Universidad Austral de ChileCentro Fondap INCAR

RHODOTORULA MUCILAGINOSA Y *@SOLICOCCOZYMA GELIDOTERREA*: UNA ALTERNATIVA BIOTECNOLÓGICA SOSTENIBLE PARA LA PRODUCCIÓN DE LÍPIDOS CON POTENCIAL APLICACIÓN EN ALIMENTACIÓN DE PECES

Paola Díaz Navarrete[1], Luis Marileo[2], Hugo Madrid[3], Wladimir Mardones[4], Nicol Parra[1], Patricio Dantagnan[5]

(1) Universidad Católica de Temuco, Departamento de Ciencias Veterinarias y Salud Pública, Faculta de Recursos naturales, Rudecindo ortega 02950, temuco, Chile
(2) Universidad Santo Tomás, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Recursos Naturales, Manuel Rodríguez 060, Temuco, Chile
(3) Universidad Mayor, Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Av.Alemania 281, Temuco, Chile
(4) Instituto Milenio de Biologia Integrativa, Santiago, Chile
(5) Universidad Catolica de Temuco, Departamento de ciencias agropecuarias y acuicolas, Facultad de Recursos Naturales, Rudecindo ortega 02950, temuco, Chile

La acelerada expansión de la acuicultura ha incrementado la demanda de fuentes sostenibles de proteínas y lípidos. Las levaduras oleaginosas han surgido como alternativas prometedoras, ya que algunas especies pueden acumular más del 20 % de su peso seco en lípidos, incluidos ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga (LC-PUFA).

Este estudio tuvo como objetivo caracterizar el potencial de producción lipídica de dos cepas nativas de levaduras aisladas de suelos del sur de Chile. La secuenciación del ITS identificó a *Solicoccozyma gelidoterrea* (7C) y *Rhodotorula mucilaginosa* (Rho 6S). Se evaluaron sus respuestas fisiológicas frente a diversas fuentes de carbono y compuestos inductores de estrés, así como los efectos de la relación C/N y la temperatura (7–25 °C) sobre el crecimiento y la acumulación de lípidos, utilizando un diseño experimental de superficie de respuesta. *Rhodotorula mucilaginosa* (Rho 6S) mostró una mayor μmax al crecer en xilosa, sacarosa y rafinosa. Bajo condiciones óptimas en el diseño experimental, alcanzó un contenido lipídico del 30 % y una biomasa de 2,54 g/L a 25 °C y relación C/N de 20. *Solicoccozyma gelidoterrea* demostró una flexibilidad metabólica moderada frente a fuentes alternativas de carbono, obteniendo su mejor rendimiento a 7 °C y C/N 20, con un 26,6 % de lípidos y 2,11 g/L de biomasa. En ambas cepas, una relación C/N de 90 redujo significativamente la acumulación de lípidos.

El perfil lipídico de *Rhodotorula mucilaginosa* (Rho 6S) fue nutricionalmente favorable, con razones MUFA/SAFA de 2,57–3,61, PUFA/SAFA de 1,07–2,13 y LA/ALA de 4,31–12,76. En cambio, *Solicoccozyma gelidoterrea* 7C presentó una relación PUFA/SAFA inferior a 0,86 y valores de LA/ALA que oscilaron entre 20,38 y 223,32, lo que indica un valor nutricional menor.

Este estudio demuestra el potencial de *Rhodotorula mucilaginosa* (Rho 6S) y *Solicoccozyma gelidoterrea* (7C) como fuentes sostenibles de lípidos funcionales. *Rhodotorula mucilaginosa* (Rho 6S) presentó un perfil lipídico nutricionalmente equilibrado, mientras que Solicoccozyma

gelidoterrea 7C mostró atributos tecnológicos destacables, a pesar de sus limitaciones nutricionales. Cabe destacar que este trabajo constituye el primer informe sobre acumulación de lípidos y composición de ácidos grasos en *Solicoccozyma gelidoterrea* (7C).

Keywords: LC-PUFAs, *Rhodotorula mucilaginosa, Solicoccozyma gelidoterrea,*
Financing: Fondecyt Iniciación 11240313
Acknowledgments: Laboratorio de microbiología, Departamento de Ciencias Veterinarias y Salud pública. UCTLaboratorio de Fisiología y nutrición de peces, Departamento de Ciencias Agropecuarias y Acuícolas. UCT

ANDES VIRUS-LIKE PARTICLES BEARING WILD TYPE GN/GC SPIKES AS PROOF OF CONCEPT FOR THE DEVELOPMENT OF A PROTECTIVE VACCINE AGAINST ANDES VIRUS

Dianne Díaz Ramírez[1,3], Paulina S Rubilar[3], Gianina Arata-Salas[3], Cesar A. Navarrete M[3], Nicole D. Tischler[2,3]

(1) Universidad San Sebastián, Laboratorio de Virología Molecular, Facultad de Medicina, Lota 2465, 7510602 Providencia, Santiago, Chile
(2) Universidad San Sebastián, Laboratorio de Virología Molecular, Escuela de Bioquímica, Lota 2465, 7510602 Providencia, Santiago, Chile
(3) Centro Ciencia & Vida, Fundación Ciencia & Vida, Laboratorio de Virología Molecular, Av. del Valle Nte. 725, 8580704 Huechuraba, Santiago, Chile

A member of the *Orthohantavirus* genus, is the etiologic agent of the hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS) in Chile and Argentina. Its high case fatality rate, potential for human-to-human transmission, and the absence of licensed vaccines prompts for the urgent development of safe and effective prophylactic strategies. Virus-Like Particles (VLPs) displaying the viral glycoproteins Gn and Gc represent a promising platform for vaccine development.

We conducted a pilot immunization study in female BALB/c mice (n=28) where wild-type ANDV VLPs were administered at three different antigen concentrations, formulated with two different adjuvants (A or B), with an additional negative control group receiving buffer only at the same immunization points. Vaccines were delivered subcutaneously in four immunizations at a four-week interval. Serum samples were collected 21 days after the last immunization and analyzed using an in vitro neutralization assay based on recombinant vesicular stomatitis virus expressing ANDV glycoproteins and eGFP (rVSV–GPC_ANDV).

The neutralizing antibody titers showed that formulation with adjuvant B elicited stronger neutralizing responses compared to adjuvant A. The dose–response relationship and immunization booster responses are currently analyzed. Our preliminary findings suggest that the adjuvant type is a critical determinant in optimizing the immunogenicity of ANDV VLPs. This pilot study highlights the importance of adjuvant selection in shaping protective humoral responses. Moreover, the presented results provide a methodological framework for our vaccine development project that will use improved VLPs bearing stabilized Gn/Gc spikes to further be tested in an ANDV animal challenge model for the assessment of in vivo efficacy.

Keywords: Andes virus, vaccine, Hantavirus cardiopulmonary syndrome, Gn/Gc glycoproteins, Virus-like particles
Financing: -Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), Chile, through PhD program: Beca de doctorado nacional 21241504-Grants FONDEF IDEA TA 2410051-FONDECYT 1221811 -Basal FB210008

DETERMINACIÓN DE LAS CONDICIONES ÓPTIMAS DE CULTIVO Y EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE UNA CEPA ANTÁRTICA DE *ATHELIA ARACHNOIDEA* CONTRA CEPAS DE BACTERIAS PATÓGENAS PRIORITARIAS DE LA ORGANIZACIÓN MUNDIAL DE LA SALUD

Victoria Errázuriz-Yáñez[1,2], Jaime Cabrera-Pardo[3], Franco Ilabaca-Carrasco[1,2], Gerardo González-Rocha[1,2], Andrés Opazo-Capurro[1,2]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Chacabuco 1363, Concepción, Chile
(2) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(3) Universidad del Bio Bio, Departamento de Quimica, Facultad de Ciencias, Avenida Collao 1202, Concepción, Chile

Introducción
La resistencia antimicrobiana (RAM) representa una de las principales amenazas para la salud pública global. Los hongos provenientes de ambientes extremos, como la Antártica, son una fuente poco explorada de metabolitos secundarios con potencial actividad antibacteriana. Durante la expedición antártica ECA-59 (INACH, 2023), se aisló la cepa 1831 desde un liquen, siendo identificada molecularmente como *Athelia arachnoidea*. Preliminarmente, mostró inhibición de amplio espectro contra las cepas *Escherichia coli* ATCC 25922 y *Staphylococcus aureus* ATCC 25923. Por esta razón, el objetivo de este trabajo fue determinar las condiciones óptimas de cultivo y evaluar si su actividad antibacteriana se extiende a bacterias resistentes incluidas en la lista de patógenos prioritarios de la OMS.

Materiales y métodos
Se evaluó el crecimiento y la morfología de *A. arachnoidea* 1831 en nueve medios de cultivo sólidos, tres temperaturas (4, 15 y 25 °C) y tres diámetros de inóculo (5, 6 y 8 mm). El crecimiento radial se midió diariamente durante 14 días para calcular la tasa de expansión micelial (mm/día). Posteriormente, bajo condiciones óptimas, se realizaron co-cultivos contra seis cepas clínicas resistentes, pertenecientes a la colección del repositorio del Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), estos fueron incubados a 25 °C por 96 h y posteriormente a 36 °C por 24 h.

Resultados
El crecimiento óptimo se observó en agar harina de maíz (CMA), a 25 °C con inóculos de 6 mm. Se destacó también el desarrollo en agar Sabouraud dextrosa (SDA) a 25 °C, manifestando excreción visible de compuestos al medio y producción de pigmento. En CMA, se registraron halos de inhibición frente a *Enterococcus faecium* UCO-627 resistente a vancomicina (26,1 ± 0,2 mm) y *E. coli* resistente a carbapenémicos UDEC-15 (20,15 ± 0,4 mm). En SDA se observó inhibición frente a *Acinetobacter baumannii* A-927 resistente a carbapenémicos (CRAb) (21,85 ± 1,3 mm) y *S. aureus* UCO-SA-60 meticilino resistente (MRSA) (15,2 ± 3,7 mm).

Conclusión

A. arachnoidea 1831 produjo antibiosis de amplio espectro contra bacterias resistentes prioritarias, evidenciando su potencial como fuente de nuevos metabolitos bioactivos. A su vez, la variación de resultados entre los medios sugiere su influencia en la producción de estos metabolitos.

Keywords: Co-cultivo, Hongos antárticos, Optimización, Actividad antibiótica, Patógenos de prioridad crítica

Acknowledgments: INACH regular RT_16-21

DETERMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD PROTEOLÍTICA DEL EFECTOR GTGE DE SALMONELLA TYPHIMURIUM SOBRE LAS GTPASAS MONOMÉRICAS RAB32B Y RAB32C DE DICTYOSTELIUM DISCOIDEUM

Daniel F. Escobar[1,2], Andrea Avilés[1], Pablo Queipul[1], Kimberly Goldschmidt[1], Fernando Amaya[1,2], Sergio Álvarez[1], Esteban Paredes[3], Carlos A. Santiviago[1]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Independencia, Santiago, Chile
(2) Instituto de Salud Pública de Chile, Departamento Vigilancia Sanitaria e Investigación, Subdepartamento de Investigación e Innovación, Marathon 1000, Ñuñoa, Santiago, Chile
(3) Instituto de Salud Pública de Chile., Laboratorio Nacinal y de Referencia en Salud Ambiental, Sección de Microbiología de Alimentos, Marathon 1000, Ñuñoa, Santiago, Chile

El efector GtgE es una cisteína proteasa secretada por los sistemas de secreción de tipo III codificados en las islas de patogenicidad SPI-1 y SPI-2 de Salmonella Typhimurium. Este efector proteoliza a las GTPasas monoméricas eucariontes de la subfamilia Rab32, lo que contribuye a la supervivencia intracelular de S. Typhimurium en macrófagos de mamífero. Recientemente, nuestro grupo determinó que mutantes *ΔgtgE* de S. Typhimurium presentan una supervivencia intracelular atenuada en la ameba *Dictyostelium discoideum*. El análisis del genoma de este organismo en busca del blanco molecular de GtgE permitió identificar cuatro ORFs que codifican variantes de *Rab32*, denominadas *Rab32A, Rab32B, Rab32C y Rab32D*. Todas esta variantes presentan la secuencia aminoacídica reconocida por GtgE en sus blancos de proteólisis. Con esto en mente, mediante ensayos de coexpresión heteróloga en E. coli demostramos que GtgE proteoliza a Rab32A, pero no a Rab32D. En el presente estudio, nos propusimos evaluar la actividad proteolítica de GtgE sobre las variantes Rab32B y Rab32C de *D. discoideum*. Para esto, se amplificaron los ORFs de rab32B y rab32C mediante PCR y se clonaron en el vector comercial pGEM-T. La fidelidad de las construcciones generadas se confirmó mediante secuenciación. Posteriormente, ambos ORFs se subclonaron en el vector de expresión comercial pBAD-TOPO como proteínas de fusión al epítopo 6xHis para su posterior detección mediante Western blot. La fidelidad de las construcciones generadas también se confirmó mediante secuenciación. La expresión de las proteínas recombinantes Rab32B-6xHis y Rab32C-6xHis se validó mediante análisis de SDS-PAGE y Western blot. Finalmente, se realizó un ensayo de coexpresión de Rab32B-6xHis o Rab32C-6xHis en una cepa de *E. coli* que también expresa el efector GtgE de S. Typhimurium o una variante del efector sin actividad catalítica (GtgEH151A) como control. Mediante análisis de Western blot se determinó que GtgE proteoliza a Rab32B-6xHis y a Rab32C-6xHis, mientras que la variante GtgEH151A no presentó actividad proteolítica sobre ambas proteínas. En conjunto, nuestros resultados sugieren que las GTPasas monoméricas Rab32A, B y C de D. discoideum son blancos de la cisteína proteasa GtgE, a diferencia de la variante Rab32D que no es proteolizada por dicho efector.

Keywords: Salmonella, *Dictyostelium discoideum*, GtgE, GTPasas Rab32
Financing: Este trabajo fue financiado por el proyecto FONDECYT 1212075 y las becas CONICYT/ANID 21230807 y 21191925.

EVALUACIÓN DE LA FORMACIÓN DE CÉLULAS PERSISTENTES ESTOCÁSTICAS EN *BLAUTIA COCCOIDES, BLAUTIA LUTI Y BLAUTIA WEXLERAE*

Fernando Escobar[1], Osvaldo Inostroza[1], Gustavo Saavedra[1], Leonardo Enríquez[2], David A. Montero[2], Fernando Gil[1]

(1) Universidad de los Andes, Microbiota-Host Interactions & Clostridia Research Group, Center for Biomedical Research and Innovation (CIIB), Universidad de los Andes, Chile, Facultad de Medicina, Universidad de los Andes, San Carlos de Apoquindo 2500, Las Condes, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(2) Universidad De Chile, Núcleo Interdisciplinario de Microbiología, Facultad de Medicina, Av. Independencia 1027, 8380453 Santiago, Independencia, Región Metropolitana, Santiago, Chile

El género *Blautia*, integrado por bacterias Gram positivas, cocoides y anaerobias estrictas entre ellas *Blautia coccoides, Blautia luti y Blautia wexlerae*, participa en la modulación del sistema inmune y se ha vinculado con las enfermedades inflamatorias intestinales. En el tracto gastrointestinal estas bacterias enfrentan fluctuaciones de nutrientes, estrés oxidativo, antimicrobianos y presión inmunitaria, y aun así colonizan y persisten; no obstante, los mecanismos que sustentan su supervivencia siguen poco descritos. Un camino plausible es la adaptación fenotípica mediante la formación de células persistentes: subpoblaciones no mutantes que reducen metabolismo y división, entrando en un estado reversible que favorece la supervivencia frente a múltiples estresores. En patógenos y comensales como *Escherichia coli, Salmonella, Staphylococcus aureus y Clostridioides* difficile se han documentado persistentes estocásticas e inducidas. En nuestro laboratorio, el uso de un tratamiento de lisis permitió enriquecer cultivos de *C. difficile* en células persistentes estocásticas y visualizarlas por microscopía de epifluorescencia con fluoróforos, evidenciando viabilidad y metabolismo residual de ARN. Para *Blautia*, la capacidad de formar células persistentes no está caracterizada. Planteamos la hipótesis de que *B. coccoides, B. luti y B. wexlerae* generan células persistentes estocásticas in vitro. Aplicamos un tratamiento de lisis a cultivos en fases exponencial y estacionaria, observando curvas bifásicas compatibles con persistencia. Combinamos yoduro de propidio y tioflavina-T con el tratamiento de lisis para determinar viabilidad y actividad metabólica; identificamos subpoblaciones viables de metabolismo reducido, coherentes con un fenotipo persistente. Este trabajo constituye la primera caracterización de persistencia en comensales del género *Blautia* y sugiere mecanismos de adaptación a estrés intestinal relevantes para la estabilidad de la microbiota. Tales hallazgos podrían orientar el desarrollo de probióticos más resilientes y aportar bases mecanísticas para comprender patologías relacionadas con disbiosis, cuya carga es considerable: colitis ulcerosa y enfermedad de Crohn (~0,1% de la población), diabetes tipo 2 (≈10,5%) y obesidad (≈13%).

Financing: Fondecyt Regular #1250831

POTENCIAL MICROBIOLÓGICO DE BACTERIAS PIGMENTADAS EN LA SÍNTESIS DE CAROTENOIDES PARA EL SECTOR AGROPECUARIO

Nicolás Escobar Fierro[1], Javiera Concha Orellana[1], Daniela Beatriz Figueroa Minder[1], Veronique Amiard[1], Nathalia Baptista Dias[1]

(1) Universidad de la Frontera, SmartC Bioren - Ufro, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

La producción de carotenoides funcionales ha representado un desafío creciente para la alimentación animal, debido a su alta demanda, costos elevados y dependencia de fuentes sintéticas o vegetales, muchas veces estacionales y de alto impacto ambiental. Este proyecto propuso una alternativa biotecnológica basada en el uso de bacterias pigmentadas no patógenas, aisladas de suelos agroecológicos de la Región de La Araucanía (Chile), capaces de producir carotenoides de interés industrial como β-caroteno, luteína, zeaxantina y astaxantina. La hipótesis planteó que cepas bacterianas autóctonas, optimizadas mediante cultivo controlado, podían funcionar como "biofábricas" para generar carotenoides de alta pureza y funcionalidad. El objetivo general fue evaluar el crecimiento y la capacidad de producción de carotenoides funcionales de bacterias pigmentadas no patógenas de la Región de La Araucanía para su aplicación como suplemento natural en la alimentación animal. Los objetivos específicos fueron: (i) aislar y seleccionar bacterias pigmentadas con potencial para la producción de carotenoides funcionales; (ii) evaluar el crecimiento y el rendimiento pigmentario de las cepas seleccionadas; (iii) identificar y cuantificar los carotenoides producidos mediante espectrofotometría y HPLC-DAD; y (iv) verificar la inocuidad de las cepas para su uso en alimentación animal. Las 6 cepas seleccionadas fueron caracterizadas microbiológicamente, evaluadas por su crecimiento y rendimiento pigmentario, e identificadas y cuantificadas mediante espectrofotometría y cromatografía líquida de alta resolución (HPLC-DAD). Asimismo, se verificó la inocuidad de las cepas mediante análisis microbiológicos y bioinformáticos, y se evaluó la estabilidad de los compuestos para su aplicación en dietas animales. Los resultados indicaron que las bacterias aisladas presentaron perfiles pigmentarios compatibles con carotenoides de alto valor comercial, confirmados por cromatogramas de estándares y observaciones morfológicas. Las primeras etapas de cultivo demostraron que fue posible obtener concentraciones detectables y reproducibles de pigmentos, validando la hipótesis inicial. En conclusión, este estudio demostró el potencial de bacterias pigmentadas autóctonas como fuente sostenible y económica de carotenoides funcionales. La propuesta sentó las bases para el desarrollo de un suplemento natural innovador, escalable y ambientalmente responsable, con aplicaciones en acuicultura, avicultura y ganadería, contribuyendo a la competitividad del sector y a la sostenibilidad ambiental.

Keywords: Bioprospección microbiana, Carotenoides, HPLC-DAD, Suelos, Microbiología
Financing: Bioren-Ufro, adjudicación de proyecto Innova Sur Sur 2024.
Acknowledgments: Agradezco a Dios por ser mi impulso, a mi familia y amigos por su cariño y paciencia, y especialmente al equipo de Bioren-Ufro por brindarme esta invaluable oportunidad de crecimiento.

GENERACIÓN DE CEPAS DE LEVADURAS MÁS EFICIENTES EN LA PRODUCCIÓN DE ALCOHOL PARA FERMENTACIÓN VÍNICA

Sixsy Espinosa[1], Yosbany Pérez Barrios[1], Eduardo Kessi Pérez[2], Melissa Gómez Ríos[2], Claudio Martínez Fernández[1,2]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ciencia y Tecnología en Alimentos, Facultad Tecnológica, Avenida El Belloto 3735, Estación Central, Santiago de Chile, Chile
(2) Universidad de Santiago de Chile, Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología en Alimentos CECTA-USACH, 050 Obispo Manuel Umaña Salinas, Santiago de Chile, Chile

La levadura *Saccharomyces cerevisiae* es ampliamente utilizada en la industria de alimentos por su capacidad fermentativa, siendo fundamental en la producción de vino. En Chile, la exportación de vino a granel ha aumentado en la última década; sin embargo, estos suelen elaborarse con uvas de bajo contenido de azúcar, lo que provoca bajos contenidos de alcohol. El objetivo de este estudio fue obtener cepas con mayor eficiencia en la conversión de azúcares a etanol para su uso en la industria vínica. Para ello se implementó un programa de mejoramiento genético por cruzamiento intraespecíficos mediante micromanipulación dirigida para generar híbridos a partir de cepas colectadas en Chile. Los híbridos fueron confirmados por análisis de microsatélites utilizando partidores específicos y analizados mediante electroforesis capilar. Los híbridos se evaluaron fenotípicamente mediante fermentaciones en mosto sintético suplementado con 300 mg/L de nitrógeno asimilable por levadura (YAN), 100 g/L de glucosa y 100 g/L de fructosa. Las fermentaciones se realizaron a 25 °C durante 24 días, registrando la pérdida de CO_2 como indicador de progreso fermentativo. Al término del proceso, el sobrenadante se analizó por HPLC para cuantificar metabolitos y determinar su rendimiento en etanol.

De las 14 familias analizadas se obtuvieron 92 híbridos, de los cuales 12 superaron en rendimiento a sus parentales. Una cepa en particular mostró un incremento de 0,08 unidades en su rendimiento respecto al promedio de los padres. Estas cepas será evaluadas a nivel piloto y permiten un análisis genético posterior para identificar las variables alélicas responsables de la mejora observada.

Keywords: *Saccharomyces cerevisiae*, Programa de mejoramiento, microsatélites, Fermentación, eficiencia
Financing: Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1250815, Beca ANID Folio 21231455.
Acknowledgments: Agradecer a todo el equipo del Laboratorio de Microbiología Aplicada de la USACH

EL DOMINIO METALOPEPTIDASA M91 DE LA PROTEÍNA EFECTORA SED_RS06335 DEL T6SS CODIFICADO EN LA ISLA SPI-19 EN *SALMONELLA* DUBLIN EXHIBE ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA

Patricio Espinoza[1], Carla Vargas-del Río[1], Ayleen Parra-Calisto[2], Victoria Soriano-Mora[1], Carlos J. Blondel[3], Fernando A. Amaya[4], Carlos A. Santiviago[4], David Pezoa Aros[1]

(1) Universidad de Las Américas, Núcleo de Investigación en One Health, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Department of Chemical Engineering, Biotechnology and Materials. Centre for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB), Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Av. Beauchef 851, Santiago, Chile
(3) Universidad Andrés Bello, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Echaurren 183, Santiago, Chile
(4) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile

Los Sistemas de Secreción Tipo VI (T6SS), ampliamente distribuidos en bacterias Gram-negativo, contribuyen en competencia interbacteriana y patogénesis. Los T6SS son sistemas que secretan proteínas efectoras hacia células blanco procariontes y/o eucariontes. En Salmonella, existen cinco clusters de genes T6SS codificados en las islas SPI-6, SPI-19, SPI-20, SPI-21 y SPI-22, distribuidas diferencialmente entre serotipos. *Salmonella enterica* serotipo Dublin (S. Dublin) es un patógeno de bovinos que posee dos T6SS codificados en SPI-6 y SPI-19 asociados a la colonización del hospedero y a actividad antibacteriana. El fenotipo antibacteriano asociado al T6SS de SPI-19 en S. Dublin se produce en parte por el efector SED_RS06335, una proteína Rhs de 1406 aminoácidos que posee un dominio PAAR N-terminal y un dominio metalopeptidasa M91 C-terminal. Sin embargo, la función de este dominio C-terminal en la actividad antibacteriana de SED_RS06335 no se ha determinado. Para comprobar si el dominio M91 es responsable de la actividad antibacteriana de SED_RS06335, se realizaron ensayos de competencia interbacteriana utilizando diferentes combinaciones de cepas atacantes y presas. Nuestros resultados mostraron que la mutante que carece del módulo SED_RS06335/SED_RS06340 presenta una supervivencia reducida tras la co-incubación con la cepa silvestre. Por el contrario, las cepas que carecen del gen SED_RS06335 o de su región C-terminal, pero que conservan la proteína de inmunidad SED_RS06340, no mostraron disminución de la supervivencia al coincubarse con la cepa silvestre. Interesantemente, la viabilidad de cepas que carecen de SED_RS06335 o del módulo SED_RS06335/SED_RS06340 fue similar a la de una cepa que expresa el efector SED_RS06335 sin su dominio C-terminal. Para confirmar estos resultados, se realizó un ensayo de expresión heteróloga en que una versión de M91 con o sin un péptido señal periplasmático (clonados en pRSFDuet1) fueron altamente tóxicos para *E. coli* BL21, mientras que no se observó toxicidad cuando sólo se expresó SED_RS06340 (clonado en pBAD33.1). Además, un modelo estructural del dominio C-terminal de SED_RS06335 reveló una gran similitud con el dominio catalítico de la neurotoxina botulínica tipo A (BotA) de Clostridium

botulinum. Estos resultados demuestran que el dominio M91 de SED_RS06335 es responsable de su actividad antibacteriana, probablemente mediada por actividad metalopeptidasa.

Keywords: Salmonella, T6SS, efector, proteína de inmunidad, Actividad antibacteriana
Financing: FONTAGRO ATN/RF-18136-RG, FONDECYT 11240160, 1212075, 1241637, ECOS-ANID ECOS200037 and HHMI-Gulbenkian International Research Scholar Grant #55008749.

IDENTIFICACIÓN DE MICROORGANISMOS Y COMPUESTOS BIOACTIVOS EN KOMBUCHA: HACIA LAREVALORIZACIÓN DE BEBIDAS FERMENTADAS

Constanza Estrada Perez[1], Marielle Valenzuela[1], María José Torres Ossandón[1], Luis Castillo Barahona[1], Verónica Plaza Santana[1]

(1) Universidad de La Serena, Departamento de Biología, Laboratorio de Bioquímica y Biología Molecular.

La kombucha es una bebida fermentada no alcohólica elaborada a partir de té endulzado y un consorcio simbiótico de bacterias y levaduras (SCOOBY). Algunos estudios han permitido identificar los microorganismos presentes en ellos, sin embargo, gracias a la diversidad de comunidades bacterias y de levaduras, cada SCOOBY presenta su propia población microbiana. El objetivo de este estudio fue identificar los microorganismos presentes tanto en el SCOBY como en la bebida de kombucha mediante análisis genéticos basados en las regiones ITS y 16S. Paralelamente, se evaluó la composición proximal y la presencia de compuestos bioactivos en diferentes muestras de kombucha. Se realizaron diluciones seriadas de la fracción liquida (bebida final) y de la fracción solida (SCOOBY), que fueron cultivadas en medios selectivos (LB, Muller, YPD y Malta). A partir de estas se aislaron colonias en cultivo líquido, se extrajo ADN y se amplificaron fragmentos por PCR, empleando primers específicos para levaduras y bacterias, secuenciando los productos por ez-Sanger. Los resultados permitieron identificar levaduras como: *Saccharomyces cerevisiae, Zygosaccharomyces bailii* y bacterias de los generos *Bacillus* spp. y *Paenibacillus* spp. En cuanto a su composición, la kombucha estudiada presento un perfil hipocalorico (33 kcal/100ml), bajo en azucares (5,7 g/100 mL), sin proteínas ni grasas detectables, con actividad antioxidante de 61,6 mg ET/100 mL, polifenoles totales de 42,5 mg EAG/100 mL y etanol 0,4% v/v. Estos resultados, respaldan la propuesta de que la kombucha representa un alimento saludable y con potencial interés funcional.

Keywords: Kombucha, Scooby, Fermentación, Caracterización fisicoquímica, Caracterización genetica
Financing: Proyecto territorio colaborativo ULS2295

LA NIEBLA MARINA IMPULSA EL DESARROLLO DEL ECOSISTEMA EN EL DESIERTO DE ATACAMA

María del Pilar Fernandez Murillo[1], Erasmo Cifuentes[1], Antonia Beggs[1], Marlene Manzano[1], Ignacio Gutierrez[2], Contanza Vargas[3], Camilo del Rio Lopez[3,4], Fernando Alfaro[1]

(1) GEMA Center for Genomics Ecology & Environment, Universidad Mayor, Camino La Pirámide 5750 Huechuraba, Santiago, Chile.
(2) Extreme Ecosystem Microbiomics & Ecogenomics Lab., Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile
(3) Instituto de Geografía, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
(4) Centro UC Desierto de Atacama, Pontificia Universidad Católica de Chile, Alameda 340, Santiago, Chile.

Los aportes hídricos no provenientes de la precipitación, como la niebla y el rocío, impulsan procesos ecológicos críticos en ecosistemas áridos. La niebla marina transporta y deposita elementos esenciales tierra adentro, favoreciendo la biodiversidad y el funcionamiento ecosistémico. En este estudio, evaluamos el papel de la niebla marina en promover el desarrollo del suelo superficial y del ecosistema en el desierto de Atacama. Para ello, en la estacón de investigación ubicado en Atacama - Alto Patache instalamos seis colectores de niebla estandarizados (1×1 m), incrementando el aporte hídrico a parcelas (0,5×1 m) bajo cada colector. Las parcelas se ubicaron en sitios con <5% de cobertura de costras biológicas. En cada parcela, medimos propiedades del suelo (fisicoquímica y estabilidad), comunidades microbianas (arqueas, bacterias, hongos y protistas) y vegetación (cobertura y riqueza) en 0, 24 y 48 meses. Nuestros resultados muestran que, tras 48 meses de monitoreo el aporte de agua por niebla modifico los suelos previamente desnudos, sin vegetación ni desarrollo edáfico, a suelos dominados por costras biológicas. La transición hacia costras dominadas por líquenes y musgos se acompañó de cambios en las propiedades del suelo, incluyendo acumulación de nutrientes y materia orgánica. Los suelos superficiales pasaron de un pH alcalino a valores cercanos a la neutralidad y se volvieron más estables, compactos y eficientes en la retención de agua. Estas mejoras se asociaron con un aumento de la diversidad microbiana, arqueas, bacterias, hongos, algas e invertebrados. A su vez, la diversidad microbiana se vinculó positivamente con funciones ecosistémicas como ciclo del agua, estabilización del suelo, descomposición y productividad. Concluimos que un aporte sostenido de niebla puede acelerar el desarrollo del suelo superficial bajo aridez extrema. Bajo escenarios futuros de mayor ocurrencia de niebla, los suelos de Atacama podrían sostener alta diversidad taxonómica y funcional, destacando la importancia de los aportes hídricos no pluviales en el desierto costero del norte de Chile.

Keywords: Aridity, Microbiota in Desert, Fog, Multidiversity, Multifunctionality
Financing: Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT)1220358.
Acknowledgments: Agradecimiento a la Estación Atacama UC-Alto Patache

LOS SISTEMAS DE SECRECIÓN TIPO VI DE CEPAS DE SALMONELLA AISLADAS EN CHILE CODIFICAN NUEVOS EFECTORES CON ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA Y/O ANTIEUCARIÓTICA CANDIDATA

Esteban Fernández[1], Ayleen Parra-Calisto[2], Carla Vargas-del Río[3], Carlos J. Blondel[4], Victoria Soriano-Mora[3], Fernanda Salazar-Salas[5], Patricio Espinoza-Jara[3], María José Faúndez[1], Andrea Avilés[6], Fernando Amaya[6], Carlos A. Santiviago[6], Dácil Rivera[3], David Pezoa Aros[3]

(1) Universidad Andrés Bello, Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias de la Vida, República 470, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Department of Chemical Engineering, Biotechnology and Materials, Centre for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB), Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Av. Beauchef 851, Santiago, Chile
(3) Universidad de Las Américas, Núcleo de Investigación en One Health, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Santiago, Chile
(4) Universidad Andrés Bello, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Echaurren 183, Santiago, Chile
(5) Universidad del Alba, Escuela de Medicina, Facultad de Salud, Av. Ejército Libertador nº 171, Santiago, Chile
(6) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile

Los Sistemas de Secreción Tipo VI (T6SS), ampliamente distribuidos en bacterias Gram-negativo, contribuyen en competencia interbacteriana y patogénesis. Los T6SS son sistemas contráctiles que inyectan proteínas efectoras hacia células blanco procariontes y/o eucariontes. En Salmonella, existen cinco regiones de genes que codifican T6SS en las islas de patogenicidad SPI-6, SPI-19, SPI-20, SPI-21 y SPI-22, distribuidas diferencialmente entre distintos serotipos. Análisis previos identificaron 43 efectores T6SS candidatos en genomas de Salmonella depositados en bases de datos públicas. Para ampliar el repertorio de efectores T6SS de distintos serotipos de Salmonella, se realizó un análisis bioinformático y de genómica comparativa utilizando 500 genomas de cepas de Salmonella aisladas en Chile, obtenidos de la plataforma NCBI. Inicialmente, se identificaron regiones de genes T6SS mediante la utilización del servidor SecreT6, revelando que la mayoría de los aislados portan el T6SS de SPI-6, mientras que los T6SS de SPI-19, SPI-20 y SPI-21 T6SS se detectaron en aislados de unos pocos serotipos, no identificándose el T6SS de SPI-22. Posteriormente, cada ORF de cada T6SS identificado se evaluó utilizando herramientas bioinformáticas para la predicción de efectores, identificación de proteínas de inmunidad y predicción bioquímica estructural y funcional. Este análisis detectó 37 de las 43 proteínas efectoras T6SS descritas anteriormente en Salmonella. Además, se identificaron dos nuevas proteínas efectoras con potencial actividad antibacteriana en SPI-6: una citidina desaminasa con potencial actividad DNasa (DeamC_Cytidine_deaminase) y un efector con potencial actividad RNasa (PAAR-RhsA-COG4290). Además, en SPI-19 se identificaron dos efectores con actividad RNasa candidata (Tox-Rease-5 y PAAR-RhsA-Ntox33). Interesantemente, se identificaron 5 nuevos efectores

en SPI-21: 2 efectores con actividad potencial de formación de poros en la membrana (toxina Ttc y T6SS_Burk_ExlF), un efector con actividad peptidoglicano hidrolasa putativa (GlycoHydro_19), un efector con actividad potencial de desacetilasa de polisacáridos y uno con un mecanismo DNasa putativo (Col_Pyo_DNase_HNHc). Finalmente, se identificaron dos nuevos efectores con actividad antieucarionte candidata (Fosfolipasa y DSP tirosina fosfatasa) en una isla VgG codificada en algunos aislados de Salmonella no tipificados. En resumen, este estudio amplía el repertorio de efectores T6SS de Salmonella demostrando que SPI-6, SPI-19 y SPI-21 codifican un número considerable de efectores antibacterianos y antieucarióticos candidatos

Keywords: Salmonella, T6SS, efector-proteína de inmunidad, antibacteriano, antieucariótico
Financing: FONTAGRO ATN/RF-18136-RG, FONDECYT 11240160, 1212075, 1241637, ECOS-ANID ECOS200037 and HHMI-Gulbenkian International Research Scholar Grant #55008749.

IMPACTO DE MICOVIRUS EN EL METABOLISMO FERMENTATIVO DE LEVADURAS VÍNICAS

Javiera Ferreira Llanquiman[1,3], Elizabeth Peña Reyes[2], Liliana Godoy Olivares[3]

(1) Universidad Tecnológica Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias Naturales, Matemáticas y del Medio Ambiente, Las Palmeras 3360, Ñuñoa, Santiago, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Ciencias Vegetales, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Avenida Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Chile
(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Fruticultura y Enología, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Avenida Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Chile

El vino ocupa un lugar destacado en la industria alimentaria debido a sus propiedades organolépticas, las cuales dependen en gran medida de la actividad metabólica de las levaduras durante la fermentación. Esta actividad puede verse comprometida por infecciones con micovirus, que inducen síntomas como la liberación de toxinas, alteraciones morfológicas y aumento de la capacidad competitiva frente a otras levaduras u hongos filamentosos. Este estudio tuvo como objetivo detectar micovirus en levaduras vínicas, caracterizar filogenéticamente los virus presentes y evaluar su impacto sobre parámetros fermentativos. Se realizó un screening de 24 cepas mediante extracción de ARN de doble cadena (dsRNA), identificándose fragmentos virales en seis cepas, cinco de *Saccharomyces cerevisiae* y una de *Torulaspora delbrueckii.* En estas cepas se evaluó cualitativamente la presencia del factor killer en medio Sabouraud con azul de metileno, obteniéndose tres aislados positivos. Las muestras con dsRNA fueron secuenciadas y analizadas filogenéticamente, identificándose tres micovirus, dos de la familia Orthototiviridae y uno de Narnaviridae, previamente reportados en levaduras. Se realizaron fermentaciones individuales en mosto natural con las seis cepas dsRNA positivas. Debido a la falta de cepas curadas libres de micovirus correspondientes a las analizadas, se emplearon como controles cepas sin micovirus pertenecientes a la misma especie y con características enológicas comparables, a fin de aproximar el efecto diferencial atribuible a la presencia del micovirus. Se evaluaron μmax fermentativa, tiempo generacional, rendimiento (AUC) y fase lag. Las cepas de *T. delbrueckii* mostraron diferencias en el tiempo generacional, mientras que las de *S. cerevisiae* presentaron variaciones en μmax, tiempo generacional y fase lag. El análisis por HPLC de los vinos reveló diferencias en la concentración de ácido málico, succínico, láctico, acético, glicerol, trehalosa y etanol entre cepas infectadas y controles, lo que sugiere que los micovirus podrían modular rutas metabólicas durante la fermentación. Estos hallazgos sugieren que la presencia de micovirus podría influir en el fenotipo fermentativo de las levaduras vínicas. No obstante, los resultados deben interpretarse como evidencia preeliminar de una posible modulación viral, y será necesario realizar estudios adicionales para validar estas observaciones.

Keywords: Micovirus, *Saccharomyces cerevisiae, Torulaspora delbrueckii*, Levaduras, Vino
Financing: Proyecto CORFO 23CVC-245655

MOLECULAR INSIGHTS INTO ANDES VIRUS CELL EXIT STRATEGIES: GN/GC SPIKE BIOGENESIS, ACID SENSITIVITY AND PROTECTION IN THE SECRETORY PATHWAY

Fabián Figueroa[1], Gianina Arata[1], Claudio Retamal[2], Alfonso González[2], Nicole D. Tischler[1,3]

(1) Centro Científico y Tecnológico de Excelencia Ciencia & Vida, Fundación Ciencia & Vida, Laboratorio de Virología Molecular, Av. del Valle 725, Santiago, Chile
(2) Universidad San Sebastián, Centro de Biología Celular y Biomedicina (CEBICEM), Facultad de Ciencias, Av. del Valle 725, Santiago, Chile
(3) Universidad San Sebastián, Escuela de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Av. del Valle 725, Santiago, Chile

Introduction: Hantaviruses infect cells through a hetero-octameric Gn/Gc spike complex that mediates receptor binding and subsequent virus-cell membrane fusion. Membrane fusion is triggered by exposure of Gc to mildly acidic pH in endosomes, inducing an irreversible conformational change into a stable post-fusion Gc-homotrimer (Gc3). While for other class II viral fusion proteins such as those from alpha- and flaviviruses, the biogenesis, priming and acid-protection mechanisms from activation through the mildly acidic pH in the secretory pathway, such a protection remains yet to be discovered for the hantavirus Gn/Gc spikes.
Materials and Methods: RER and Golgi enriched fractions were obtained from HEK293FT expressing ANDV GPC through calcium chloride precipitation and sucrose gradients, respectively. Gc from both fractions were tested to low pH sensitivity by semi-native gels and sucrose sedimentation. Co-localization of a quaternary epitope of Gn/Gc within the rough endoplasmic reticulum (RER) and Golgi apparatus (GA) was assessed by fluorescent microscopy.

Results: We found that Gc in RER-enriched fractions is sensitive to low pH, undergoing transition into a stable post-fusion Gc homotrimer. In contrast, in GA-enriched fractions, Gc showed a reduced post-fusion Gc homotrimer induction, suggesting protection of Gn/Gc in this cellular compartment. Further, high-resolution fluorescence microscopy results show that the quaternary epitope, previously described to recognize Gn/Gc on the mature virus, is present in two different patterns; one co-localizing with the GA, but not with the ER, and at later time points in a punctate, peripheral pattern. A short pulse with an acidic medium results in the loss of the punctate structures, suggesting absence of low-pH resistance in those vesicles.
Discussion: Our data suggests, that Gc can readily undergo homotrimerization into the stable post-fusion form in the RER. However, the absence of reactivity in the RER with the quaternary epitope present on mature virions suggests the absence of the mature Gn/Gc conformation present on the virus. On the other hand, in the Golgi, we observed that Gn/Gc form the quaternary Gn/Gc epitope, however, Gc was at least partially protected from low-pH activation, suggesting that an additional maturation step must occur before forming acid-sensitive virions.

Keywords: Hantaviurs, Cell exit, Membrane fusion
Financing: FONDECYT 1221811, FONDEF IDeA TA24I10051 and Basal FB210008.

EVALUACIÓN DE LA INTERACCIÓN FÍSICA ENTRE *FUSOBACTERIUM NUCLEATUM, STREPTOCOCCUS GORDONII Y STREPTOCOCCUS SANGUINIS* Y SU PAPEL EN LA INFECCIÓN DE CÉLULAS EPITELIALES ORALES

Dylan Figueroa Bustamante[1,2], Valentina Figueroa Segura[1], Daniela Salinas[2], J. Mysan Tapia Pino[1], Carlos Crisóstomo Daza[1], Matías Morales Zamorano[2], Loreto Abusleme[2], Anilei Hoare[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Ecología de la Microbiota Oral, Facultad Odontología, Santiago, Chile.
(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología e Inmunología Oral, Facultad de Odontología, Santiago, Chile.

La periodontitis resulta de la interacción compleja entre el hospedero y una biopelícula subgingival disbiótica, la cual se forma en etapas sucesivas que incluyen la coagregación y coadhesión de distintas especies bacterianas en suspensión. *Fusobacterium nucleatum* se encuentra en proporciones similares tanto en condiciones de salud como en periodontitis, y se ha descrito que puede interactuar con diversas especies del género *Streptococcus,* favoreciendo el establecimiento de la biopelícula y la destrucción tisular. Dentro de este género, *Streptococcus gordonii y Streptococcus sanguinis* se asocian habitualmente con la salud periodontal. No obstante, se ha reportado que podrían establecer relaciones críticas en la comunidad asociada a periodontitis, según análisis de correlación predictivo. Sin embargo, las interacciones específicas entre *F. nucleatum y S. sanguinis y/o S. gordonii,* así como su influencia en la modulación de la patogenicidad de *F. nucleatum*, aún no han sido completamente dilucidadas. En el presente estudio, utilizamos un modelo experimental que incluye las tres especies para evaluar los procesos de coagregación y formación de biopelícula, así como el efecto en la sobrevida de cada una de las especies y su interacción con la línea celular epitelial oral. Nuestros resultados muestran que la suspensión bacteriana de *F. nucleatum* con *S. sanguinis* y/o *S. gordonii* potenció la formación de biopelículas. El crecimiento de *F. nucleatum* fue suprimido en los medios condicionados de *S. sanguinis* y de *S. gordonii*. En los ensayos de coinfección, la presencia de *S. sanguinis* incrementó la adhesión de *F. nucleatum*, pero inhibió su capacidad de invasión, efecto que también se observó con *S. gordonii*. Por el contrario, la interacción simultánea con ambas especies de *Streptococcus* aumentó tanto la adhesión como la invasión de *F. nucleatum* sobre las células OKF6-TERT2. Nuestros resultados sugieren una posible modulación positiva de la patogenicidad de *F. nucleatum* al interactuar con especies de *Streptococcus*. No obstante, se requieren estudios adicionales para dilucidar en detalle la dinámica de estas interacciones bacterianas y determinar su impacto en el contexto de la periodontitis.

Keywords: *Fusobacterium nucleatum, Streptococcus sanguinis, Streptococcus gordonii,* Interacciones bacterianas, Patogenicidad
Financing: FONDECYT regular 1231728; FONDECYT regular 1251739
Acknowledgments: Agradezco al Laboratorio de Ecología de la Microbiota Oral de la Universidad Andrés Bello y el Laboratorio de Microbiología e Inmunología Oral de la Universidad de Chile. Asimismo, a los proyectos FONDECYT por el financiamiento de este trabajo.

EFECTO DE LA DIETA ALTA EN GRASAS SOBRE LA COMPOSICIÓN BACTERIANA, FÚNGICA Y VIRAL MICROBIOTA INTESTINAL A DIFERENTES TIEMPOS DE EXPOSICIÓN.

Fernanda Figueroa-Ajraz[1], Karoll González-Pizarro[1], Claudia Ibacache-Quiroga[1,2]

(1) Centro de Micro-Bioinnovación, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Chile.
(2) Escuela de Nutrición y Dietética, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Chile.

La microbiota intestinal (MI) es una comunidad microbiana fundamental en diversas funciones fisiológicas y metabólicas, modulada por la dieta. Debido a su importancia, conocer los efectos de la dieta en la MI es fundamental. En este contexto, este trabajo evaluó el efecto de la dieta alta en grasa (HFD) sobre la conformación de la MI en población adulta, utilizando un modelo animal. Para esto, ratas Sprague-Dawley macho, adultas (PND60) fueron sometidas a HFD por 4, 8 y 12 semanas y se comparó con un grupo con dieta control (CD). El análisis de MI se realizó a partir del contenido cecal, utilizando secuenciación metagenómica shotgun (Illumina paired-end 2x150 bp) sobre ADN total. La calidad de las secuencias se evaluó mediante FastQC, seguido de un filtrado con Trimmomatic y posterior ensamblaje con Megahit. La clasificación taxonómica se realizó utilizando Kraken2 con la base de datos Standard. Los análisis de diversidad (alfa y beta), abundancia relativa y abundancia diferencial mediante los paquetes phyloseq y ANCOMBC en R. Los resultados muestran que la HFD disminuye la alfa-diversidad, medida por Chao1 y Observed, desde las 4 semanas de intervención, mientras que el índice de Shannon no presenta variaciones significativas. Respecto a la beta-diversidad se observó que a partir de las 4 semanas de HFD hay cambios en la estructura de la comunidad respecto al control. El análisis de abundancia relativa mostró que la HFD produce aumento del phylum Bacillota y una reducción de Bacteroidota, en todos los tiempos. En el viroma intestinal, predomina Uroviricota en todos los tiempos y dietas, sin embargo, se observó un aumento de Negarnaviricota en los grupos HFD. En cuanto al micobioma no se detectaron cambios significativos. Al analizar la abundancia diferencial, se observa que HFD produce variaciones significativas en los phyla bacterianos Deferribacterota, fungicos Parabasalia y Cercozoa, así como en el phylum viral Negarnaviricota. Los resultados obtenidos muestran que la disbiosis inducida por HFD no se limita a bacterias, sino que afecta integralmente a la ecología microbiana intestinal, lo que podría contribuir a la comprensión de los mecanismos mediante los cuales la dieta influye en la salud metabólica y gastrointestinal.

Keywords: Microbiota intestinal, Dieta alta en grasas
Financing: Financiamiento (agradecimientos): Proyecto Fondecyt de Iniciación 11230323, Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID). Centro de Micro-Bioinnovación (DIUV-CIDI 15/2024), Universidad de Valparaíso.

TRANSCRIPTOMIC PROFILING OF THE SPONGE HOLOBIONT: INSIGHTS IN A SYMBIOSIS LIFESTYLE MEDIATED BY SECRETION.

Patricio Flores-Herrera[1], Mario Moreno-Pïno[1], María F. Manrique de la Cuba[1], Nicole Trefault[1]

(1) Universidad Mayor, GEMA Center for Genomics, Ecology & Environment, Facultad de Ciencias, Cam. La Pirámide 5750, Santiago, Chile.

Sponges host a complex microbial consortium whose functional traits support their survival in extreme environments. Here, we present a metatranscriptomic analysis of Antarctic sponge-associated bacteria, focusing on secretion systems as mediators of these host–microbe interactions. Thirteen sponge holobiont samples from three genera (*Mycale spp., Dendrilla antarctica and Kirkpatrickia variolosa*), along with two seawater samples, were processed using optimized RNA extraction protocols with dual depletion of eukaryotic and bacterial rRNA. Samples were sequenced on Illumina HiSeq generated 2.5 billion high-quality reads. Expression profiles were quantified using TPM, mapping reads to 32 high-quality metagenome-assembled genomes (MAGs) previously recovered from the same samples and to reference sequences of secretion systems (T1SS–T6SS, T9SS).

Active transcription of secretion systems was detected in 17 MAGs, revealing clear differences between sponge-associated and free-living bacteria. While most systems showed similar or lower expression in free-living communities, both the Type III Secretion System (T3SS) and the Type IX Secretion System (T9SS) were markedly overexpressed in free-living bacteria. This pattern contrasts with their low or absent transcription in sponge symbionts, suggesting that these systems may be more relevant for environmental survival, motility, or competitive interactions outside the host.

This study provides the first transcriptomic evidence of differential secretion system activity between Antarctic sponge symbionts and free-living bacteria. The overexpression of T3SS and T9SS in free-living communities challenges the assumption of their centrality in symbiosis and points to distinct functional adaptations shaped by lifestyle. Our findings establish a basis for future functional and ecological investigations into secretion systems in polar marine microbiomes.

Keywords: Antarctic, Symbiosis, Bioinformatics, Marine Sponges, Secretion Systems
Financing: This work was fully funded by ANID 21190286 National Doctorate fellowship, INACH Grant DG_12-20 and FONDECYT Grant #1230758.

SELECTIVE ANTIMICROBIAL ACTIVITY OF HALOGENATED PYRIDINE SCHIFF BASES: MICS AND A SECONDARY ROLE FOR ROS IN GRAM-POSITIVE BACTERIA

Ignacio Fuentes[1,2], Alexander Carreño[3,4], Pedro Marchant[1], Juan A. Fuentes[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile.
(2) Universidad Andrés Bello, Ciencias químicas, Facultad de Ciencias Químicas, República 275, Santiago, Chile.
(3) Universidad Andrés Bello, Laboratory of Organometallic Synthesis, Center of applied NanoSciences (CANS), Facultad de Ciencias Exactas, República 330, Santiago, Chile.
(4) Universidad Andrés Bello, Departamento de Ciencias Químicas, Facultad de Ciencias Exactas, República 275, Santiago, Chile.

Pyridine Schiff bases are azomethine (C=N) compounds formed by condensation of primary amines with carbonyls, valued for tunable electronic properties, lipophilicity, and metal-free redox behavior. They are used as polymer stabilizers, intermediates in organic synthesis, catalysts, pigments, and dyes. Biologically, many Schiff bases display antimicrobial activity often linked to oxidative stress; in several systems, reactive oxygen species (ROS) have been implicated in growth inhibition, although their primacy remains uncertain. However, systematic evaluations of how specific halogen substitutions on the phenolic ring modulate antibacterial activity are limited. We sought to clarify how substituent patterns might enhance the antimicrobial properties of these nonmetal pyridine Schiff bases. Here, we synthesized and characterized a small series of halogenated pyridine Schiff bases (PSB1 to PSB4) and focused on their microbiological performance. Antimicrobial activity was quantified by broth microdilution (24 h, 37 °C) to determine minimum inhibitory concentrations (MICs), and intracellular ROS was monitored with H2DCFDA; vitamin C (0.1 mM) served as an antioxidant probe during MIC and growth (OD600) assays. Across species, these compounds showed no measurable activity against Gram-negative bacteria but displayed pronounced, selective inhibition of Gram-positive organisms. PSB1, and especially PSB2, were the most effective, with PSB2 consistently achieving low-micromolar MICs against streptococci and staphylococci, for example, *Streptococcus pyogenes* 1.3 ± 0.2 µM, *S. agalactiae* 2.6 ± 0.2 µM, *Staphylococcus aureus* strain 6, 3.5 ± 0.3 µM, and activity extending to *Bacillus subtilis* 5.7 ± 0.5 µM. PSB2 elevates intracellular ROS; vitamin C quenches the signal. Notably, antioxidant supplementation did not raise PSB2 MICs, while it only partially restored growth at 0.5× MIC, indicating that ROS contributes to stress but is not the primary driver of inhibition. Collectively, these results show that halogen substitution on the phenolic ring critically influences antimicrobial performance. In summary, PSB2 stands out as a selective Gram-positive biocide, offering a promising avenue against the growing challenge of antibiotic resistance in these pathogens. More broadly, this work introduces a new set of nonmetal pyridine Schiff bases and shows how halogen substitution enhances bioactivity, laying the groundwork for structure–activity refinement and future clinical translation.

Keywords: Pyridine Schiff bases, Antimicrobial activity, Reactive Oxygen Species (ROS)
Financing: FONDECYT 1230917 (ANID), FONDECYT 1220584 (ANID) and Núcleo UNAB DI-01-22/NUC.
Acknowledgments: Ignacio Fuentes gives thanks to Beca ANID 21242570.

CARACTERIZACIÓN DE LA COMUNIDAD BACTERIANA METABOLIZADORA DE AZUFRE EN POBLACIONES NATURALES Y CULTIVADAS DEL ALGA ROJA GRACILARIA CHILENSIS

Ignacia Fuentes[1,2], Oscar Huanel[1,2], Nicole Trefault[1,2]

(1) 1. Centro GEMA, Genómica, Ecología y Medio Ambiente, Universidad Mayor, Chile.
(2) 2. Millenium Nucleus in Marine Agronomy of Seaweed Holobionts (MASH), Chile.

Gracilaria chilensis, un alga roja de importancia ecológica y comercial en Chile la cual, habita en dos ambientes contrastantes: bahías rocosas (poblaciones naturales) y sedimentos fangosos (poblaciones cultivadas). En los cultivos parte del alga se encuentra i enterrada en un ambiente anóxico y afótico, con una posible acumulación de sulfuro de hidrógeno, lo que podría influir en su microbiota asociada. Dentro de esta microbiota las bacterias oxidantes de sulfuro (BOS) y bacterias reductoras de sulfato (BRS) cumplen roles claves en el ciclo del azufre, generando compuestos que pueden beneficiar o afectar al alga. En este estudio se caracterizó y comparó la diversidad y composición de las comunidades de BOS y BRS en dos poblaciones naturales y dos poblaciones cultivadas de G. chilensis utilizando secuenciación del gen 16S rRNA, y asignación taxonómica por SILVA. Los resultados revelaron diferencias en la diversidad y composición de las comunidades bacterianas metabolizadoras de azufre entre poblaciones naturales y cultivadas. Las BOS estuvieron presentes en ambos ambientes; sin embargo, en los cultivos se identificaron géneros bacterianos descritos en sedimentos marinos, como Cocleimonas y Sulfurovum, mientras que en las poblaciones naturales se encontraron géneros como *Thiothrix y Leucothrix*, asociados comúnmente como epibiontes de algas. Además, se evidenciaron diferencias en la diversidad observada entre ambos ambientes. Por otro lado, las BRS estuvieron ausentes en las poblaciones naturales, mientras que en los cultivos alcanzaron una mayor abundancia que BOS. Finalmente, se determinó la presencia de familias estrictamente anaeróbicas asociadas a las algas de las poblaciones cultivadas, como Desulfocapsaceae, lo que concuerda con las condiciones anóxicas de los sedimentos fangosos. Estos hallazgos proporcionan información valiosa sobre la microbiota de G. chilensis, lo que podría sentar las bases para futuras investigaciones sobre posibles aplicaciones en biorremediación y acuicultura.

Keywords: Microbioma, acuicultura, 16SrRNA
Financing: Proyecto Fondecyt de Postdoctorado Nº3240090 y Núcleo Milenio MASH NCN2024_037.

DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE PROFAGOS DE LA POTENCIAL CEPA PROBIÓTICA *LACTICASEIBACILLUS* UCO-AF

Anaís Fuller-Vargas[1], Sebastián Molina-Gallardo[1], Francisco Fuentes-Villalobos[2], Apolinaria García-Cancino[1]

(1) Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Chile.
(2) Laboratorio de Inmunovirología, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Chile.

Los bacteriófagos son virus que infectan bacterias y arqueas, constituyendo la entidad biológica más abundante y diversa del planeta, desempeñando un papel crucial en la evolución y en la regulación de las comunidades microbianas. Tras infectar una bacteria, los fagos pueden seguir dos ciclos: el ciclo lítico, donde se produce la lisis de su hospedador, o el ciclo lisogénico, donde son integrados al genoma del hospedador, permaneciendo como profagos. En este estado, los profagos pueden llegar a conferir fenotipos beneficiosos al hospedador, los cuales se transmitirán a su descendencia.

En este estudio nos enfocaremos en la caracterización de los profagos presentes en el genoma de la cepa UCO-AF*, un potencial probiótico del género Lacticaseibacillus del Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana de la Universidad de Concepción. Este estudio está en desarrollo y se presentarán resultados preliminares obtenidos.

Se analizó con PHASTER el borrador de la secuencia genómica con Illumina, de UCO-AF, donde se identificaron dos contigs con un profago intacto. Estos fueron anotados de forma consensuada utilizando los datos entregados por PHASTEST, ORFfinder y BLASTp. Ambos profagos codifican proteínas estructurales, sin embargo, uno de ellos no tendría la maquinaria necesaria para su escisión.

Posteriormente, se indució la escisión de los profagos utilizando radiación ultravioleta y mitomicina C, mediante exposición directa de cultivos de UCO-AF en caldo MRS. Los cultivos se incubaron durante 8 horas, realizando curvas de crecimiento en paralelo con un lector de microplacas. Se observó una disminución en la velocidad de crecimiento tras los tratamientos. Al finalizar, los cultivos se centrifugaron y los sobrenadantes se filtraron con filtros de 0,22 µm. El filtrado se concentró con PEG8000, se ultracentrifugó y el pellet se resuspendió en PBS. Mediante microscopía electrónica de transmisión se observaron viriones codificados por los profagos presentes en la cepa.

Finalmente, en un ensayo de agar doble, se depositaron gotas de 10 µL de viriones concentrados. Tras 24 horas de incubación, no se observó formación de placas.

Se concluye, de momento que, existen profagos en el genoma de UCO-AF, estos están intactos, siendo al menos uno de ellos inducible.

*cepa probiótica en proceso de patente, información reducida.

Keywords: profagos, probióticos, bacteriófagos, bacterias probióticas, inducción
Financing: Fondos Tesistas otorgado por la Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

EFECTO DE LA VARIABILIDAD EDÁFICA COMO MODULADOR DE LA COMPOSICIÓN BACTERIANA RIZOSFÉRICA DE *PUCCINELLIA FRÍGIDA* EN EL SALAR DE LA ISLA.

Alexis Gaete[1,2], Ignacio Jofré-Fernández[4], Catalina Ibarra[1,2], Claudio Latorre[1,2], Mauricio González[1,3], Rodrigo Gutiérrez[1,2]

(1) Instituto Milenio Centro de Regulación del Genoma (CRG), Santiago, Chile.
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
(3) Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile, Santiago, Chile.
(4) Universidad de La Frontera, Temuco, Chile., Núcleo de Recursos Biológicos Científicos y Tecnológicos (BIOREN).

Los salares representan ecosistemas extremos, caracterizados por altas concentraciones de minerales, escasa disponibilidad hídrica y duras fluctuaciones térmicas. Sin embargo, algunas especies vegetales logran establecerse, interactuando con microorganismos en el suelo. Estas asociaciones conforman la microbiota rizosférica, y contribuyen a la tolerancia vegetal frente al estrés abiótico y podría diferenciarse dependiendo de las condiciones edáficas. En este estudio se analizó la estructura bacteriana rizosférica de Puccinellia frígida en el Salar de la Isla (Región de Atacama, Chile). Se tomaron cuatro muestras rizosféricas en triplicado de un mismo individuo vegetal con diferencias fenotípicas en su entorno. Se extrajo ADN total, se amplificó el gen 16S rRNA utilizando la enzima DeCodi-Fi (Kura Biotech), y se secuenció a través de la tecnología Oxford Nanopore (ONT). Los resultados no mostraron diferencias significativas en los índices de diversidad alfa, pero si en la riqueza de especies. La abundancia relativa de los géneros bacterianos varió entre rizósferas, pese a estar asociada a una misma planta. En particular, tres sitios presentaron entre 31 y 51 géneros exclusivos, mientras que 121 géneros fueron compartidos en las cuatro muestras. En paralelo, el análisis de propiedades edáficas evidenció heterogeneidad en elementos como Na, Mg, Cl, K, Ca, Mn y Fe, y un patrón de agrupamiento relacionado con el flujo del cuerpo de agua del salar. Estos hallazgos sugieren que la variabilidad edáfica desempeña un papel determinante en la conformación de la microbiota rizosférica de *P. frígida*, reflejándose en cambios de riqueza y estructuración del ensamble bacteriano en sus raíces.

Keywords: Microbioma, ecología microbiana, Diversidad Bacteriana, Ambiente extremo
Financing: FONDO DE INVESTIGACIÓN EN SALARES, ASIGNACIÓN RÁPIDA AÑO 2024 (PUC) Proyecto Fondecyt Nº 3250795
Acknowledgments: Kura Biotech

BACILLUS SP. INIA2443 COMO POTENCIAL PROMOTORA DEL CRECIMIENTO VEGETAL EN PLANTAS INJERTADAS DE "TOMATE LIMACHINO ANTIGUO" BAJO CONDICIONES SALINAS

Cristóbal Gajardo[1,2], Camila Rosales[2], Muriel Quinet[3], Juan Pablo Martínez[2], Carolina Yáñez[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile.
(2) Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Av. Salamanca s/n, Sector Los Choapinos, Rengo, Chile.
(3) Université catholique de Louvain, Earth and Life Institute—Agronomy (ELI-A), Croix du Sud 5 (Bte L7.07.13), 1348, Louvain-la-Neuve, Belgium.

El aumento en la salinidad de los suelos es una de las principales amenazas para la seguridad alimentaria, derivado de los fenómenos climáticos extremos causados por el cambio climático. Se produce por las altas concentraciones de iones como el sodio y el cloruro en el suelo, provocando efectos negativos sobre las plantas reduciendo la producción de alimentos cultivados directamente en suelo. El Tomate Limachino Antiguo (o tomate local) es producido en suelos de la Región de Valparaíso (Chile) y se considera un cultivar local muy sensible a la salinidad. Sin embargo, nuevas soluciones alternativas y sustentables, como la utilización de bioestimulantes y portainjertos, han surgido como una estrategia combinada para dar respuesta a esta problemática. Así, las bacterias con propiedades promotoras del crecimiento vegetal poseen diferentes mecanismos que facilitan de forma directa o indirecta el enraizamiento y crecimiento de las plantas, y que, además, pueden incrementar una tolerancia a la salinidad utilizando plantas injertadas. En este estudio se evaluaron las propiedades promotoras del crecimiento vegetal en condiciones salinas y no salinas de *Bacillus* sp. INIA2443 y su inoculación en plantas injertadas de "Tomate Limachino Antiguo". Los resultados demostraron que la bacteria es capaz de solubilizar fosfato en agar NBRIP, fijar nitrógeno en medio Nfb y producir exopolisacáridos (evaluados mediante el método fenol–ácido sulfúrico) tanto en condiciones no salinas como bajo estrés salino. Asimismo, el análisis in silico de la secuenciación del genoma de la cepa INIA2443 permitió identificarla como Bacillus velezensis, además de revelar la presencia de genes asociados a la solubilización de fosfato, producción de sideróforos, exopolisacáridos y osmolitos. Finalmente, se inoculó la bacteria en plantas injertadas, no injertadas y autoinjertadas de "Tomate Limachino Antiguo" bajo condiciones de salinidad (0 y 200 mM NaCl). Los resultados demostraron que la inoculación en condiciones salinas mejoró significativamente parámetros fisiológicos como el crecimiento, el índice de clorofila y el peso fresco de hojas y raíces. En conjunto, estos hallazgos permiten concluir que cepa INIA2443 identificada como Bacillus velezensis, es una candidata prometedora para ser utilizada en la mitigación del estrés salino asociado al cambio climático.

Keywords: PGPR, Halotolerante, Tomate, Estrés salino
Financing: FONDECYT Regular 1220909Nodo CIV-VAL (Proyecto ANID 240001)Proyecto de colaboración bilateral Chile-WBI (proyecto 13, 2023-2024) Université Catholique de Louvain, Bélgica e INIA Rayentué.

SEÑALES DE FILOSIMBIOSIS EN GENES PÉPTIDO SINTETASAS NO RIBOSOMALES (NRPS) DEL MICROBIOMA DE ESPONJAS ANTÁRTICAS

Diego Gajardo Vásquez[1], Génesis Parada-Pozo[1], Philippe Loustau[1], Susana Rodriguez-Marconi[1], Nicole Trefault[1,2]

(1) GEMA Center for Genomics, Ecology & Environment, Facultad de Ciencias, Universidad Mayor, Santiago, Chile.
(2) Millenium Nucleus in Marine Agronomy of Seaweed Holobionts (MASH), Chile.

Las esponjas marinas son organismos bentónicos clave en los ecosistemas marinos, actuando como ingenieras ecosistémicas mediado por el flujo de nutrientes, dinámica de microorganismos y su sistema de filtrado activo. Son conocidas por albergar comunidades microbianas específicas y diversas que complementan sus roles ecológicos y presentan un alto potencial en la generación de metabolitos secundarios. En ambientes extremos como la Antártica, estas asociaciones pueden constituir adaptaciones evolutivas profundas y de alto interés biotecnológico orientado a metabolitos secundarios más diversos y novedosos. En este estudio se analizaron 20 esponjas provenientes de Bahía Fildes (Isla Rey Jorge, Península Antártica) junto con su microbioma asociado, relacionando la filogenia del hospedero, mediante los genes marcadores 28S rRNA y cox1, con genes para el dominio A de péptidos sintetasas no ribosomales (NRPS) del microbioma asociado. La identificación taxonómica fue corroborada mediante la observación y análisis de espículas. Los análisis de los genes 28S rRNA, cox1 y NRPS fueron realizados mediante árboles de máxima verosimilitud (ML), junto con un tanglegrama comparativo entre la filogenia del hospedero y su microbioma. Los resultados muestran que los genes NRPS de las esponjas antárticas presentan una relación dependiente de la identidad del hospedero. En conjunto, estos resultados sugieren que las esponjas antárticas albergan microbiomas con señales de especificidad filogenética a nivel taxonómico y funcional, pudiendo actuar como reservorios de innovadores compuestos bioactivos. Aportando nueva evidencia y conocimiento sobre la evolución y el potencial biotecnológico de las asociaciones hospedero-microbioma en ecosistemas polares.

Keywords: Esponjas Antárticas; Microbioma; Péptido Sintetasas No Ribosomales; Filosimbiosis.
Financing: Fondecyt 1230758

EXPLORING INFRARED SPECTROSCOPY AND MALDI-TOF MS AS QUICK METHODS TO DETECT THE SUSCEPTIBILITY OF OPPORTUNISTIC FUNGI TO AMPHOTERICIN B

Victor Gallardo[1,2], Ana Maria Oliveira-Boczar[3,4], Jéssica Costa[5], Nathalia Dias[6], Marcia von Zeska Kress[7], Juliana Bittencourt[2], Ana Carolina Padovan[4], Vania Vicente[2,8], Michel Abanto[6], Cledir Santos[1,2,6]

(1) Doctoral Program in Science of Natural Resources, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.
(2) Postgraduate Program in Biotechnology, Federal University of Technology-Paran, Ponta Grossa, Brazil.
(3) Doctoral Program in Science major in Applied Cellular and Molecular Biology, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.
(4) Postgraduate Program in Fungal Biology, Federal University of Pernambuco, Recife, Brazil
(5) Departamento de Biologia, Instituto de Ciências Biológicas-ICB, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, AM, Brazil.
(6) BIOREN-UFRO Scientific and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.
(7) Departamento de Análises Clínicas, Toxicológicas e Bromatológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão-Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP, Brazil.
(8) Basic Pathology Department, Federal University of Parana, Curitiba, PR, Brazil.

The minimal profile change concentration (MPCC) determined via MALDI-TOF MS is a rapid spectral method for minimum inhibitory concentration (MIC) assessment in fungi. While MPCC using infrared (IR) spectroscopy is well established for bacteria, it remains unexplored for fungi. This study evaluated the feasibility of MPCC/FTIR to determine fungal susceptibility to Amphotericin B (AmB), comparing its speed and reliability to MALDI-TOF MS/MPCC and standard MIC methods. The fungal strains tested were *Aspergillus niger* MUM 05.11, *Fusarium keratoplasticum* ATCC 36031, *F. oxysporum* ATCC 48112, *F. keratoplasticum* LMC 7163.01, and yeast forms of *Trichosporon asahii* CBS 2479 and CBS 7631. Based on previous studies, the FTIR spectral region between 3000–2800 cm^{-1}, related to lipid content and C–H stretching vibrations (=C–H at 3010 cm^{-1}; $-CH_3$ and CH_2 at 2855, 2925, and 2954 cm^{-1}), was selected as a growth indicator. An increase in intensity in this region corresponded to fungal growth. Five additional spectral regions were analysed, but low signal intensity limited the analysis. The 1200–900 cm^{-1} region was useful as a quality control to detect AmB in the assay. MIC values, determined using CLSI protocols M38-A2 and M27-A3, were: 0.125 µg/mL for *A. niger*; 2 µg/mL for *F. oxysporum* and *F. keratoplasticum*; 1 µg/mL for *F. keratoplasticum* LMC 7163.01; 0.25 µg/mL for *T. asahii* CBS 2479; and 0.5 µg/mL for *T. asahii* CBS 7631. MALDI-TOF MS/MPCC results were: 1 µg/mL for *A. niger*; 4 µg/mL for *F. keratoplasticum*; 32 µg/mL for *F. keratoplasticum* LMC 7163.01; 4 µg/mL for *F. oxysporum*; and 0.125 µg/mL for both *T. asahii* strains. MPCC/FTIR values were: 0.5 µg/mL for *A. niger*; 4 µg/mL for *F. keratoplasticum*; 32 µg/mL for *F. keratoplasticum* LMC 7163.01; 2 µg/mL for *F. oxysporum*; and not determined for *T. asahii*. Despite differences of up to 5-fold, MPCC/FTIR and MALDI-TOF MS/MPCC results aligned with epidemiological cut-off values for *Aspergillus* and *Fusarium*, while maintaining a wild-type susceptibility profile for

T. asahii. These findings highlight FTIR spectroscopy as a rapid, cost-effective, and reliable alternative for fungal susceptibility testing, offering advantages in time and cost compared to MALDI-TOF MS/MPCC and classical MIC methods.

Keywords: MPCC, MIC, IR, AmB
Financing: This work was funded by the Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) through the ANID/FONDECYT/1221024 project, and the Instituto Antártico Chileno (INACH) through the Regular RT_16_20 project.
Acknowledgments: V.G acknowledges a grant from Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) for the doctoral grant Res. Ex. Nº 1340/2025, and Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 88881.996202/2024-01.

EVALUACIÓN DE UNA ESPECIE SULFATO REDUCTORA EN EL CICLAJE DE ARSÉNICO EN AMBIENTES SULFIDOGÉNICOS

Cristian Giovine Puebla[1], Roberto Orellana Román[1], Alejandra Arancibia Riquelme[1], Josefina Abarca[1], Ruth Toro Diaz[1]

(1) Universidad de Playa Ancha, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Leopoldo Carvallo 270, Valparaiso, Chile.

Chile genera una gran cantidad de relaves que liberan arsénico y otros contaminantes a las aguas subterráneas, lo que causa una gran preocupación. Las zonas donde estos relaves interactúan con cuerpos de agua, especialmente en ambientes sulfidogénicos, son focos de actividad biogeoquímica. En estas áreas, las bacterias sulfato reductoras (BSR) juegan un papel crucial en la movilización de contaminantes. Comprender su metabolismo es fundamental para desarrollar herramientas que permitan controlar y mitigar estos efectos. En este estudio, se propone el análisis del rol de una especie de bacteria sulfato reductora (BSR), *Halodesulfovibrio aestuarii*, como un modelo en el ciclaje del arsénico producto de su alta predisposición a ambientes contaminados y alta tolerancia a la salinidad, característica de entornos mineros.

Para ello, se modificó el medio de cultivo tradicional DSMZ 195c, que originalmente precipitaba el arsénico, para que el crecimiento de la bacteria no se viera afectado. Se seleccionó el HCl-cisteína como agente reductor, ya que permitió el crecimiento sin alteraciones visuales. Se evaluó la resistencia de *H. aestuarii* al arsénico comparándola con *Geobacter sulfurreducens*, una bacteria modelo. Mientras *G. sulfurreducens* se vio fuertemente afectada por concentraciones de 0,1 mM de arsénico (III) y 1 mM de arsénico (V), mostrando una drástica disminución en su densidad óptica, H. aestuarii se vio solo levemente afectada. Esta mayor tolerancia sugiere un mecanismo de defensa más sofisticado contra el arsénico.

El análisis genómico de *H. aestuarii* reveló la presencia de genes clave como la arseniato reductasa ArsC, la bomba de eflujo acr3 para expulsar arsenito, y la arsenito metiltransferasa ArsM. Estos genes son los que le otorgan esta capacidad de resistir y procesar el arsénico, lo que confirma su potencial como modelo biológico. A diferencia de otras BSR, no se observó la precipitación de sulfuros de arsénico.

Los resultados revelan el potencial de *H. aestuarii* como BSR modelo ante la exposición de arsénico, sugiriendo que su metabolismo podría entregar algunas directrices para la generación de tecnologías para el control y abatimiento de este contaminante en entornos sulfidogénicos.

Keywords: Arsenico, Sulfato Reduccion, Ciclo Biogeoquimico
Financing: Esta investigación fue llevada a cabo gracias a los proyectos ANID-Milenio-NCN2023_054 y Proyecto Redes FOVI 230154, adicionalmente del apoyo parcial de la infraestructura del supercomputador Leftraru del NLHPC (ECM-02).

Acknowledgments: Agradecimientos a Dr. Roberto Orellana y Dra. Alejandra Arancibia por la rigurosidad y paciente supervisión, y al equipo LaBCEM: Josefina Abarca y Ruth Toro por sus valiosas sugerencias y visión crítica que impulsaron a profundizar los resultados.

GENETIC DIVERSITY AND GEOGRAPHICAL DISTRIBUTION OF PISCINE ORTHOREOVIRUS (PRV) VARIANTS IN SALMONID FARMING IN CHILE

Marcos Godoy[1,2], Molly Kibenge[3], Fred Kibenge[3], Diego Caro[2], Karina Kusch[2], Juan Pablo Pontigo[1], Eduardo Lazo[2], Rudy Suarez[2,4]

(1) Universidad San Sebastián, Veterinaria, lago Panguipulli 1390, Puerto Montt, Chile.
(2) Centro de Investigaciónes Biologicas Aplicadas (CIBA), Lago Panguipulli 1390, Puerto Montt, Chile.
(3) University of Prince Edward Island, Department of Pathology and Microbiology, Atlantic Veterinary College (AVC), 550 University Ave, Charlottetown, Canadá.
(4) Universidad Católica del Norte, Departamento de Acuicultura, Facultad de Ciencias del Mar, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile.

Background
Piscine orthoreovirus (PRV) is a member of the family *Spinareoviridae*, genus *Orthoreovirus,* that infects salmon and trout worldwide. This virus is the etiological agent of heart and skeletal muscle inflammation (HSMI), an inflammatory condition mainly affecting the heart and skeletal musculature of salmonids. The aim of this study was to genetically characterize PRV strains obtained from clinical and subclinical cases in Atlantic salmon (*Salmo salar*) and coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) in Chile, to determine their geographic distribution and explore possible associations with clinical and epidemiological data.

Methods
Samples of heart, spleen, kidney, and liver were collected from fish showing clinical and subclinical signs, corresponding to 26 cases diagnosed between 2018 and 2023. PRV detection was performed by RT-qPCR. Viral RNA was extracted using the E.Z.N.A.® Total RNA Kit I (Omega Bio-tek, Inc., Norcross, GA, USA). The S1 and M2 genome segments were sequenced following the method described by Kibenge et al. (2013). Reference sequences were obtained from the NCBI GenBank database, and phylogenetic analyses were conducted according to the procedures described by Kibenge et al. (2023), Godoy et al. (2021), and Vatne et al. (2021).

Results
Sequence analyses revealed the presence of different PRV genotypes in farmed Atlantic and coho salmon in Chile. The study defined the genetic and phylogenetic distribution of national strains and their relationship with isolates of European and American origin. No consistent association was found between the detected genotypes and the clinical status of the fish, although clustering patterns indicated considerable genetic variability among circulating strains.

Conclusion
These findings confirm the circulation of multiple PRV genotypes in farmed Atlantic and coho salmon in Chile, demonstrating viral genetic diversity. The lack of a clear link between genotype and clinical presentation suggests that other epidemiological and host-related

factors may influence disease manifestation.

Keywords: Acuicultura, salmones, virus, HSMI, PRV
Financing: Spatial and functional genomics of PRV induced myocarditis in salmonids - Fondecyt de Iniciación en Investigación 2025 - Nº 11251070Virus endémicos en cultivo de salmónidos en Chile, CIBA_V_2025 - Centro de Investigaciones Biológicas Aplicadas (CIBA)
Acknowledgments: Fondecyt de Iniciación en Investigación 2025 - Nº 11251070.Centro de Investigaciones Biológicas Aplicadas (CIBA).Empresas productoras de salmónidos.

OPTIMIZACIÓN DE LAS CONDICIONES DE CRECIMIENTO DE *LIMOSILACTOBACILLUS* FERMENTUM UCO-33, CEPA PROBIÓTICA CON ACTIVIDAD LACTASA

Cristóbal Goic Manzor[1], Macarena Deride[1], Cristian Parra-Sepulveda[1], Apolinaria García-Cancino[1]

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

La intolerancia a la lactosa es un trastorno digestivo frecuente, lo que ha motivado la búsqueda de estrategias complementarias que favorezcan la digestión de este disacárido. Los probióticos con actividad lactasa constituyen una alternativa prometedora para mejorar la tolerancia a productos lácteos en personas intolerantes. En este contexto, la cepa Limosilactobacillus fermentum UCO-33 ha sido propuesta como candidata probiótica por su capacidad enzimática, lo que la convierte en un microorganismo de interés para el desarrollo de productos funcionales.

El objetivo de este estudio fue determinar las condiciones óptimas de crecimiento de L. fermentum UCO-33 en laboratorio, con el fin de establecer parámetros técnicos aplicables en bioprocesos y futuros escalados industriales.

Los ensayos se realizaron en medio MRS bajo diferentes combinaciones de temperatura, pH y agitación. La evolución del cultivo se evaluó mediante recuento por microgota, construyendo curvas de crecimiento en función de UFC/mL en función del tiempo. A partir de la fase exponencial, se calcularon las velocidades máximas de crecimiento (μmax) utilizando el modelo exponencial lineal. Posteriormente, se aplicó un diseño experimental Box–Behnken para analizar el efecto de las variables y estimar condiciones óptimas de crecimiento.

Los resultados mostraron que la cepa alcanzó altas concentraciones celulares en tiempos relativamente cortos, con curvas reproducibles entre réplicas. El modelo estadístico explicó un 85,7% de la variabilidad en la velocidad máxima (R^2 ajustado = 78,2%). El pH fue el factor más influyente, seguido por la temperatura, mientras que la agitación tuvo menor impacto. Se detectaron interacciones significativas entre temperatura–pH y temperatura–agitación, además de un efecto cuadrático marcado del pH. El análisis de optimización predijo condiciones ideales cercanas a pH 5,7 y 39 °C, sin necesidad de agitación, donde se alcanzó la mayor μmax estimada.

En conclusión, *L. fermentum* UCO-33 mostró un crecimiento robusto y consistente bajo condiciones controladas, con parámetros cinéticos que facilitan un crecimiento eficiente. Estos hallazgos respaldan su proyección como probiótico con actividad lactasa, ofreciendo una alternativa biotecnológica para el manejo de la intolerancia a la lactosa.

Keywords: Probióticos, *Limosilactobacillus fermentum*, Optimización, Crecimiento bacteriano

UNCOVERING NEW TRANSCRIPTION FACTORS INVOLVED IN CELLULOSE DEGRADATION: INSIGHTS FROM TRANSCRIPTOMIC DATA AND NETWORK INFERENCE

Alejandra Goity[1,2], José Magaña[1,2], Tomás Moyano[2,3,4], Rodrigo Gutiérrez[1,2,4], Luis F. Larrondo[1,2]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad Ciencias Biológicas, Santiago, Chile
(2) Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Santiago, Chile.
(3) Universidad Andrés Bello, Centro de Biotecnología Vegetal, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile.
(4) Millennium Institute Center for Genome Regulation (CRG), Santiago, Chile.

Lignocellulose is the most abundant renewable biomass on Earth and holds great potential as a sustainable energy source. Unlocking this potential requires efficient access to plant cell wall components with minimal environmental impact. In this context, the study of plant cell wall degrading enzymes (PCWDEs) produced by cellulolytic fungi such as *Aspergillus,* Trichoderma and Neurospora has been fundamental. In recent years, Neurospora has emerged as a powerful model system for dissecting the transcriptional control of cellulose degradation.

PCWDE production is tightly regulated, with transcription factors (TFs) such as CLR1, CLR2, XLR1 and CRE1 already characterized. However, additional transcriptional regulators likely remain to be discovered to fully understand and enhance cellulose degradation. In this work, we aimed to uncover novel TFs involved in this process. To achieve this, we applied a systems biology approach by integrating published transcriptomic datasets and employing machine learning algorithms to infer gene regulatory networks and uncover potential transcriptional regulators. Through this analysis, we identified 14 TFs, including 5 previously described as key regulators in lignocellulose metabolism (CLR1, CLR2, XLR1, PDR2 and ARA1). The remaining 9 TFs had not been functionally characterized or related to cellulose degradation. To validate their role in plant biomass degradation, we analyzed deletion mutants grown on different carbon sources. Notably, 5 of these showed strong growth phenotypes on complex substrates, supporting their involvement in plant cell wall deconstruction. These findings expand our understanding of the transcriptional network controlling lignocellulose degradation in Neurospora and provide novel targets for the development of fungal strains with improved biotechnological potential.

Keywords: Cellulose degradation, Gene regulatory network, Neurospora, Plant cell wall degradation enzymes (PCWDE), Systems biology
Financing: ANID Postdoctorado 3220747, ANID-Millennium Science Initiative Program-Millennium Institute for Integrative Biology (iBio ICN17_022), grant number ANID/FONDECYT 1211715. The International Research Scholar Program of the Howard Hughes Medical Institute and The Richard Lounsbery Foundation

LA CUENCA DEL RÍO ACONCAGUA COMO RESERVORIO ACTIVO DE BACTERIAS MULTIRRESISTENTES DE IMPORTANCIA CLÍNICA.

Nicolas Gonzalez-Rojas[1], Johan Plaza[1], Eduardo Castañeda Becerra[1], Martin Alvares Alvear[1], Jorge Olivares Pacheco[1]

(1) Pontifica Universidad Catolica de Valparaiso, Instituto de Biologia, Facultad de ciencias, Av. Universidad 330, Valparaiso, Chile.

La resistencia antimicrobiana constituye una de las mayores amenazas para la salud pública y los ecosistemas acuáticos se reconocen como reservorios y vías de diseminación de bacterias resistentes. En el marco de un estudio longitudinal que contempla muestreos en primavera, verano, otoño e invierno, se analizaron los aislados bacterianos de la cuenca del río Aconcagua correspondientes a la estación de primavera, con el fin de caracterizar sus perfiles de resistencia. Se evaluaron 34 morfotipos bacterianos mediante pruebas de susceptibilidad antimicrobiana. Los resultados mostraron que 31 morfotipos (91,2 %) fueron multirresistentes (MDR), mientras que solo tres (8,8 %) se clasificaron como no-MDR y no se detectó panrresistencia (PDR). Los aislados presentaron resistencia simultánea a entre 3 y 6 de las 10 familias de antibióticos evaluadas, lo que indica un nivel elevado de exposición a presión selectiva en el ecosistema. En concordancia, el índice MAR promedio alcanzó 0,31. Confirmando una alta presión antrópica y la persistencia de bacterias resistentes en el río. De particular relevancia es que 6 de los 34 morfotipos presentaron resistencia a carbapenémicos, antibióticos de última línea utilizados en el tratamiento de infecciones graves por bacterias multirresistentes. Estos resultados evidencian que el río Aconcagua funciona no solo como corredor hídrico, sino también como un reservorio activo de bacterias resistentes, con una predominancia marcada de perfiles MDR incluso en una única estación del año. La continuidad de este estudio longitudinal permitirá evaluar las variaciones estacionales en la diseminación de la resistencia, información clave para el diseño de estrategias de vigilancia ambiental permanente que contribuyan a mitigar el riesgo de transferencia de resistencia hacia bacterias de importancia clínica.

Keywords: resistencia antimicrobiana, multirresistencia, carbapenémicos, río Aconcagua, vigilancia ambiental
Financing: Grupo de Resistencia Antimicrobiana en Bacterias Patógenas y Ambientales
Acknowledgments: A Jorge Olivares por el apoyo incondicional en el proyecto.

COMICBACTERIAS, UNA FORMA DE MOSTRAR LO INVISIBLE A LAS INFANCIAS

María José González[1], Paola Scavone[1], María Morel[2], Daniela Arredondo[3], Valentina Carrasco[4], Alejandro Rodriguez-Juele[5], Nicolás Peruzzo[5], Vanesa Amarelle[4]

(1) 1. Laboratorio de Biofilms Microbianos, Departamento de Microbiología, IIBCE.
(2) 2. Laboratorio de Microbiología de Suelos, Facultad de Ciencias, Udelar.
(3) 3. Laboratorio de Microbiología y Salud de las Abejas, Departamento de Microbiología, IIBCE.
(4) 4. Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas (BIOGEM), IIBCE.
(5) 5. Proyecto Bandas Educativas.

La microbiología es una ciencia joven cuyos orígenes se remontan a la invención de los primeros microscopios. Desde entonces, se han descrito numerosos microorganismos, comúnmente asociados a procesos de descomposición, putrefacción o enfermedades. Su impacto en la vida cotidiana trasciende ampliamente esas dimensiones. Gracias a la acción microbiana podemos producir alimentos tan cotidianos como pan, queso o yogur, prácticas desarrolladas siglos antes de conocer la existencia de estos seres invisibles. Aún así, persiste la dificultad de comprender y valorar aquello que no vemos: la mayoría de los microorganismos son inocuos o incluso beneficiosos para la humanidad.

Conscientes de este desafío, surge ComicBacterias, un proyecto que utiliza el cómic como herramienta para la alfabetización en microbiologia. El primer trabajo, Bacterias: la historia más pequeña jamás contada, abordó diversos aspectos de la microbiología de manera visual y accesible. A partir de allí se consolidó una línea de publicaciones que combina ciencia, narrativa, arte y entretenimiento.

Durante la pandemia, el equipo creó El kit de supervivencia en cuarentena, que incluía el cómic Coco y Fran contra el coronavirus y materiales didácticos asociados. Posteriormente, con Vacunas: mitos y realidades, se buscó reforzar la confianza en la inmunización, explicando desde el efecto rebaño hasta las fases de desarrollo y los programas nacionales de vacunación. Luego El ataque de los Zomvirus, una metáfora bélica sobre la respuesta inmunitaria frente a infecciones virales.

En 2024 presentamos Luces en el Bactericielo, donde los personajes Coco, Flúo, Carsi, Rudii y Fran emprenden nuevas aventuras en las que exploran laboratorios de biotecnología, producción de insumos médicos, bioplásticos, y conocen microorganismos degradadores de contaminantes y depuradores de aguas residuales. Con una narrativa que combina ciencia, misterio y humor, esta obra pone en valor los aportes positivos de la microbiología a la sociedad.

Por otra parte, actualmente estamos realizando material en tiempo real acompañando la misión del Falkor too del Schmidt Ocean Institute, lo que nos desafió en cuanto a los tiempos y selección de información para redes sociales sin perder la calidad y rigurosidad de los contenidos.

Todos los cómics y materiales están disponibles gratuitamente en comicbacterias.com.
Keywords: Comic, Divulgación, Popularización de la ciencia

FORMULACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN CONSORCIO BACTERIANO OXIDANTE DEL MANGANESO AISLADO DE ENTORNOS EXTREMOS PARA SU APLICACIÓN EN BIORREMEDIACIÓN

Yazmín Fabiola González Fernández[1], Rodrigo Rodriguez[1], Paola Duran[1]

(1) Universidad de la Frontera, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Francisco Salazar #01145, Temuco, Chile.

En numerosas áreas rurales de Chile el agua de pozo es la única fuente que poseen las personas para beber y utilizar en sus cultivos. Estas aguas pueden presentar concentraciones elevadas de Mn(II), las cuales pueden superar la concentración límite establecida por la norma chilena de agua potable. Cuando se supera la concentración de 0,24 mg/L de Mn(II) en el agua, es un problema de salud pública, ya que este metal posee propiedades de neurotoxicidad que afectan principalmente a infantes y personas de tercera edad a corto y largo plazo. Las tecnologías convencionales en la industria sanitaria utilizan procesos de oxidación basados en el uso de químicos, oxidantes fuertes como el permanganato de potasio para remover el Mn (II), sin embargo, estas tecnologías son de alto costo y poco eficientes en un contexto rural. En el marco de la búsqueda de estrategias sostenibles para la remediación de Mn(II), se propone el tratamiento biológico utilizando bacterias capaces de oxidar el metal. Este estudio logró aislar e identificar un consorcio bacteriano funcional (MnOBc) a partir de cepas aisladas de suelos de la Antártida y el desierto de Atacama. De un total de 30 aislados iniciales, se seleccionaron 11 cepas con capacidad de oxidar Mn(II) mediante el ensayo de azul de leucoberbelina (LBB). El análisis de secuenciación del gen 16S rRNA confirmó bacterias oxidantes de manganeso con perfiles genéticos distintivos (datos protegidos). Los análisis de antagonismo revelaron la compatibilidad de cuatro cepas. Este consorcio demostró no tener actividad inhibitoria entre sus integrantes, además de haber obtenido una alta tasa de crecimiento con un tiempo de adaptación a nuevos medios de hasta 4 horas. Por otro lado, se ha documentado previamente una sinergia por sus procesos metabólicos registrados en sus antecedentes. Estos datos sientan las bases para la implementación de esta tecnología en futuros procesos de biorremediación.

Keywords: Ambientes extremos, bacterias oxidadoras de manganeso, aguas subterraneas, manganeso
Financing: Laboratorio de investigación en Biocontrol y al Proyecto Anillos de investigación en áreas temáticas ATE220038.Proyecto de valorización de la investigación en las universidades VIU24P0123 “MnOBac: La solución natural para la descontaminación de manganeso en fuentes de agua potable rural”
Acknowledgments: A todo el equipo de laboratorio de investigación en Biocontrol y el apoyo del programa de Magíster en Ciencias de la Ingeniería mención Biotecnología.

DIVERSIDAD TAXONÓMICA DE BACTERIAS Y HONGOS EN SUELOS ANTÁRTICOS IMPACTADOS POR PINGÜINOS PYGOSCELIS

Javiera González Sánchez[1,2], Katerin Almendras[1,2], Claudio Valenzuela[1,2], Léa Cabrol[2,3], Julieta Orlando[1,2]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile.
(2) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile.
(3) Aix Marseille University, CNRS, IRD, Mediterranean Institute of Oceanography (MIO), Marseille, Francia.

Las regiones libres de hielo de la Antártica albergan comunidades microbianas diversas que prosperan bajo condiciones extremas. Entre los factores que las modulan, los pingüinos cumplen un rol clave al enriquecer los suelos de sus colonias con materia orgánica, generando gradientes de nutrientes que modifican la estructura y composición de estos microorganismos. No obstante, estos ambientes aún se encuentran poco estudiados.

El objetivo de este trabajo fue caracterizar la diversidad taxonómica de bacterias y hongos en suelos antárticos impactados por pingüinos del género *Pygoscelis* y evaluar los factores ambientales que la modulan. Para ello, se recolectaron 28 muestras de suelo en colonias de *P. adeliae, P. antarcticus y P. papua* distribuidas en la Península Antártica e islas aledañas, las cuales fueron analizadas mediante secuenciación metagenómica. En terreno se registraron las coordenadas geográficas de cada muestra, mientras que en laboratorio se determinaron los parámetros edáficos y se complementaron con datos bioclimáticos obtenidos desde la base de datos CHELSA.

Los filos bacterianos dominantes fueron Actinomycetota, Pseudomonadota y Bacteroidota, mientras que en hongos predominaron Ascomycota, Basidiomycota y Mucoromycota. En cuanto a la diversidad alfa, no se detectaron diferencias significativas entre comunidades bacterianas asociadas a las tres especies de pingüinos, mientras que en hongos se observó una menor diversidad en P. adeliae en comparación con las otras especies. El análisis de diversidad beta mostró un efecto significativo del sitio de muestreo en bacterias y hongos, y adicionalmente un efecto de la especie de pingüino en bacterias. Finalmente, los análisis multivariados indicaron que los factores edáficos, en particular las concentraciones de amonio, constituyen los principales determinantes de la composición microbiana, superando la influencia de las variables bioclimáticas y geográficas.

En conjunto, los resultados evidencian que la dinámica microbiana en suelos antárticos impactados por pingüinos Pygoscelis responde a una compleja interacción entre factores bióticos y abióticos. Este estudio amplía el conocimiento sobre los procesos que modelan la estructura de las comunidades microbianas en suelos antárticos asociados a colonias de pingüinos Pygoscelis, destacando la relevancia de los gradientes de nutrientes y de los

factores edáficos en la configuración de estos ecosistemas polares.

Keywords: Ecología Microbiana, Antártica, Suelos impactados por Pingüinos, Diversidad taxonómica, Metagenómica
Financing: ANID - FONDECYT 1241787, ANID – Programa Iniciativa Científica Milenio – ICN2021_002

EVALUACIÓN DEL EFECTO ANTIVIRAL DE LA MIEL DE DIACHITA SOBRE EL VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA (IPNV) EN LA LÍNEA CELULAR INTESTINAL RTGUT DE *ONCORHYNCHUS MYKISS*

Mauricio González Zapata[1], Sebastian Salgado Catalán[1], Alex Huenchur Torres[1], Isadora Verdugo Larenas[1], Cristóbal Parra Campos[1], Valentina Vargas Rodríguez[1], Gaspar Peña Munzenmayer[1,3], Hianara Bustamante Ruiz[2,3], Carlos Loncoman Pardo[1,3]

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Edificio Ciencias 2, Torre Norte, Valdivia, Chile.
(2) Universidad Austral de Chile, Facultad de Medicina, Valdivia, Chile.
(3) Universidad Austral de Chile, Núcleo de Innovación en Biotecnología Apícola, NIBApi, Valdivia, Chile.

El virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) es un patógeno de alta relevancia en la salmonicultura, asociado con elevadas mortalidades en etapas tempranas del ciclo productivo. Su control se basa principalmente en medidas profilácticas y vacunación, ya que no existen antivirales efectivos disponibles. En este contexto, las mieles chilenas podrían representar una alternativa natural para el control viral debido a sus potenciales propiedades antivirales, virucidas y citoprotectoras.

El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto antiviral de la miel de Diachita sobre la replicación de IPNV en la línea celular intestinal RTgut derivada de *Oncorhynchus mykiss.* En particular, se trató las células con concentraciones finales de 0,1%, 1% y 10% diluidas en medio Leibovitz (L-15) suplementado con suero fetal bovino (10%) y antibióticos/antifúngicos (1×). Las células fueron simultáneamente tratadas con miel e infectadas con IPNV a una multiplicidad de infección (MOI) de 1. Los sobrenadantes se recolectaron a los días 1, 3 y 5 postinfección para determinar títulos virales mediante el ensayo de $TCID_{50}$.

Los resultados mostraron que la miel de Diachita, a una concentración de 0,1%, redujo el título viral desde $3{,}16\times10^{7}$ a $1{,}33\times10^{6}$ $TCID_{50}$/mL, evidenciando una clara interferencia con el proceso infeccioso. Estos hallazgos sugieren un posible efecto antiviral o citoprotector de la miel sobre las células RTgut, aunque se requieren estudios adicionales para determinar si su acción es principalmente antiviral o de protección celular.

Keywords: Salmonicultura, IPNV, Miel de Diachita, Línea Celular RTgut
Financing: Fondecyt 11230556, Núcleo de Innovación en Biotecnología Apícola, NIBApi, Proyecto INES I+D UACH INID210009, ANID.
Acknowledgments: Agradecemos a los productores apícolas de la Región de Los Ríos y Los Lagos (Apival, Colmenares Klassen y Rebeca Miranda "Dulce Miel) por las muestras de miel y al Dr. Juan Guillermo Cárcamo por la facilitación del aislado de IPNV.

MICROBIOMAS ASOCIADOS A MACROALGAS INTERMAREALES ANTÁRTICAS: EXPLORANDO EL HOLOBIONTE BAJO INFLUENCIA HUMANA.

Kerina González-Pino[1,2], Verónica Molina[1,4,5], Polette Aguilar-Muñoz[1,4,5], Fernanda Rodriguez-Rojas[1,3,4]

(1) HUB AMBIENTAL, Universidad de Playa Ancha, Subida Leopoldo Carvallo 207, 2360004, Valparaíso, Chile.
(2) Doctorado Interdisciplinario en Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha. Subida Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile.
(3) Laboratorio de Investigación Ambiental Acuático, Universidad de Playa Ancha, Subida Leopoldo Carvallo 207, Valparaíso, Chile.
(4) Departamento de Ciencia y Geografía, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha, Subida Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile.
(5) Centro de Investigación Oceanográfica COPAS COASTAL, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

Los ecosistemas costeros antárticos enfrentan crecientes impactos del cambio climático y actividades humanas locales. En este contexto, los holobiontes macroalgales (macroalgas y su microbioma asociado) son modelos clave para evaluar la resiliencia ecológica en ambientes extremos. Este estudio evaluó la relación entre microbiomas epífitos y el estado de salud de cuatro macroalgas intermareales (*Adenocystis utricularis, Monostroma hariotii, Pyropia endivifolia e Iridaea cordata*) en tres praderas de la Península Fildes (Islas Shetland del Sur) con distinto grado de influencia antropogénica: Punta Cristián (alta), Punta Artigas (media) y EcoNelson (baja).

Durante la campaña ECA-59 (enero 2023), se recolectaron frondas y agua de pozas intermareales. El estado de salud se evaluó mediante biomarcadores de estrés oxidativo (tioles totales y peroxidación lipídica), mientras que la caracterización del microbioma epífito activo se realizó mediante metabarcoding del gen 16S rRNA. La respuesta a estrés oxidativo dependió de la especie y del sitio, observándose mayores niveles de daño oxidativo en P. endivifolia e I. cordata que en A. utricularis. La estructura de las comunidades microbianas se agrupó principalmente por especie hospedera, evidenciando selección específica del microbioma incluso bajo presión antropogénica.

Se identificaron núcleos microbianos (core microbiomes) asociados a la salud del holobionte: *P. endivifolia* presentó 64 ASVs comunes en todos los sitios, *M. hariotii* 87 ASVs en ambos sitios donde estuvo presente, *I. cordata* 19 ASVs y *A. utricularis* 66 ASVs en todos los sitios. Esto indica que cada macroalga mantiene un conjunto estable de microorganismos, sugiriendo que la identidad de la macroalga es más determinante que el ambiente para la composición del core.

Algunos géneros fueron compartidos entre especies (*Oleispira, Hellea, Polaribacter, Profundimonas, Portibacter, Pseudoalteromonas y Paraglaciecola*), lo que sugiere la presencia

de microbios generalistas con posibles funciones esenciales. Estos podrían formar un "core ambiental" del intermareal antártico, mientras que el resto constituiría un core específico del hospedador.

En conclusión, las macroalgas antárticas muestran estrategias bioquímicas diferenciales para tolerar el estrés ambiental, mediadas en parte por su microbioma epífito. Posiblemente, la interacción macroalga-microbioma podría servir como un indicador de la resiliencia y salud ecológica frente a impactos antrópicos crecientes, contribuyendo a la comprensión de la microbiología ambiental en ambientes extremos.

Keywords: Algas marinas, Antártica, Holobionte, Biomarcadores, Actividad antropogénica
Financing: INACH RT_30-21, Fondecyt Regular N°1211977, COPAS COASTAL ANID FB210021, Fondecyt Postdoctoral 3240498.

VARIABILIDAD DE EFECTORES DEL T6SS1 EN CEPAS NO PANDÉMICAS DE *VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS*: ANÁLISIS DE LA CEPA CLÍNICA CHILENA PMC53.7

Constanza Griffiths-Sanhueza[1], Ítalo Urrutia[1], Katherine García[1], Nicolás Plaza[1]

(1) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Av. Del Valle Sur 354, Huechuraba, Santiago, Chile.

Vibrio parahaemolyticus es un patógeno marino endémico en Chile causante de gastroenteritis y problemas en acuicultura, que posee dos Sistema de Secreción del Tipo VI (T6SS), T6SS1 y T6SS2, codificados en distintos cromosomas. Estas nanomáquinas contráctiles son capaces de inyectar proteínas denominadas efectores en células diana, siendo un arma clave en la competencia bacteriana. Mientras que el T6SS2 se encuentra ampliamente distribuido en la especie y se activa en condiciones de baja salinidad y temperatura, su rol biológico está asociado más a la adhesión. En cambio, el T6SS1 no está presente en todos los aislados, se activa a temperaturas cálidas con alta salinidad y se asocia a la competencia interbacteriana de la especie. En la cepa pandémica RIMD2210633 se han descrito cuatro efectores del T6SS1 (VP1388, VP1390, VP1415 y VPA1263). VP1388 y VP1390 actúan en un módulo binario de secreción, VP1415 aporta un dominio nucleasa (PAAR-AHH) y VPA1263 está relacionado a la actividad antibacteriana, al igual que los otros.

Con el objetivo de dilucidar si el T6SS1 se conserva en otras cepas, se realizaron análisis de genómica comparativa del cluster de genes que codifican el T6SS1 mediante EasyFig, en conjunto de alineamiento múltiples con BLAST y T-Coffee de los efectores identificados, para finalizar con un análisis de la conservación o predicción de dominios funcionales con HHblitz y HHpred, para cada efector encontrado. Estos análisis, nos permitieron identificar en la cepa clínica PMC53.7, carente de factores clásicos de virulencia, la presencia de un T6SS1 divergente a la cepa pandémica. PMC53.7 carece de VPA1263, sin embargo, posee una variante de VP1390 y una duplicación de VP1415 con separación de los dominios PAAR y AHH, junto a múltiples genes de inmunidad en la vecindad.

Estas variaciones sugieren un T6SS1 novedoso, con un posible impacto en la competencia antibacteriana, siendo relevante determinar si otorgan una ventaja competitiva frente a otras bacterias y una mejora del fitness en el ambiente marino. Su caracterización permitirá comprender mejor la evolución del T6SS1 en *V. parahaemolyticus* y aporta nuevas perspectivas sobre los mecanismos de competencia y virulencia en ambientes marinos

Financing: Proyecto Fondecyt 11231192

EVOLUTIONARY HISTORY AND SPREAD OF THE HIGH-RISK MULTIDRUG-RESISTANT *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* ST25-CG10224 IN CHILE

Nicolas Guerra-Leal[1], Camilo Berríos-Pastén[1], Maximiliano Matus-Köhler[2,3], José RW. Martínez[4,5], Juan A. Ugalde[5,6], José Manuel Munita[4,5], Alejandro Aguayo-Reyes[3,7], Felipe Morales-León[3,8], Mario Quezada-Aguiluz[3,7], Nahuel Pilquinao[1], Francisco P. Chávez[9], Gerardo González-Rocha[2,3], Juan Carlos Hormazábal[10], Jorge Fernández[10], Aura Villamil[10], Andrés Opazo-Capurro[2,3], Andrés E. Marcoleta[1]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
(2) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
(3) Grupo de Investigación en Agentes Antibacterianos (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
(4) Genomics & Resistant Microbes Group (GeRM), Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina - Clinica Alemana, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile.
(5) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile.
(6) Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.
(7) Grupo de Estudio de Enfermedades Infecciosas de la Universidad de Concepción (GrEEn-UdeC), Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
(8) Departamento de Farmacia, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
(9) Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
(10) Instituto de Salud Pública de Chile (ISPCh), Santiago, Chile.

Klebsiella pneumoniae is a Gram-negative opportunistic pathogen responsible for pneumonia, bacteremia, and urinary tract infections. The global spread of isolates resistant to 3rd-generation cephalosporins and carbapenems—last-resort antibiotics—poses a critical public health threat. The emergence of hypervirulent *K. pneumoniae* (hvKp), a pathotype causing severe community-acquired infections in healthy individuals due to an increased load of virulence factors, is particularly alarming. In our national genomic surveillance, strains belonging to the CG10224 lineage have emerged as the most predominant. This CG would be showing convergence of hypervirulence and carbapenem resistance via mobile genetic elements, prompting relevant questions about their origin and dissemination in our country. To investigate the evolutionary history of CG10224, we conducted a large-scale genomic analysis. Public *K. pneumoniae* genomes were retrieved from RefSeq. Sequence Types (ST) were determined using MLST. Chromosomal and plasmid sequences were separated using MOB_suite. Following quality control, a robust reference chromosome was selected using PHaME. All genomes were aligned to this reference to detect informative SNPs using Snippy.

The resulting alignments were processed with Gubbins to remove recombination regions. The recombinant-filtered alignment was used in BactDating for Bayesian evolutionary analysis, incorporating temporal signal to generate a time-scaled phylogeny.

Our analysis reveals that the common ancestor of the CG10224 lineage emerged circa 2007. A key diversification event occurred in 2004, separating our national isolates from an Ecuatorian strain. This indicates that CG10224 is a successful, evolving clone that has been established in our country for nearly two decades, progressively acquiring a wide array of resistance genes, resulting in double carbapenemase producers. Our findings suggest that Chile is not just a recipient but a potential hub for the continued evolution and global dissemination of this high-risk, multidrug-resistant lineage, necessitating enhanced genomic surveillance.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, Genomic surveillance, Multidrug-Resistant
Financing: FONDECYT 1221193, FONIS SA24I0259

ON-DEMAND DUAL-STIMULI-RESPONSIVE HYDROGELS FOR LOCALIZED AND SUSTAINED DELIVERY OF MP-L [I5R8] TO TREAT BACTERIAL WOUND INFECTIONS

Marcelo Guerrero Almonacid[1], Esteban Durán Lara[1]

(1) Laboratory of Bio & Nano Materials, Drug Delivery and Controlled Release, Department of Microbiology, Faculty of Health Sciences, University of Talca, av lircay s/n, talca, Chile.

In the search for new therapeutic alternatives for the treatment of complex infections caused by multidrug-resistant bacteria (MDRB), we report the development of two new injectable dual-response polyanionic hydrogels (DRPHs) based on NIPAM and the incorporation of comonomers with carboxylic acid groups for the sustained release of the broad-spectrum antimicrobial peptide (AMP), MP-L [I5R8], against MDRB. AMPs have been widely studied, presenting advantages such as their potent antibacterial activity and multitargeting capacity, which decrease the generation of resistance. However, they also present disadvantages in their use, including biocompatibility problems and a short half-life. Therefore, designing vehicles such as DRPHs for their localized and sustained administration represents a novel treatment strategy in the search for new alternatives to the use of traditional antibiotics. Regarding the DRPHs, the physicochemical characterization of the formulations was performed by FTIR, NRM, scanning electron microscopy, thermal analysis, rheological analysis, swelling studies, gelation time and temperature, biocompatibility assays, in vitro and in vivo antibacterial activity studies of the MP-L [I5R8]-loaded DRPHs, and histological analysis. The synthesized formulations retain the sol-gel phase change property at temperatures close to 35 °C. FTIR and NRM confirm the formation of the polymers and the incorporation of the comonomers, which, with a building block-dependent swelling behavior, explains the results of the peptide release kinetics. In vitro, antimicrobial assays indicate a sustained bactericidal activity of the peptide against *Staphylococcus aureus and Pseudomonas aeruginosa*, while biocompatibility tests confirmed the safety of the DRPHs for biomedical applications. The in vivo model in diabetic rats demonstrates rapid infection eradication and wound healing following application of MP-L[I5R8]-loaded DRPHs, and histological analysis reveals organized tissue repair. These findings demonstrate the potential of combining injectable DRPHs and AMPs to develop advanced drug delivery systems with personalized antibiotic release profiles, e.g., for the treatment of wound infections in diabetic foot ulcers.

Keywords: Stimuli-responsive hydrogel, Sustained release, Drug delivery, Antimicrobial peptide, Multi-drug resistant bacteria
Financing: This work was supported by ANID FONDECYT REGULAR (Chile) through Project N° 1210476, ANID-FONDEQUIP EQM230060 (Chile), and ANID-FOVI (Chile) through Project N° 230019 from Prof. Esteban F. Durán- Lara.
Acknowledgments: To the Bio&nano materials laboratory led by PhD. Durán-Lara, Department of Microbiology at the University of Talca, the CB-DDT, Vall d'Hebron Institute of Research (VHIR), Barcelona, and Laboratory of Animal & Experimental Morphology, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE CEPAS CLÍNICAS DE *ACINETOBACTER BAUMANNII* RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS AISLADAS EN HOSPITALES DEL CENTRO-SUR DE CHILE EN PERÍODOS PREVIOS Y POSTERIORES A LA PANDEMIA POR SARS-COV-2

Sofia Gómez Inostroza[1,2], Pablo Araya Vega[1,2], Maximiliano Matus Kohler[1,2], Felipe Morales-León[2,3], Gerardo González-Rocha[1,2], Andres Opazo-Capurro[1,2]

(1) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Departamento de Microbiologia, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción 4070409, Concepción, Chile.
(2) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción 4070409, Concepción, Chile.
(3) Hospital Las Higueras, Talcahuano, Chile.

Introducción
La pandemia de SARS-CoV-2 favoreció el incremento de cepas multiresistentes de *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenémicos(CRAb), patógeno intrahospitalario de prioridad crítica según la Organización Mundial de la Salud(OMS). En Chile, la tasa de resistencia a carbapenémicos supera el 60%, evidenciando su relevancia epidemiológica nacional.

Objetivo
Caracterizar la epidemiología molecular entre cepas clínicas de *A. baumannii* resistentes a carbapenémicos(CRAb), aisladas en hospitales del centro-sur de Chile durante periodos previos y posteriores a la pandemia de COVID-19.

Materiales y método
Se analizaron 45 cepas de CRAb aisladas de diversos procesos infecciosos de pacientes de ocho centros hospitalarios distribuidos en las ciudades de Concepción, Talcahuano, Santiago, Temuco, Talca y San Carlos, recuperadas entre 2017-2025 y depositadas en el cepario del Laboratorio de investigación en Agentes Antibacterianos(LIAA) de la Universidad de Concepción.

Se caracterizó los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana mediante difusión en agar para los antibióticos: amikacina(AMK), gentamicina(GEN), ampicilina-sulbactam(SAM), cefotaxima(CTX), ceftazidima(CAZ), ceftriaxona(CRO), cefepime(FEP), ciprofloxacino(CIP), piperacilina- tazobactam(TZP) y sulfametoxazol-trimetoprima(SXT). Los genes blaOXA(*blaOXA-51-like, blaOXA-23-like, blaOXA-24/40-like, blaOXA-58-like y blaOXA-143-like*) y la asociación de ISAba1-blaOXA-51-like fueron pesquisados mediante PCR múltiple y convencional, respectivamente. La relación genética se evaluó y analizo mediante ERIC-PCR y el software GelJ, respectivamente. Utilizando un umbral de similitud del 90 % para establecer la estrecha relación genética.

Resultados

La tasa de resistencia a AMK y GEN alcanzo el 80%(N=36) y 73%(N=33), respectivamente. Se observó resistencia del 100%(N=45) a CRO y CTX, 80%(N=36) a CAZ, 87%(N=39) a FEP, 98%(N=44) a TZP, 84%(N=38) a CIP, 42%(N=19) a SXT y 22%(N=10) a SAM. Del conjunto de cepas analizadas(N=45), todas portaron el gen blaOXA-51-like, 49%(N=22) blaOXA-23-like y el 9%(N=4) el gen blaOXA-58-like. No se detectó la portación de los genes blaOXA-24/40-like y blaOXA-143-like. Por otro lado, el 38%(N=17) presentó la asociación ISAba1-blaOXA-51-like. Los perfiles electroforéticos obtenidos mediante ERIC-PCR permitio identificar seis clústeres genéticos(C1–C6); cinco de los cuales agruparon exclusivamente cepas según su periodo de aislamiento, mientras que uno integró aislamientos de ambos periodos de estudio.

Conclusión

Los resultados evidencian reemplazo clonal intrahospitalario y diseminación interhospitalaria de cepas estrechamente relacionadas, y sugieren que la propagación clonal de aislados productores de *blaOXA-23* podría ser un factor determinante en los elevados niveles de resistencia a carbapenémicos observados.

Keywords: *Acinetobacter baumannii*, Resistencia a carbapenémicos, SARS-CoV-2, Epidemiologia Molecular

Financing: Proyecto VRID N° 2022000671INT, titulado “Caracterización molecular de patógenos prioritarios críticos resistentes a carbapenémicos aislados desde infecciones del torrente sanguíneo”, cuyo investigador responsable es el Dr. Felipe Morales León.

EXTRACTOS FÚNGICOS COMO POTENCIAL TERAPÉUTICO FRENTE A *MORAXELLA* SPP

Daniela Henriquez[1], Nicolle Parra[2], Leonor Diaz[3], Paola Diaz Navarrete[4]

(1) Universidad catolica de temuco, Ciencias veterinarias y salud publica, Recursos Naturales, Rudencindo Ortega 2968, Temuco, Chile.
(2) Universidad catolica de temuco, Ciencias veterinarias y salud publica, Recursos naturales, Rudecindo Ortega 2968, Temuco, Chile.
(3) Universidad Catolica de temuco, Procesos diagnostico y evaluación, Ciencias de la Salud, Manuel Montt 56, Temuco, Chile.
(4) Universidad Catolica de temuco, Ciencias veterinarias y salud publica, Recursos naturales, Rudencindo Ortega 2968, Temuco, Chile.

Moraxella bovis es la principal causa de la queratoconjuntivitis bovina. Sus factores de virulencia patogénicos (fimbrias y pili tipo IV), facilitan su adhesión al epitelio corneal (Prieto et al. 2013). Sus pilis participan en la formación de biopelículas, otorgando resistencia inmunológica y antimicrobiana (Ortega et al. 2018).

Los compuestos fúngicos bioactivos fortalecen el sistema inmunológico e inhiben la formación de biopelículas (Calvinho, 2021) y en M. bovis su capacidad no ha sido evaluada, por lo que se propuso determinar la capacidad antimicrobiana extractos fúngicos frente a Moraxella spp. Se obtuvo una muestra mediante torulado de un bovino diagnosticado clínicamente. Se aisló e identificó Moraxella spp. Mediante métodos morfológicos y moleculares (16S rRNA). Se utilizaron tres especies fúngicas: *Gyromitra esculenta* (cepa de campo), y *Hericium erinaceus y Pleurotus eryngii*, estas dos últimas cultivadas en laboratorio.

Posteriormente, se construyeron curvas de crecimiento y se realizaron ensayos antimicrobianos de difusión en agar y dilución seriada, utilizando *Pseudomonas aeruginosa* como referencia. Se confirmó la clasificación de *Moraxella* spp. (16S), morfología coco-bastón, tinción Gram-negativo y bioquímica no fermentadora de glucosa/lactosa/manitol, H2S negativo y catalasa positiva. A diferencia de *P. aeruginosa*, la forma de la curva de crecimiento de *M. bovis* fue irregular, presentando un comportamiento exponencial entre las 8:00-16:00 horas. La actividad antibacteriana de los extractos fue *Hericium erinaceus* > *Pleurotos Erygnii y Gyromitra esculenta* (~78 mg/mL) sobre ambas especies bacterianas. A diferencia de *Moraxella* spp, todos los extractos inhibieron el crecimiento de *P. auroginosa* de manera dosis dependientes.

En conclusión, los métodos de extracción utilizados fueron efectivos en la obtención de compuestos bioactivos a partir de las tres especies de hongos evaluadas. Todos los extractos mostraron actividad antimicrobiana frente a ambas cepas bacterianas, destacándose Hericium erinaceus por su mayor potencia. Estos resultados respaldan la necesidad de continuar con estudios dirigidos a caracterizar la composición química de los extractos y comprender su mecanismo de acción, con el fin de evaluar su potencial como agentes terapéuticos antibacterianos.

ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA A DISTINTOS NIVELES DE PH ÁCIDO EN BACTERIAS ÁCIDO-LÁCTICAS AISLADAS DE QUESOS ARTESANALES DE AREQUIPA, PERÚ

Marial Hernandez-Caycho[1,2], Gerardo Cárdenas-Condori[1], Yehosua Aragón-Chicata[1], Yndalu Huillca-Pari[1], Edgar Quispe-Chipana[2], Jorge Ballón-Echegaray[1]

(1) Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa, Laboratorio de Investigacion de Microbiología Molecular, Facultad de Medicina, Av. Alcides Carrión 101, Cercado, Arequipa, Perú. (2) Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa, Laboratorio de Anatomía y Fisiología Animal, Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Alcides Carrión 101, Cercado, Arequipa, Perú.

La región de Arequipa es uno de los mayores centros de producción lechera del Perú, concentra múltiples plantas queseras artesanales. Sin embargo, los estudios sobre microorganismos como las bacterias ácido-lácticas (BAL) en este tipo de quesos y la evaluación de su potencial probiótico son escasos. La evaluación in vitro de estas cepas autóctonas puede ofrecer mayor seguridad y eficacia, favoreciendo la salud intestinal y aportando al desarrollo económico regional. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la actividad antimicrobiana a distintos niveles de pH ácido en BAL aisladas de quesos artesanales comercializados en la ciudad de Arequipa, Perú. Se recolectaron quesos artesanales no pasteurizados en mercados de la ciudad. El aislamiento de bacterias fue en caldo y agar MRS tras diluciones seriadas, la descripción morfofenotípica fue mediante tinción de Gram y la identificación mediante MALDI-TOF MS (VITEK MS). Después se evaluó la seguridad (actividad catalasa, hemolisis y gelatinasa), susceptibilidad a antibióticos (ampicilina, tetraciclina, vancomicina, gentamicina), eficacia (tolerancia a pH ácido, actividad antibacteriana ((*Escherichia coli* H7:0157, *E. coli* ATCC 25922, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 1111) y antifúngica (*Candida albicans* ATCC 10231)). Se amplificaron genes *mub1, mub2, mapA, plnA, pediocin PA-1, brevicin-174A y bsh* por PCR punto final. Se recolectaron 5 tipos de queso "Gouda" (Q1), "Serrano" (Q2), "Tilsty" (Q3), "Majes" (Q4) y "Yute" (Q5), los cuales contenían 7.35x108, 9,25x108, 1,08x109, 3,54x1010, 4,06x1010 UFC/g respectivamente. Se identificaron colonias que no presentaban actividad catalasa, hemólisis, gelatinasa, ni resistencia a alguno de los antibióticos, siendo un total de 29 aislados, las cuales correspondían a *Lactobacillus fermentum, Lactobacillus paracasei, Lactobacillus pentosus/plantarum, Pediococcus pentosaceus, Lactobacillus reuteri, Weisella confusa*. Todos los aislados crecieron en pH 4–6, 17 aislados toleraron pH 3 y solamente 5 aislados resistieron pH 2 (>3h). De los cuales, los aislados con mayores UFC/mL en pH 3 y pH 7 mostraron la mayor actividad antibacteriana y antifúngica, los de pH 4 y pH 6 presentaron únicamente actividad antifúngica elevada. Todos expresaron genes de interes. Nuestros resultados sugieren que las BAL aisladas poseen potencial probiótico, especialmente bajo condiciones de estrés ácido, lo que respalda su posible aplicación en salud y en la industria alimentaria.

Keywords: Bacterias ácido lácticas, MALDI-TOF MS, Antimicrobiano
Financing: Autofinanciado
Acknowledgments: A Noemi Enriquez por su apoyo en la parte metodológica.

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE CEPAS EXTRAINTESTINALES PATOGÉNICAS DE *ESCHERICHIA COLI* AISLADAS EN EL GRAN CONCEPCIÓN ENTRE 2024-2025

Néstor Andrés Herrera Chávez[1,2,3,4], Javiera Torres[2,5], Javier Zenis[1,5], Nicolás Schnake[5], Víctor Herrera[1,3], Catalina Morán[4], Josefa Castillo[4], Francisca Lagos[4], Matías Lagos[4], Iván Rodríguez[2], Roberto Vega[2], Maximiliano Matus-Köhler[1,3], Gerardo González-Rocha[1,3], Andrés Opazo-Capurro[1,3]

(1) Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
(2) Sección Microbiología Celular y Molecular, Laboratorio Clínico Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Concepción, Chile.
(3) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
(4) Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, sede Concepción, Universidad Andrés Bello, Chile.
(5) Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Introducción: Las infecciones causadas por *Escherichia coli* resistente a los antibióticos presentan un desafío mayor en salud pública. En 2019, *E. coli* fue responsable del mayor número de muertes asociadas a resistencia antimicrobiana a nivel global, posicionándolo como un patógeno de prioridad crítica para la OMS. En Chile, la vigilancia epidemiológica no incluye cepas extraintestinales ni aquellas resistentes a cefalosporinas de tercera generación y/o productoras de carbapenemasas, por lo que la información local es limitada. Este trabajo tiene como objetivo caracterizar fenotípica y genotípicamente cepas extraintestinales de *Escherichia coli* multidrogo-resistentes aisladas en el Gran Concepción durante 2024–2025. Metodología: Aprobación CEC SSC (25-03-15). Se recolectaron 56 cepas de *E. coli* multidrogo-resistentes de muestras clínicas extraintestinales del Gran Concepción (2024–2025). La identificación se realizó por MALDI-ToF y susceptibilidad por Vitek2. Ante resistencia a carbapenémicos, se aplicó test inmunocromatográfico para detección de carbapenemasas. La relación filogenética se evaluó mediante ERIC-PCR, y la identificación de filogrupos por PCR múltiple mediante la detección de los genes *chuA, yjaA, tspE4.C2 y arpA*.

Resultados: El 71% de las cepas se aislaron en entornos hospitalarios y el 29% en atención primaria; se obtuvieron principalmente desde orina (70%) y sangre (9%). Se observó resistencia a ciprofloxacino (66%), trimetoprim-sulfametoxazol (69%), gentamicina (17%), amikacina (12%), ceftazidima (30%), cefotaxima (94%), cefepime (19%), meropenem (10%) e imipenem (10%); no hubo resistencia a nitrofurantoína. Respecto a la producción de carbapenemasas, se detectó NDM en 3 cepas (5%), KPC en 2 (3%) y NDM+KPC en 1 (1,7%). Filogenéticamente, las cepas se agruparon en 5 clústeres. Los filogrupos más frecuentes fueron B2 (41%) y E (26%). Conclusión: Los hallazgos confirman patrones descritos internacionalmente: predominio del filogrupo B2 en infecciones graves, su asociación con muestras invasivas, origen hospitalario y resistencia a los antibióticos, además de mayor diversidad genética. Esto refuerza la necesidad

de vigilancia molecular y estrategias de control basadas en filogrupos.

Keywords: *Escherichia coli,* Resistencia antimicrobiana, Carbapenemasas, Filogrupos, Diversidad genética.

TRANSCRIPTOMIC PROFILING OF PATIENTS WITH HANTAVIRUS CARDIOPULMONARY SYNDROME IDENTIFIES ANNEXIN A3 AS A REGULATOR OF TYPE I INTERFERON SIGNALING LINKED TO DISEASE SEVERITY

Juan Hormazabal[1], Aldo Barrera[2], Constanza Martinez-Valdebenito[2], Fernanda Wielandt[1], Lina Cortes[1], Marcela Ferres[2], Pablo Vial[1], Cecilia Vial[1], Julio Santelices[1]

(1) Clinica Alemana-Universidad Del Desarrollo, Instituto de Innovacion en Medicina, Facultad de Medicina, Avenida La Plaza 680, Edificio o, Piso -2, Santiago, Chile.
(2) Potificia Universidad Catolica, UC CHRISTUS, Facultad de Medicina, Marcoleta 350, Santiago, Chile.

Background.
Hantaviruses are zoonotic pathogens causing hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS) and hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS). In South America, Andes orthohantavirus (ANDV), the etiological agent of HCPS, which constitutes a major public health threat due to high lethality, person-to-person transmission, and absence of specific therapies. Despite infection by the same viral strain, clinical outcomes range from mild to severe, suggesting host factors critically modulate disease course.

Methods.
Peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) were obtained from HCPS patients and stratified by severity and progression (early and late acute, convalescent). RNA-seq datasets were analyzed with DESeq2, and functional enrichment of differentially expressed genes (DEGs) was performed. DEGs were validated by RT-qPCR, with a focus on Annexin A3 (ANXA3). To assess function, ANXA3 knock-out (KO) endothelial (TIME) and epithelial (A549) cell lines were generated using CRISPR/Cas9 and infected with authentic ANDV or VSV Gn/Gc pseudoviruses. Viral replication was quantified by qPCR and GFP, respectively, while host responses were measured through pro-inflammatory response cytokines, Type-I interferon pathway, and STAT1 activation.

Results.
Transcriptomic analysis identified 242 DEGs, enriched in type I interferon and other immuno pathways, with ANXA3 significantly upregulated in severe patients. Functional validation demonstrated that ANXA3 KO cells Despite to be infected, failed to induce pro-inflammatory cytokines and ISGs upon infection. Importantly, phosphorylation of STAT1 was absent in ANXA3 KO cells but preserved in wild-type controls, indicating a requirement of ANXA3 for STAT1-mediated type I interferon signaling.

Conclusion.
Our integrated clinical and functional analyses identify ANXA3 as a regulator of the type I interferon pathway during Hantavirus infection. By enabling STAT1 phosphorylation and ISG induction, ANXA3 emerges as a key host factor associated with disease severity in HCPS, providing new mechanistic insights into host determinants of hantavirus pathogenesis.

Financing: Fondecyt Regular ANID 1241530 ; Postdoc ANID 3230499
Acknowledgments: Instituto de Ciencias e Innovacion en Medicina-Clinica Alemana Universidad Del Desarrollo; Programa de Hantavirus & zoonosis; Proyecto Anillo Fondecyt 220061

SUBLETHAL CONCENTRATIONS OF ANTIBIOTICS MODULATE THE PROTEIN COMPONENTS OF SALMONELLA TYPHI OMVS CONTRIBUTING TO VIRULENCE-ASSOCIATED PHENOTYPES

Pablo Eduardo Iglesias Irribarra[1], Francisco Parra Lathrop1, Pedro Marchant[1], Jessenia Melio[1], Juan Fuentes Aravena[1]

(1) Universidad Andres Bello, Laboratorio de Genética y Patogénesis Bacteriana, Centro de Investigación de Resiliencia a Pandemias, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

Introduction: Typhoid fever, caused by *Salmonella enterica* serovar Typhi (S. Typhi), remains a significant public health problem, with millions of estimated annual cases in endemic regions and an increasing threat posed by antimicrobial resistance. This pathogen produced outer membrane vesicles (OMVs) which are closely related to antimicrobial resistance. Previous evidence shows that S. Typhi changes their OMV properties when exposed to subinhibitory concentrations of ampicillin impacting in OMV biogenesis and cargo. In this work we want to assess the OMVs modification induce for prevalent antimicrobial treatment such as ciprofloxacin and polimxin B.

Objective: To evaluate how OMVs from S. Typhi exposed to ¼ of the minimum inhibitory concentration (MIC) of ciprofloxacin (CIP) and polymyxin B (PMB) affect OMVs properties and cell viability.

Methods: OMVs will be isolated from bacterial cultures treated with ¼ MIC of CIP or PMB. Characterization will include transmission electron microscopy (morphology), protein quantification (BCA assay), lipid content (FM4-64 staining), and protein profile (SDS-PAGE). Biological activity will be assessed in human epithelial (HT-29) and monocytic (THP-1) cells by measuring apoptosis and necrosis (Annexin V/PI).

Results: Growth curves showed that S. Typhi was able to grow even at 2X MIC of ciprofloxacin, but not with polymyxin B. Transmission electron microscopy (TEM) revealed vesicles of heterogeneous sizes and the presence of OIMVs with double membranes in OMVs treated with ciprofloxacin, unlike OMVs treated with polymyxin B, which showed altered or partially collapsed vesicular structures, absent in the WT strain. OMVs treated with ciprofloxacin showed higher protein content compared to those treated with polymyxin B and WT, while lipid content was higher in polymyxin B-treated samples. SDS-PAGE revealed a more complex protein profile in ciprofloxacin-treated OMVs, with more bands similar to untreated OMVs. MTT assays in HT-29 and THP-1 cells showed no significant differences in cell viability between conditions.
Conclusions: This study shows that subinhibitory antibiotic exposure alters OMV composition and morphology in S. Typhi. Although MTT assays showed no cytotoxic differences, the modified protein and lipid content suggests potential immunomodulatory effects. These findings support future studies on cytokine responses and strategies to address antimicrobial resistance.

Keywords: Salmonella Typhi, OMVs, Antibiotics

PHYLOGENOMIC INSIGHTS AND POPULATION STRUCTURE OF GLOBALLY DISSEMINATED CTX-M-8 B-LACTAMASE-PRODUCING *ESCHERICHIA COLI* STRAINS.

Franco Ilabaca-Carrasco[1,2,3,6], Maximiliano Matus-Köhler[1,2], Lorena Tobella-Leiva[1], Carlos Peña-Raddatz[1], Claudia Torres-Bustos[1], Celia A. Lima[1,4], Daniel Gomez-Uchida[5], Andrés Opazo-Capurro[1,2], Helia Bello-Toledo[1,2], Gerardo González-Rocha[1,2]

(1) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(2) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(3) Laboratorio de Bioanálisis Clínico, Hematología y Medicina Transfusional, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(4) Departamento de Prevención y Salud Pública, Facultad de Odontología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(5) Laboratorio de Genómica en Ecología, Evolución y Conservación (GEECLAB), Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(6) Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

BACKGROUND.
The CTX-M-8 β-lactamase was first identified in Brazil (1996–1997) and has since disseminated globally among Enterobacterales species. In Chile, it was first reported in 2018 in three *Escherichia coli* strains (CDR391, CDR401, CDR398B), with a fourth strain (M1/A/C/29) detected in 2022. This study reconstructs ancestor-descendent relationships and population structure of strains across the globe.

METHODS.
We analyzed 159 blaCTX-M-8-carrying *E. coli* genomes and conducted species identification, resistance gene profiling, sequence typing, haplotype assignment, and plasmid characterization. Following SNPs calling, alignment and recombination filtering, we inferred two phylogenies using Maximum Likelihood (ML) and Bayesian Inference (BI), with topological congruence assessed via the normalized Robinson-Foulds index (nRF) and visualized using a tanglegram. We obtained a time-calibrated consensus tree, annotated bacterial genomes and estimated pan-, accessory-, and core-genome sizes. We also evaluated population structure and genetic diversity metrics.

RESULTS.
ML and BI phylogenies showed high congruence (nRF = 0.161). The time-calibrated tree revealed four major clades. M1/A/C/29 clustered within clade four, emerging around 2014–2015 and sharing a common ancestor with CDR401 and CDR398B dated to early 2022. CDR391 was placed in clade one. M1/A/C/29 was 166 SNPs from clonal group 3 (Czech Republic), while clonal group

16 (CDR398B and 1520e_R12, Paraguay) was 142 SNPs from group 3, but not directly linked to M1/A/C/29. Most strains carried blaCTX-M-8 on IncIγ/K1 [MOBP] plasmids. Pan-, accessory-, and core-genomes comprised 28,520, 26,023, and 2,497 coding sequences, respectively. We identified 62 sequence types, 23 clonal groups, and 120 haplotypes. Diversity metrics were: π = 0.134, πJC = 0.156, Hd = 0.989. Neutrality tests yielded non-significant results (p values > 0.05): Tajima's D = −0.920, Fu and Li's D = −2.291 and F = −1.933, while dN/dS was 0.808.

CONCLUSIONS.
This study highlights the global diversity of blaCTX-M-8-carrying *E. coli,* with Chilean strains exhibiting distinct evolutionary trajectories. The clustering of M1/A/C/29 with European and South American isolates suggests recent dissemination. The IncIγ/K1 [MOBP] plasmid appears central to the global spread of blaCTX-M-8. High haplotype diversity and signals of purifying selection suggest ongoing evolutionary pressures. These findings underscore the importance of genomic surveillance in tracking antibiotic resistance.

Keywords: *Escherichia coli*, CTX-M-8 β-lactamase, IncIγ/K1 plasmid, Phylogenomics, Population genetics

GENOMIC DIVERSITY AND CONCURRENCE OF ACIDITHIOBACILLIA CLASS BACTERIA ALONG A PH GRADIENT

Francisco Issotta[1,2], Camila Rojas-Villalobos[1,3], Dilanaz Arisan[1,4], Fernando Díaz-Gonzalez[1,3], Pedro Sepúlveda-Rebolledo[1], Héctor Carrasco[1], Beatriz Díez[1,5], Raquel Quatrini[1,6]

(1) CCTE Ciencia y Vida, Fundación Ciencia y Vida, Santiago, Chile.
(2) Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica, Santiago, Chile.
(3) Programa de Doctorado en Biología Computacional, Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Diseño, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile
(4) Programa de Doctorado en Biotecnología y Bioemprendimiento, Facultad de Medicina, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile
(5) GEMA Genómica, Ecología & Medio Ambiente, Universidad Mayor, Santiago, Chile.
(6) Universidad San Sebastián, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile.

Hydrogeothermal environments such as the Copahue-Caviahue volcanic complex represent natural laboratories, where steep pH and electrochemical gradients strongly influence microbial diversification and adaptation. These ecosystems, characterized by acidic waters rich in metals and sulfates, provide an ideal framework for investigating eco-evolutionary processes that shape the assembly and evolution of acidophilic prokaryotic communities. Within this context, we applied a high-resolution metagenomic strategy to elucidate the genomic diversity, ecological distribution, and evolutionary dynamics of Acidithiobacillia populations, which are recognized as major drivers of sulfur and iron biogeochemical cycling in extreme acidic environments.

By integrating multiple binning and refinement algorithms, we reconstructed 7,387 unique metagenome-assembled genomes (MAGs) from more than 50 independent metagenomes. Among them, approximately 1,259 achieved medium-high quality (MHQ) standards, with 40% classified as high-quality and 60% as medium-quality drafts. *Acidithiobacillia* members represented up to 80% of the total microbial reads in the most acidic habitats, generating 448 MAGs (30% MQ/HQ), underscoring their ecological prominence and central role in sustaining community metabolism under extreme stressors. Taxonomic profiling identified well-known species such as Fervidacidithiobacilluscaldus and novel species such as Igneacidithiobacillus copahuensis, together with several undescribed clades of iron-oxidizing lineages of the class. These novel clades established distinct ecological guilds in two of the six habitats analyzed, highlighting localized specialization and niche partitioning. Comparative genomic analyses across the pH gradient revealed fine-scale genetic differentiation within *Acidithiobacillia* lineages, suggesting active diversification driven by site-specific constraints. Community assembly modeling further indicated the interplay of stochastic and deterministic processes, with species turnover emerging as a dominant mechanism. Moreover, variable intraspecific genomic diversity across habitats pointed to environmental filtering as a key selective force, potentially reflecting adaptation of local populations to particular redox and acidity regimes. By integrating ecological, evolutionary, and genomic perspectives, this study provides a comprehensive framework for understanding how microbial populations partition the ecological

space, and how they diversify and evolve along physicochemical acidic gradients.

Financing: ANID/Fondecyt Postdoctorado 3230527; ANID/Fondecyt 1221035, ANID/BASAL/FB210008; ANID/BECAS/DOCTORADO NACIONAL (C.R-V. 21241467 / D.A. 21241696). VRID/USS/BECAS/DOCTORADO (F.D-G. 10202955).

CHARACTERIZATION OF CCHFV SPIKE PROTEINS IN DIFFERENT OLIGOMERIC STATES UNDER CELLULAR ENTRY CONDITIONS

Diego Matias Jara Peralta[1,2], Esteban Rodríguez Rivera[1], Nicole D. Tischler[1,2]

(1) Laboratorio de Virología Molecular, Centro Científico Tecnológico de Excelencia Ciencia & Vida, Fundación Ciencia & Vida, Santiago, Chile.
(2) Escuela de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile

Background
Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) is a tick-borne nairovirus considered as a WHO priority infectious agent due to its high case fatality rate (up to 40%) and lack of effective prevention or treatment. CCHFV is an enveloped virus which features a putative tetrameric spike conformed by Gn/Gc glycoproteins, crucial for cellular entry and membrane fusion. Gc is a class II fusion protein, which are typically activated by the acidic pH found in the endosomes, forming a highly stable homotrimeric (Gc3) post-fusion form. Also, these spikes are the primary targets for neutralizing antibodies, making them attractive for vaccine design. Nevertheless, the spike assembly of Gc together with Gn and the accessory proteins (GP38 and the MLD), which derive from the same M segment precursor, is still unclear. Hence, our project aimed to study the spike glycoproteins at different conditions, evaluating the different oligomeric transitions of Gn, Gc, and GP38 during the acid-induced activation, simulating cell entry conditions.

Methods and Results
CCHFV virus-like particles (VLPs) were obtained by transfecting HEK293FT cells. To assess the participation of GP38 in the spike, we studied the VLPs reactivity by analyzing anti-Gc and anti-GP38 monoclonal antibodies using flow virometry. Then, we characterized the oligomeric structures by sucrose gradient sedimentation under different conditions revealed by western blot. Flow virometry revealed the detection of GP38 at the same particles as Gc, suggesting the participation of GP38 in the CCHFV VLPs spikes. Sucrose-sedimentation analysis showed that acidification induced a shift of the Gn and Gc signal from lower to higher density fractions, indicative of a transition from a monomeric to a higher-order oligomeric state. However, this induction was reversible upon pH neutralization.

Conclusion
Our findings confirm that the GP38 glycoprotein is present in the CCHFV spike. Furthermore, we demonstrate a acid-induced oligomeric change of Gn and Gc which is not stable, suggesting a multimeric fusion intermediate. These results also indicate that unlike other class II fusion proteins, acidification is not sufficient to induce in vitro a stable post-fusion form of CCHFV Gc, and that cellular factors seem to be additionally required.

Keywords: CCHFV, Viral spike proteins, Viral cell entry
Financing: Funding: ANID grants FONDECYT 1221811, FONDEF IDeA TA24I10051 y Basal FB210008.
Acknowledgments: Acknowledgments: We thank Dr. Eric Bergeron, from Centers for Disease Control and Prevention (CDC), for facilitating CCHFV M-segment expression system.

PRODUCCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE BACULOVIRUS PSEUDOTIPADO CON GN/GC DE ANDV COMO BASE PARA UN CANDIDATO VACUNAL

Belén Jerez Monsalves[1,2], Bryan Mangui[1,2], Pablo Castro[1], Fátima Reyes[1,2], Nicolás Pinto[1], José Marcos Jiménez[1], Viana Manrique[1,3], Frank Camacho[2], Oliberto Sánchez[1]

(1) Laboratorio de Biofármacos Recombinantes, Departamento de Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Chile.
(2) Laboratorio de Bioprocesos y Biología Combinatoria, Departamento de Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Chile.
(3) Laboratorio de Bioprocesos y Biotecnología, Departamento de Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Chile.

El síndrome cardiopulmonar por hantavirus (SCPH) es una enfermedad zoonótica de alta letalidad, con tasas cercanas al 40%, causada principalmente por el virus Andes (ANDV) en Chile, Argentina y Brasil. La ausencia de terapias específicas y de vacunas profilácticas posiciona al SCPH como una prioridad sanitaria, bajo constante vigilancia de organismos internacionales y autoridades nacionales como el MINSAL. Su carácter particularmente alarmante radica en la capacidad del ANDV de transmitirse de persona a persona, lo que incrementa el riesgo de brotes y refuerza la necesidad de nuevas estrategias preventivas. Las plataformas de baculovirus pseudotipados emergen como alternativa promisoria, al combinar seguridad, eficiencia y escalabilidad en el desarrollo de candidatos vacunales frente a enfermedades de alta relevancia sanitaria.

Con este objetivo, se diseñó y construyó un baculovirus pseudotipado que exhibe en su superficie las glicoproteínas de ANDV, a partir de la generación de un vector recombinante (pHantaBacVac) mediante el sistema MultiBac™. Para ello, se utilizó el plásmido intermedio pIDC-GPC, portador del fragmento GPC que codifica las glicoproteínas Gn y Gc de ANDV, el cual fue integrado en pACEBac-GFP mediante recombinación Cre-LoxP. La correcta inserción del gen GPC fue confirmada por PCR convencional y validada funcionalmente mediante transfección transitoria en células CHO. Posteriormente, el plásmido recombinante se incorporó al genoma baculoviral empleando Cellfectin®, generándose seis clones iniciales. De estos, R6C6 y R6C8 fueron seleccionados por su mayor capacidad infectiva, comparable con la de otros baculovirus de referencia. Tras sucesivas rondas de amplificación hasta el pasaje V4, ambos clones alcanzaron títulos superiores a 10^6 unidades infecciosas en células Sf9 y Sf21. La expresión de las glicoproteínas virales fue evaluada en células Sf21 infectadas. Mediante inmunofluorescencia indirecta se detectó la presencia de Gc en la membrana celular, confirmando de manera indirecta la co-expresión de Gn. Complementariamente, un análisis de qPCR de un solo paso corroboró la transcripción de ambos genes en células infectadas, lo que validó la funcionalidad del vector en células de insecto. Se obtuvo y caracterizó un baculovirus pseudotipado que expresa Gn y Gc de ANDV, constituyendo una plataforma innovadora y segura para vacunas contra SCPH, con impacto relevante en salud pública.

Keywords: Virus Andes, Síndrome cardiopulmonar por hantavirus, Baculovirus pseudotipado,

Glicoproteínas Gn y Gc, Expresión en células de insecto

Financing: Beca ANID de Doctorado Nacional, 2023-2025

GENOMIC AND METABOLIC TRAITS OF PHOSPHATE-SOLUBILIZING BACTERIA: COMPARATIVE RESPONSES TO PLANT-EXUDED ORGANIC ACIDS

Carol Jerez-Quezada[1,2], Michel Abanto[2], Patricio Barra[2,3], Maria de La Luz Mora[2]

(1) Doctorate Program in Science of Natural Resources, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile
(2) Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology, Scientific and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile
(3) Biocontrol Research Laboratory, , Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

Phosphate availability is a major limitation for plant productivity in acidic Andisols of southern Chile, where reliance on chemical fertilizers has raised environmental and health concerns. Phosphate-solubilizing bacteria (PSB) play a pivotal role in enhancing phosphorus (P) bioavailability by producing phosphatases and organic acids (OAs), as well as by utilizing root exudates as carbon sources. In this study, we investigated the genomic and metabolic traits of three PSB isolates: *Klebsiella michiganensis* RC3 (endophytic), *K. michiganensis* RCJ4 (rhizospheric), and *Serratia ureilytica* RJAL6 (rhizospheric). Growth assays were performed under varying P sources with malic, citric, and oxalic acids. Whole-genome sequencing and annotation were used to identify plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) genes, and comparative genomics, including Venn diagram analysis, was conducted to examine shared and unique genes related to P metabolism and OA utilization. Growth assays revealed differential responses: RCJ4 displayed enhanced growth with malate, whereas RC3 responded more strongly to citrate. Whole-genome annotation identified a broad repertoire of PGPR genes, including those involved in phosphate metabolism (*phoA, phoH, phoR, phnD, phnE*) and OA utilization (*maeN, mdh, maeA/B, mqo, acnA/B, oxdC/D*). Comparative genomics showed that RC3 contained more PSB-related genes than RCJ4. These patterns indicate that, although related, each isolate possesses specific genes conferring adaptive advantages in distinct niches. Some genes encode enzymes with overlapping functions, suggesting redundancy within the PSB repertoire, whereas others (*bshA, bsdA, yfIS, phyA/B/C, phnO*) represent unique functions not shared among isolates. This highlights both functional convergence and divergence of PSB genomes, underlining their metabolic plasticity and niche-driven specialization. Overall, these findings demonstrate how genetic differences underpin metabolic adaptability to root-exuded OAs, with implications for the development of tailored microbial inoculants. The contrasting strategies of endophytic versus rhizospheric isolates underscore the importance of niche-specific traits in designing sustainable biofertilizers.

Keywords: Phosphate-solubilizing bacteria (PSB), Organic acids, Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR), Andisols
Financing: This work is supported by FONDECYT Project N° 1230084 and by the Chilean National Agency for Research and Development (ANID), through the doctoral fellowship RES. N° 4236/2024.
Acknowledgments: The present project is being developed at the Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN) and the Soil and Plant Laboratory, Universidad de La Frontera (Temuco, Chile),

GEOMICROBIOLOGÍA DEL MARGEN CONVERGENTE DE LOS ANDES

Gerdhard L. Jessen[1,2]

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Valdivia, Chile
(2) Centro de Investigación Oceanográfica en el Pacífico Sur-Oriental COPAS-Coastal, Chile

La complejidad de un ecosistema sólo puede ser revelada a través de la comprensión de sus partes, las cuales están conectadas por la biología microscópica. En este sentido, los virus y los diferentes dominios microbianos interactúan con su entorno, ya sea en vida libre o con un hospedador, como parte de la microbiota de animales y algas. Desde ambientes moderados hasta condiciones extremas, es en estos hábitats donde los microorganismos extremófilos dominan las transformaciones de materia y energía. Combinando geoquímica de alta resolución y métodos independientes de cultivo (i.e., secuenciación de amplicones y metagenómica), el objetivo de esta investigación es caracterizar la geomicrobiología y ecología del espectro ambiental extremo de Chile, desde sistemas naturales hasta los de origen antropogénico. En este contexto, se presentarán nuevos resultados sobre el viroma y la microbiología de holobiontes en el sistema hidrotermal del margen convergente andino y la Antártica, así como en ambientes acuáticos expuestos a hipoxia y contaminantes. En este espectro ambiental, se observa que la microbiota ofrece una ventaja en la respuesta de los invertebrados a eventos de hipoxia. Por otro lado, en sistemas hidrotermales y contaminados, se reporta una dominancia de bacterias y arqueas no cultivadas con un potencial metabólico diverso, destacando su rol en las transformaciones de materia, la degradación de contaminantes y la química de la biosfera profunda. En estos ambientes, la transferencia de carbono orgánico a las comunidades heterotróficas es promovida por la actividad viral a través de un ciclo lítico ampliamente dominante. En conjunto, estos hallazgos subrayan el papel de la comunidad microbiana y el viroma, como agentes clave en las transformaciones de materia y energía en los ecosistemas extremos de Chile.

Financing: Centro de Investigación Oceanográfica en el Pacífico Sur-Oriental COPAS COASTAL FB210021 & FONDECYT Regular 1251543
Acknowledgments: Agradecimientos a mi estudiantes del Earth-Life Interaction Laboratory, Biology Meet Subduction team, colegas Núcleo Milenio MASH, COPAS-Coastal y FONDECYT "Geomicrobiological landscape across the Andean Convergent boundary and beyond"

USO DE IA PARA LA IDENTIFICACIÓN DE MECANISMOS PARA LA BIORECUPERACIÓN DE ELEMENTOS CRÍTICOS A PARTIR DE DATOS METAGENÓMICOS DE SALARES

Gabriel Krüger[1,2], Camilo Berríos-Pastén[3], Patricio Arros Muñoz[3], Juan Castro-Severyn[1,2], Claudia Saavedra[2], Andrés Marcoleta[3], Francisco Remonsellez[1]

(1) Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile.
(2) Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.
(3) Grupo de Microbiologia Integrativa (GMI), Departamento de Biología, Facultad de Clencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

La demanda de litio y cobalto para energías limpias impulsa la biorrecuperación como alternativa sostenible. Los salares chilenos, con su "materia oscura microbiana", ofrecen un potencial biotecnológico inexplorado. Este proyecto busca descifrar el potencial de biorrecuperación de estos microorganismos, superando la "brecha de anotación" que impide asignar funciones a sus proteínas.

El proyecto se centrará en los salares de Huasco y Gorbea, que poseen condiciones fisicoquímicas contrastantes (pH, salinidad, presencia de arsénico y azufre). Se analizarán muestras ambientales mediante secuenciación metagenómica para reconstruir genomas de alta calidad directamente del ambiente (MAGs). El núcleo metodológico de esta propuesta es una estrategia de inteligencia artificial de múltiples capas para anotar funcionalmente las proteínas hipotéticas. Primero, se diseñará una Red Neuronal Convolucional de Grafos (GCN), donde cada proteína (hipotética y de referencia) será un nodo y sus relaciones de homología de secuencia constituirán las aristas del grafo. Este modelo propagará la información funcional a través de la red para asignar funciones putativas. Posteriormente, un modelo transformador multimodal integrará estas predicciones con la información estructural 3D de las proteínas (obtenida con AlphaFold3), logrando una anotación sinérgica y robusta.

Al reducir significativamente la brecha de anotación, asignando funciones biológicas putativas a un porcentaje considerable (entre 5-50%) de las proteínas previamente catalogadas como "desconocidas" en los MAGs de los salares. Estas anotaciones conducirán a la identificación de un repertorio de biomarcadores funcionales directamente implicados en mecanismos de biorrecuperación como transporte iónico, quelación, biosorción y transformaciones redox, incluyendo mecanismos de resistencia a diversos elementos y componentes ambientales de condiciones extremas.

Este trabajo entrega el valor agregado que la materia oscura microbiana puede ofrecer como un reservorio de soluciones biotecnológicas para la minería sostenible. La metodología integradora de IA (grafos de estructuras 3D y transformadores junto a vectores de homología) es clave para superar las limitaciones de la anotación funcional metagenómica. Se inferirán rutas metabólicas completas para la biorrecuperación de elementos críticos y se propondrán

biomarcadores enzimáticos para biosensores, optimizando procesos de minería verde a escala industrial.

Keywords: Biomineria, Anotación Funcional, Inteligencia Artificial, Materia Oscura Microbiana, Redes Grafos
Financing: Proyecto Anillo ATE 240012

PRODUCCIÓN DE BIOPELÍCULAS Y EXOPOLISACÁRIDOS EN LA EXTREMÓFILA EXIGUOBACTERIUM SP. SH31 COMO RESPUESTA ADAPTATIVA AL ESTRÉS POR COBALTO

Catalina Kusch[1], Juan Castro-Severyn[1,2], Gabriel Krüger[1,2], Francisca Urbina[1], Ana Oviedo[1], Sofia Quintana[1], Nicolas Aviles[1], Francisco Remonsellez[2], Claudia Saavedra[1]

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular, Universidad Andrés Bello, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile
(2) Laboratorio de Microbiología Apicada y Extremófilos, Universidad Católica del Norte, Facultad de Ingeniería y Ciencias Geológicas, Avenida Angamos 0610, Antofagasta, Chile

El aumento en la demanda de cobalto, impulsada por su aplicación en el desarrollo tecnológico y la transición hacia la electromovilidad, resaltan la necesidad de nuevas alternativas sostenibles para su obtención, donde el reciclaje de baterías podría ser clave. Las técnicas convencionales de recuperación de metales implican altos costos económicos y energéticos, además de daños ambientales significativos, por lo que la biorecuperación surge como alternativa sustentable.

El cobalto presenta efectos tóxicos a las células lo cual significa un desafío en la aplicación de procesos como la bioadsorción, etapa importante de la biorecuperación. En este contexto, se propone evaluar el potencial biotecnológico de la bacteria poliextremófila *Exiguobacterium* sp. SH31, aislada en trabajos previos desde Salar del Huasco, para biorecuperar cobalto, analizando cambios transcripcionales frente al estrés generado por este metal, y particularmente aquellos procesos asociados a la síntesis de exopolisacáridos y producción de biopelículas. La hipótesis planteada fue que la exposición a cobalto induce una respuesta transcripcional diferencial en Exiguobacteriumsp. SH31, promoviendo la producción de exopolisacáridos y la formación de biopelículas como mecanismos adaptativos al estrés. El objetivo general fue caracterizar los mecanismos moleculares y fisiológicos mediante los cuales *Exiguobacterium* sp. SH31 responde al estrés generado por cobalto, con énfasis en formación de biopelículas y síntesis de exopolisacáridos, evaluando su potencial biotecnológico en ambientes con alta concentración de metales.

Se identificaron genes de interacción con cobalto (*czcA, czcD y cadA*) en el genoma secuenciado de SH31. Esta tolerancia fue determinada mediante ensayos de concentración mínima inhibitoria, siendo 1,5 mM para cobalto. Además, mediante RT-qPCR se cuantificó la expresión de genes asociados a resistencia a cobalto y formación de biopelículas para evaluar los cambios a nivel transcripcional en respuesta al estrés generado por este metal. Se observó que en presencia de cobalto (0.8, 0.4 y 0.2 mM) aumentó la formación de biopelículas y producción de EPS.

Este estudio permitirá esclarecer los mecanismos moleculares y fisiológicos mediante los cuales *Exiguobacterium* sp. SH31 interactúa con cobalto, generando información necesaria para el desarrollo de aplicaciones biotecnológica verdes orientadas a biorecuperar elementos

de valor.

Keywords: Microbiología, Extremófilos, Biorecuperación, Biopelículas, Cobalto
Financing: Proyecto Anillo ATE240012
Acknowledgments: Proyecto Anillo ATE240012, Proyecto Anillo ATE220007, Fondecyt Regular 1250419

CARACTERIZACIÓN ECOFISIOLÓGICA DE *ACIDITHIOBACILLUS FERRUGINOSUS* CF3: UNA CEPA BIOMINERA HIERRO-OXIDANTE ALTAMENTE TOLERANTE A METALES

Celia Larrea-Duharte[1,2], Catalina Gallardo Espíndola[3], Ana Moya-Beltrán[4], Yasna Gallardo[1], Priscilla Bucarey[1], D. Barrie Johnson[5], Patricio Martinez-Bellange[6], Raquel Quatrini[3]

(1) CCTE Ciencia y Vida, Fundación Ciencia y Vida, Santiago, Chile
(2) Universidad San Sebastián, Programa de Doctorado en Biotecnología y Bioemprendimiento, Facultad de Medicina, Santiago, Chile
(3) Universidad San Sebastián, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile
(4) Universidad Tecnológica Metropolitana, Departamento de Informática y Computación, Facultad de Ingeniería, Santiago, Chile
(5) Bangor University, School of Biological Sciences, Bangor, United Kingdom
(6) Universidad Andrés Bello, Centro de Biotecnología de Sistemas, Santiago, Chile

Las bacterias hierro-oxidantes desempeñan un papel central en los procesos de biolixiviación, una biotecnología utilizada para la extracción de metales valiosos a partir de minerales sulfurosos de baja ley. Estos microorganismos catalizan la oxidación de hierro ferroso (Fe^{2+}) a férrico (Fe^{3+}), un agente oxidante altamente efectivo para la disolución de sulfuros metálicos, cuya regeneración biológica mantiene activo el ciclo férrico bajo condiciones acídicas. Estos procesos favorecen la liberación de metales, que en condiciones ácidas se acumulan a niveles tóxicos, planteando desafíos para los propios bioprocesos, y para la gestión ambiental de operaciones de biolixiviación. Por estas razones, las bacterias hierro-oxidantes no solo son clave para optimizar la cinética de disolución mineral, sino que también representan un componente esencial en el diseño de consorcios microbianos aplicados a la biolixiviación y la biorremediación de residuos mineros. CF3 es una cepa de *Acidithiobacillus*, aislada de una mina de cobalto (Idaho, USA), pobremente caracterizada y que, según estudios preliminares, presenta elevada tolerancia a metales pesados. La evidencia disponible sugiere que podría representar una nueva especie del género, con la designación provisional de '*Acidithiobacillus ferruginosus*'. En este estudio se evaluaron las características ecofisiológicas de CF3, mediante estrategias microbiológicas y genómicas. La cepa fue capaz de crecer en medio 9K con azufre, tetrationato y hierro como fuentes de energía, confirmando versatilidad metabólica. En medio 9K-Fe mostró crecimiento positivo en un rango de pH entre 0,5 a 3,0, registrándose la máxima tasa de crecimiento en torno a pH 1.8. En cuanto a la temperatura, mostró crecimiento sostenido entre 25 °C y 42 °C, con un óptimo a 30 °C. Al ser expuesta a concentraciones crecientes de cadmio (Cd^{2+}), toleró hasta 450 mM, más de diez veces el límite registrado para *A. ferrooxidans* ATCC 23270, observándose además oxidación de hierro indicativa de actividad biológica incluso a concentraciones superiores a 675 mM. CF3 presentó motilidad activa en observaciones microscópicas, lo que sugiere potencial para colonización eficiente de superficies minerales. En conjunto estas características, validan su uso aplicado en prácticas biohidrometalúrgicas, aunque su uso efectivo en consorcios microbianos tolerantes y robustos requiere estudios adicionales.

Keywords: *Acidithiobacillus ferruginosus*, biolixiviación, metales pesados, consorcios microbianos, ecofisiolog
Financing: ANID/Fondecyt 1221035, ANID/BASAL/FB210008, and ANID/BECAS/DOCTORADO NACIONAL (C.L-D. 21242380). DINV-LPR23-09-UTEM

A NATURE-BASED SOLUTION: DESING A MICROBIAL CONSORTIA FOR THE RECOVERY OF BURNED SOILS.

Javiera Lazo Lazo[1,2], Elizabeth Yugsi[1,2], Alejandra Vergara[2,3], Pedro Mondaca[2], Esli Lobaina[1,2], Francisco Cereceda[3,4], Ximena Fadic[3,4], Marcela Carvajal[2,3]

(1) Programa conjunto de Doctorado en Biotecnología, Universidad Técnica Federico Santa María - Pontificia Universidad católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
(2) Universidad Técnica Federico Santa María, Laboratorio de Agrobiotecnología, Centro de Biotecnología Dr. Daniel Alkalay Lowitt, Valparaíso, Chile.
(3) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Valparaíso, Chile.
(4) Universidad Técnica Federico Santa María, Centro de Tecnologías Ambientales, Valparaíso, Chile.

Forest fires are one of the main ecological disturbances affecting forest ecosystems in south-central Chile, generating devastating effects on vegetation, biodiversity and, especially, on the soil. These events deeply alter physicochemical and microbiological properties of the soil: they increase their hydrophobicity, modify their structure, release potentially toxic nutrients and metals, reduce organic matter and cause a drastic loss of microbial biomass. Faced with this scenario, the development of post-fire restoration strategies that consider the central role of the microbiota of the soil in the ecological resilience processes is required. This research proposes a biotechnological strategy based on the manipulation of the native microbiome to restore soils affected by fires.

This research raises a biotechnological strategy based on the manipulation of native microbiome to restore fire affected soils. A bioformulate was designed from native microorganisms tolerant of post-fire conditions and with syntrophic functions. The methodology included a field soil collection and a 350 ° C laboratory fire simulation in a controlled combustion chamber. A physicochemical and microbiological characterization of the pre- and post-fire soils was carried out by metabarcoding, and a recolonization study was carried out by the addition of original microbiota. Subsequently, native microorganisms (fungi and bacteria) with relevant ecological functions (biodegradation of aromatic compounds, phosphate solubilization, proteolysis, nitrogen fixation and ash tolerance) were isolated and characterized using specific solid culture media. To form the consortium, 11 fungal strains from 4 different families were selected: Mucoraceae, Hypocreaceae, Trichocomaceae, Nectriaceae. For the bacterial strains, 10 strains were selected, with 5 different families: 2 from the Bacillota phylum: Paenibacillaceae and Bacillaceae, and 3 from the Pseudomonadota phylum: *Pseudomonadaceae, Enterobacteriaceae and Xanthomonadaceae*. This selection was based on Sanger sequencing results, functional activities, morphological differences between strains, and taxonomic diversity. The consortium was formed through plate co-culture confrontation assays, obtaining results of syntrophic relationships in most strains, where only two of them are antagonistic.

This work represents an advance in the design of ecological and sustainable solutions oriented to the recovery of biogeochemical functions and the resilience of burning soils, integrating

tools for environmental microbiology and biotechnology applied to post-fire restoration.

Keywords: Forest fires, Soil restoration, Native microbiota, Ecological bioremediation, ecological bioremediation
Financing: Financing: We thank the PCIN230027 project, “Redes ANID; Desafíos para la recuperación post-incendios”.
Acknowledgments: Beca Doctorado Nacional ANID, Chile – 21240074Corporación Nacional Forestal (CONAF), Metropolitana, Chile.

EFECTO DE LA FUENTE DE NITRÓGENO EN LA PRODUCCIÓN PRODUCTOS DE INTERÉS INDUSTRIAL POR *THRAUSTOCHYTRIUM* SP. RT2316-16

María Paz Lefiguala Morales[1], Carolina Shene de Vidts[1], Lisert Flores Saldivia[1]

(1) Universidad de la Frontera, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ciencias e Ingeniería, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

Introducción: Los traustoquitridios son protistas marinos con alto potencial para la producción sostenible de biomoléculas de interés industrial, tales como ácidos grasos poliinsaturados, escualeno y coenzima Q10. La optimización de las condiciones nutricionales resulta fundamental para maximizar los rendimientos metabólicos, siendo la disponibilidad de nitrógeno un factor determinante que influye tanto en el crecimiento celular como en la acumulación de lípidos. Métodos: La cepa *Thraustochytrium* sp. RT2316-16 se cultivó bajo condiciones controladas empleando diferentes fuentes de nitrógeno, tanto inorgánicas (amonio, nitrato) como orgánicas (peptona, extracto de levadura). Se evaluaron las cinéticas de crecimiento, la acumulación de lípidos y la composición de la biomasa. La cuantificación de metabolitos incluyó lípidos totales, perfil de ácidos grasos y escualeno mediante métodos espectrofotométricos y cromatográficos.

Resultados: La fuente de nitrógeno influyó significativamente en la productividad de biomasa y en la síntesis de metabolitos. Las fuentes orgánicas favorecieron el crecimiento de la biomasa (≈7 g/L) y producción de lípidos (≈31 %P/P), mientras que la limitación de nitrógeno no disminuyó de manera significativa el crecimiento (≈6 g/L), se observa una disminución de al menos el 50% en la producción de lípidos totales (≈18 %P/P) en medios con fuente de nitrógeno inorgánica. Estos resultados evidencian la flexibilidad metabólica de *Thraustochytrium* sp. RT2316-16 frente a la composición del medio de cultivo.

Conclusión: La fuente de nitrógeno constituye un factor clave en la modulación de la producción de metabolitos en *Thraustochytrium* sp. RT2316-16. El manejo estratégico de este nutriente podría emplearse para direccionar los flujos metabólicos hacia productos de alto valor, como lípidos, escualeno y ácidos grasos poliinsaturados, reforzando su potencial en biotecnología industrial

Keywords: Bioprocesos, Biotecnología, Traustoquitridios, Lípidos, Ácidos grasos
Financing: Proyecto Fondecyt 1230547 Production of coenzyme Q10 by *Thraustochytrium* sp. RT2316-16 in DO-Stat fed-batch fermentation using a synthetic medium; Dirección de Investigación UFRO
Acknowledgments: Laboratorio de Bioprocesos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de la Frontera

OPTIMIZING DIAGNOSTIC ACCURACY IN URINARY TRACT INFECTIONS: PREDICTIVE MODELING WITH LABUMAT/URISED FOR EFFICIENT URINE CULTURE SCREENING

Arturo Levican[3], Alejandro Cuevas-Villegas[1], Nicolette Lecaros[3], Liliana Pajarito[3], Javiera Perez[3], Criss Rodriguez[2], Isabel Briceño[2], Christian Araya[4]

(1) Universidad de la Frontera, Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Manuel Montt 112, Temuco, Chile
(2) Hospital Naval Almirante Nef, Laboratorio Clínico, Avenida Alessandri S/N, Viña del Mar, Chile
(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Tecnología Médica, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaiso, Chile
(4) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Estadística, Facultad de Ciencias, Av. Brasil 2950, Valparaíso, Chile

Objectives: This study evaluates the LabUMat/Urised system's diagnostic performance in predicting urinary infections, comparing it against traditional culture methods at the Almirante Nef Naval Hospital within a selected timeframe.

Methods: In a retrospective cohort study, 1965 samples were analyzed using automated urinalysis and culture. Samples with anomalies, from patients under one year, or unsuitable for automated processing were excluded. The study applied statistical hypothesis testing and logistic regression to develop and validate a predictive model, assessed through sensitivity, specificity, predictive values, and ROC analysis.

Results: The analysis identified significant correlations between urinalysis parameters and culture outcomes. Gender differences were evident in culture positivity, with Escherichia coli as the predominant pathogen. The predictive model showed a diagnostic accuracy with an exactitude of 95.90%, sensitivity of 83.70%, specificity of 98.17%, and a notable NPV of 96.99%. The AUC of 0.957 indicates a balanced model sensitivity and specificity.

Conclusions: The LabUMat/Urised system demonstrated a high diagnostic performance, particularly in predicting negative urocultures, suggesting its potential to enhance clinical decision-making and antibiotic stewardship. Future studies should explore its impact on laboratory workflow and patient care.

Keywords: Urinary Tract Infections, Automated Urinalysis, LabUMat/Urised System, Diagnostic Accuracy

BÚSQUEDA DE BACTERIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS DE USO CLÍNICO HUMANO Y GENES DE RESISTENCIA, EN DIFERENTES MATRICES ALIMENTARIAS

Arturo Levican[1], Arlette Carvajal[1], Romina Vargas[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile.

La resistencia antimicrobiana (RAM), es una de las mayores amenazas para la salud global. La Organización Mundial de la Salud la describe como una epidemia silenciosa que afecta a toda la humanidad y que si no se toman medidas concretas, para el año 2050 podría causar hasta 10 millones de muertes anuales. Tradicionalmente asociada al ámbito clínico, existe evidencia de su diseminación hacia otros ambientes. En este contexto, ciertos alimentos pueden actuar como reservorios y vehículos de bacterias resistentes, cuyos genes podrían ser transferibles. El presente estudio pretende describir la presencia de bacterias resistentes a antibióticos de importancia clínica así como genes de resistencia potencialmente transferibles en muestras de alimentos cárnicos, acuícolas y verduras adquiridos en retail de las regiones Metropolitana y de Valparaíso durante abril y mayo de 2025.

Se analizaron 50 muestras de diferentes matrices alimentarias, incluyendo vacuno, cerdo, pollo, salmón y lechuga mediante siembra en medios Manitol Sal, Mc Conckey suplementado con cefotaxima y Bilis Esculina suplementado con vancomicina. A partir de estas muestras se aislaron 38 cepas de bacilos Gram negativos, las cuales fueron identificadas mediante MALDI TOF MS. Posteriormente, se confrmó su resistencia mediante el método de disco difusión siguiendo las recomendaciones del CLSI. Un 10,53% presentó resistencia a cefotaxima y ceftazidima, un 26,32% a ciprofloxacino y un 50% a meropenem, de los cuales 2 dieron positivo para carbapenemasas. Finalmente, mediante PCR se determinó que el 50% de los aislados presentaba el gen *blaVIM,* y se detectó también positividad para *blaNDM, blaKPC, blaTEM y blaCTX-M*, mientras que *blaIMP y blaSHV* resultaron negativos. Se concluye que existen bacterias resistentes a antibióticos de uso clínico humano como betalactámicos y quinolonas, y genes implicados en las matrices analizadas, lo que justifica futuros estudios para determinar las dinámicas que facvorecen la contaminación y su real implicancia en Salud Pública en nuestro país.

Keywords: Resistencia a antimicrobianos, Alimentos carnicos, Genes de Resistencia a Antibióticos

ANÁLISIS COMPARATIVO DEL RESISTOMA CLÍNICAMENTE RELEVANTE EN EL ADN-CELULAR (ADNC) Y ADN-EXTRACELULAR (ADNE) DE LAS AGUAS RESIDUALES DE LAS PLANTAS DE TRATAMIENTO LA FARFANA Y MAPOCHO-TREBAL

Diego Lira Velásquez[1], Jorge Olivares-Pacheco[1]

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

La epidemiología de aguas residuales se ha consolidado como una herramienta poderosa para determinar el estado de la Resistencia a nivel comunitario. Sin embargo, la mayoría de estos estudios se limitan al análisis del ADN-celular (ADNc), es decir, bacterias resistentes y sus genes asociados, excluyendo al ADN-extracelular (ADNe), que también puede albergar determinantes genéticos relevantes. Esto cobra especial importancia dado que los genes de resistencia son uno de los contaminantes más persistentes a nivel ambiental. Por lo tanto, explorar ambas fracciones es esencial para comprender de forma más completa el fenómeno de resistencia en las aguas residuales. En este estudio evaluamos la abundancia y distribución de genes de resistencia clínicamente relevantes entre ambas fracciones de ADN en aguas residuales, utilizando como biomarcadores las carbapenemasas *blaKPC, blaVIM y blaNDM*, y la β-lactamasa *blaCTX-M-15.*

Las muestras se recolectaron mensualmente entre Mayo y Agosto de 2025 en las plantas de tratamiento La Farfana y Mapocho-Trebal, responsables de procesar los desechos del 70% de la población del Gran Santiago. Las muestras se filtraron a través de filtros de 0,22µm resultando en un filtro con material biológico retenido (ADNc) y un filtrado (ADNe). El ADNc se extrajo con el kit ZymoBIOMICS® DNA Miniprep, mientras que el ADNe se obtuvo mediante una metodología optimizada utilizando una columna de intercambio aniónico DEAE. La cuantificación de *blaKPC, blaVIM, blaNDM y blaCTX-M-15* se realizó mediante qPCR, comparando las abundancias entre ambas fracciones de ADN.

La cuantificación absoluta de los genes de resistencia mostró que el ADNc presentaba la mayor abundancia para todos los genes evaluados (β-lactamasas de importancia clínica), siendo blaKPC el más abundante. En cambio, la cuantificación relativa, normalizada según el gen 16S, indicó que el ADNe contenía la mayor abundancia de estos genes, siendo *blaNDM* el más abundante.

La cuantificación absoluta de los genes de resistencia evidenció que la carga total de genes de resistencia se distribuye en ambas fracciones, pero predominantemente en el ADNc. Por el contrario, la cuantificación relativa evidenció que la proporción de genes de resistencia:bacterias es más alta en el ADNe, sugiriendo su posible papel clave como reservorio genético emergente.

Keywords: Resistencia antibiótica, aguas residuales, epidemiología, diseminación

DEVELOPMENT OF A LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION (LAMP) ASSAY FOR RAPID DETECTION OF *PSEUDOMONAS SYRINGAE* PV. SYRINGAE IN PRUNUS AVIUM

Esteban Loyola[1], Pablo Jiménez[1], Fermín Robledo[1], Jonathan Maldonado[2], Héctor García[3], Leonardo Pavez[1], Cecilia Ramos[4], Talía Del Pozo[4]

(1) Universidad de las Américas, Núcleo de Investigación en Ciencias Biológicas, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Providencia, Santiago, Chile
(2) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Laboratorio de Multiómica Vegetal y Bioinformática, Av. Alameda Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Estación Central, Santiago, Chile
(3) Laboratorio Diagnofruit, Avenida Sucre 1521, Ñuñoa, Santiago, Chile
(4) Universidad de las Américas, Núcleo de Investigación en Sustentabilidad Agroambiental, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Providencia, Santiago, Chile

Background
The growing sweet cherry (Prunus avium) industry has positioned Chile as the main exporter worldwide. However, bacterial cankers produced by Gram-negative phytopathogen *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* (Pss) often cause significant damages in stone fruit agronomics. Hence, early detection of Pss is crucial to prevent its dissemination through crops. In this context, LAMP technique emerges as a useful tool in the field, since it does not require thermocycler and has shown great sensitivity and specificity. Additionally, LAMP offers a more practical and quicker visualization of amplification results as it can be adapted by using pH indicators that allow colorimetric detection via naked eye.

Methods
Bacteria were isolated from woody tissue of trees showing typical symptoms of canker disease. After culture in King's B medium, bacteria were harvested and genomic DNA was extracted by using lysis buffer, heat, and beads for mechanical disruption of cell wall. To confirm the identity of each isolate, we seek to amplify via PCR and then sequence three housekeeping genes, encoding 16S rRNA, aconitase and citrate synthase. Moreover, to establish LAMP target sequence, complete genome alignment of several Pseudomonas species extracted from GenBank database was performed to select conserved housekeeping genes and to design specific LAMP primer sets. Furthermore, to validate LAMP assay, we used a colorimetric commercial kit along with the isolates' gDNA. Standardization of temperature and sensitivity was performed to set the optimal parameters.

Results
We successfully isolated and cultured bacteria from Chilean fields. Bacterial identification is partial, we already sequenced 16S rDNA, but still working with the other two genes. Besides, LAMP assay standardization showed that amplification occurs more rapidly when incubating at 63-65 °C, displaying a clearer colorimetric shift. Although, at 60°C the reaction also works but it occurs more slowly. Moreover, results of the analytical sensitivity test indicate that

detection limit is 10 pg of gDNA.

Conclusion

Altogether, our results demonstrate the feasibility of this detection method to be implemented near the fields for early diagnosis of bacterial infection prior to canker spreading. In such way, the present LAMP assay provides an accessible, fast, and simple approach to contain disease between crops and avoid substantial economic losses.

Keywords: Bacterial canker disease, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*, Loop-mediated isothermal amplification (LAMP), Sweet cherry (*Prunus avium*)
Financing: La realización de este proyecto es posible gracias al apoyo brindado por la Fundación para la Innovación Agraria (FIA), asociada al Ministerio de Agricultura.
Acknowledgments: Agradecemos al Núcleo de Investigación en Sustentabilidad Agroambiental (NISUA) de la Universidad de Las Américas por el apoyo en la asistencia a este congreso

EVALUATION OF ENDODONTIC BIOCERAMICS ON *CANDIDA ALBICANS*: AN IN VITRO STUDY

Francisco Carrasco[1], Alfredo Sierra-Cristancho[2], Carla P. Lozano[1]

(1) University of Chile, Institute for Research in Dental Sciences, Faculty of Dentistry, Olivos 943, Independencia, Santiago, Chile
(2) Indiana University, Biomedical and Applied Sciences, School of Dentistry, 1121 West Michigan Street, Indianapolis, USA

Background: *C. albicans* forms biofilms in the root canal system, which makes it difficult to remove with conventional treatments. Endodontic bioceramics have demonstrated antimicrobial and bioactive properties, suggesting a potential antifungal effect. This study aims to evaluate the antifungal effect of endodontic bioceramics on *Candida albicans* in its planktonic form and biofilms.

Methodology: An in vitro study was conducted with an oral clinical isolate of *C. albicans*. AH Plus® Bioceramic Sealer and BioRoot™ Flow were tested, the controls were AH Plus (low antifungal activity; internal control), fluconazole (negative control), and culture medium (positive control). Agar diffusion assays, planktonic growth, biofilm formation and disruption assays (cell viability, hyphal quantification and biomass) were performed. Biofilms were examined by scanning electron microscopy (SEM). ANOVA test was used ($p<0.05$).

Results: In agar diffusion tests, bioceramics did not produce inhibition halos, unlike fluconazole. In planktonic growth, bioceramics did not show a significant antifungal effect compared to controls ($p>0.05$). However, in biofilm formation, both AH Plus® Bioceramic Sealer and BioRoot™ Flow significantly reduced *C. albicans* viability and only BioRoot™ Flow decreases hyphal formation and biomass at 48 hours of incubation ($p<0.05$). At 96 hours of incubation, only BioRoot™ Flow showed a greater ability to disassemble mature biofilms by decreasing viability, hyphal counts and biomass ($p<0.05$). SEM images revealed lower cell density and fewer hyphae in the bioceramic-treated samples compared to the corresponding controls. Conclusions: Although bioceramics did not show significant antifungal effects in planktonic form, they did demonstrate the ability to decrease *C. albicans* viability in biofilms and disassemble mature biofilms. BioRoot™ Flow showed the greatest antifungal effect, suggesting its potential use as an adjunct in the treatment of endodontic infections.

Keywords: Bioceramics, Biofilms, *Candida albicans*, endodontic infection
Financing: FIOUCH 2022/02 Project to CPL.

COMPARACIÓN DE LOS MECANISMOS DE ADAPTACIÓN EN CEPAS DE *HELICOBACTER PYLORI* AISLADAS DESDE BIOPSIAS GÁSTRICAS DE PACIENTES DE LA REGIÓN DEL BÍO- BÍO.

Hans Luchsinger-Montecinos[1], Joaquín Olivares-Muñoz[1], Jóse Cancino-Monroy[1], Nhur-Aischa Zegpi[1], Macarena Deride-Alegría[1], Francisca Gacitúa-Fuentes[1], Cristian Parra-Sepúlveda[1,2], Apolinaria García-Cancino[1], Ignacio Alfaro[3], Luis vega[3]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile
(2) Universidad de la Frontera, Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Temuco, Chile
(3) Hospital Regional de Concepción Guillermo Grantt Benavente, Unidad de Gastroenterología, Concepción, Chile

H. pylori es una bacteria cosmopolita, con alta prevalencia en Chile, alcanzando hasta un 73% en adultos, se asocia con diversas patologías gástricas, como gastritis, enfermedad péptica ulcerosa, linfoma del tejido linfoide asociado a mucosa gástrica (MALT) y se clasifica como un carcinógeno tipo 1.

El aumento de la resistencia a los antibióticos representa un desafío en el tratamiento clínico. Comprender sus mecanismos de adaptación es esencial para el desarrollo de terapias más efectivas. Entre estos mecanismos de destacan la transformación morfológica de bacilar a cocoide, la formación de biopelículas y la capacidad de internalizarse en células de levadura; procesos que podrían favorecer su persistencia y resistencia. El objetivo fue determinar las características de los mecanismos de adaptación de cepas de *H. pylori* de aislamiento clínico. Se analizaron 5 cepas de *H. pylori* aisladas desde biopsias gástricas de pacientes adultos del Hospital Clínico Regional Dr. Guillermo Grantt Benavente (7A, 13C, 14A, 19A, 61A), se cultivaron en agar Columbia suplementado con suero equino en condiciones de microaerobiosis a 37°C. Se empleó el protocolo de tinción con cristal violeta modificado para analizarla la formación de biopelículas. Para analizar la transformación morfológica se realizaron tinciones de Gram a diferentes tiempos de incubación evaluando la morfología por 10 días. Se co-cultivó la cepa C. albicans ATCC 90028 independientemente con cada cepa de *H. pylori* en solución salina, en condiciones de microaerobiosis a 37°C. Se observó cuerpos similares a bacterias intralevaduras (Y-BLBs) a diferentes horas.

La cepa 13C exhibió una menor capacidad de transformación morfológica desde 72-240 horas. La cepa 7A fue formadora fuerte de biopelículas a las 24 y 48 horas, 19A fue formadora fuerte en 48 horas. En la cepa 61A se observó Y-BLBs a las 48 horas, las demás a las 96 horas. Se concluye que las cepas presentan variaciones en los mecanismos de adaptación presentando mayor variación en la formación de biopelículas a las 48 horas, así como en su capacidad de transformación a cocoide, destacando la cepa 13C que presenta menor proporción de cocoides a través de los días.

Keywords: *Helicobacter pylori*, co-cultivo, biopelículas, cocoide
Acknowledgments: Agradezco la colaboración de todo el equipo del laboratorio que colaboro y participo de manera activa y enérgica, logrando sacar adelante este trabajo.

THE DESSERT THAT CHANGED THE WORLD: FANNY HESSE'S FORGOTTEN STORY ABOUT AGAR TOLD THROUGH MICROBES AND ART

André Barbet Opazo[1], Camilo Berríos-Pastén[1], Joaquín Acosta[1], Paulina Aguilera-Cortes[1], Ana Victoria Suárez[1], Amelia Cox-Fermandois[1], Hazajem Colque[1], Corrado Nai[2], Andrés E. Marcoleta[1]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Las Palmeras 3425 Ñuñoa, Santiago, Chile
(2) Science writer and independent scholar, Jakarta, Indonesia

Agar transformed microbiology—but the story of its adoption remains largely untold. In the late 19th century, Fanny Angelina Hesse (1850–1934) proposed using agar as a solidifying agent for microbial culture, a pivotal innovation that enabled the isolation of pure colonies and laid the foundation for antibiotics, vaccines, and countless discoveries. Despite its central role in laboratories worldwide, her contribution is still unknown to many—even within the microbiology community. To reclaim this legacy, an international team of scientists and artists is developing a graphic novel that narrates Hesse's life and impact. The story is based on unpublished historical material generously shared by her descendants, some of which has been archived at the Robert Koch Institute Museum in Berlin. The project blends historical research, visual storytelling, and microbiological insight to explore themes of scientific innovation, gender invisibility, and the cultural significance of agar.

A unique feature of the novel is the integration of "agar art"—a technique that uses microbes as paint and agar as canvas. For the first time, microbial artworks will be embedded directly into the visual narrative of a graphic novel. These pieces will be created by collaborating groups including our team at Universidad de Chile, whose contributions also supported the project's Kickstarter campaign through exclusive agar art rewards. This creative approach not only honors Hesse's legacy but also transforms the medium she helped pioneer into a storytelling tool. The Chilean Society for Microbiology (SOMICH) is an official supporter of the graphic novel project. Presenting this initiative at SOMICH 2025 offers a meaningful opportunity to engage the Chilean microbiology community, celebrate interdisciplinary collaboration, and highlight the role of agar art in science communication.

Keywords: Agar art, science outreach, Fanny Hesse, Robert Koch, graphic novel
Financing: FONDECYT 1221193

PERFIL DE SUSCEPTIBILIDAD A ANTIBIÓTICOS EN BACTERIAS AISLADAS DE AGUA Y SEDIMENTO DEL LAGO CHUNGARÁ: UNA APROXIMACIÓN ONE HEATLH

Victoria Mardones-Verdugo[1,3], Camila Martínez-Castañon[1], Daniel Gomez-Uchida[2,3], Celia A. Lima[4], Claudio Quezada-Romegialli[3], Gerardo González-Rocha[1]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción, Chile
(3) Núcleo Milenio de Salmónidos Invasores Australes (INVASAL), Concepción, Chile
(4) Universidad de Concepción, Departamento de Salud Pública, Facultad de Odontología, Concepción, Chile

Introducción: La resistencia a antibióticos es un fenómeno que ocurre en diversos microorganismos y ambientes. El concepto One Health propone que la salud humana, animal y ambiental están vinculadas y son interdependientes, destacando la importancia de estudiar este fenómeno en ambientes no clínicos. El Lago Chungará, ubicado a más de 4500 m.s.n.m en el altiplano, posee características únicas (alto endemismo y aislamiento geográfico) para estudiar este fenómeno.

Metodología: Muestras de agua y sedimento del Lago Chungará y alrededores se sembraron en agar R2A con cicloheximida (40 µg/ml), incubando a 15 °C por 5 días. Se seleccionaron diferentes colonias y se almacenaron a -80 °C. Se caracterizaron mediante tinción de Gram y metabolismo de azúcares en agar TSI u OF-glucosa. Se determinó su susceptibilidad a aminoglucósidos, betalactámicos, fenicoles, quinolonas, sulfonamidas y tetraciclinas por el método de difusión en discos en agar Mueller-Hinton o R2A. Considerando que halos ≤14 mm indican potenciales mecanismos de resistencia, se calcularon los índices de resistencia antibiótica (IRA) y multirresistencia antibiótica (MAR).

Resultados: Se aislaron 32 bacterias Gram negativas desde muestras de agua y 31 desde sedimento. El 100% de las cepas aisladas de agua no fermentó glucosa, mientras que esto ocurrió en el 77% (24/31) de los aislados de sedimento. Se observaron halos ≤14 mm en más del 65% de los aislados de agua (IRA: 0,32) para cefalotina (22/32), cefuroxima (23/32) y trimetoprim (25/32). Por otro lado, para los aislados de sedimento (IRA: 0,19), halos ≤14 mm se observaron en menos del 60% del total de aislados para cefalotina (18/31), cefuroxima (17/31) y trimetoprim (17/31).

Conclusión: Los resultados revelan bacterias con susceptibilidad reducida a antibióticos, especialmente betalactámicos, en un ecosistema altoandino extremo y aislado. Esto es consistente con estudios previos realizados en bacterias intestinales de peces que habitan el Lago y sus alrededores. Aunque este es un ecosistema que presenta baja influencia antrópica, los hallazgos sugieren persistencia y potencial de diseminación de determinantes de resistencia. El estudio destaca la importancia de una vigilancia bajo la mirada One Health, que incorpore

el estudio de ecosistemas extremos como reservorios de resistencia antibacteriana.

Keywords: ambiente extremo, lago altoandino, Una Salud, resistencia a antibióticos
Financing: ANID- Programa Iniciativa Científica Milenio-NCN2021-056

ENHANCING POLYUNSATURATED FATTY ACID PRODUCTION THROUGH CO-CULTURE OF *AURANTIOCHYTRIUM* SP. AND *LENTILACTOBACILLUS KEFIRI* UNDER L-TRYPTOPHAN TREATMENTS

Luis Marileo[1], Jacquelinne Acuña[2,3], Paola Díaz-Navarrete[4,7], Javiera Adaros[1], Patricio Barra[3], Patricio Dantagnan[6], Sharon Viscardi[5]

(1) Universidad Santo Tomás, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria, Temuco, Chile
(2) Universidad de La Frontera, Laboratorio de Ecología Microbiana (EMALAB), Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Temuco, Chile
(3) Universidad de La Frontera, Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology, Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Temuco, Chile
(4) Universidad Católica de Temuco, Núcleo de Investigación en Producción Alimentaria, Departamento de Ciencia Agropecuarias y Acuícolas, Facultad de Recursos Naturales, Temuco, Chile
(5) Universidad Católica de Temuco, Laboratorio de Investigación Interdisciplinaria en Microbiología Aplicada, Departamento de Procesos Diagnóstico y Evaluación, Facultad de Ciencias de la Salud, Temuco, Chile
(6) Universidad Católica de Temuco, Laboratorio de Nutrición y Fisiología de Peces, Departamento de Ciencias Agropecuarias y Acuícolas, Facultad de Recursos Naturales, Temuco, Chile
(7) Universidad Católica de Temuco, Departamento de Ciencias Veterinarias y Salud Pública, Facultad de Recursos Naturales, Temuco, Chile

The demand for sustainable polyunsaturated fatty acids (PUFAs) has grown due to environmental and economic limitations of fish oil. Thraustochytrids such as Aurantiochytrium sp. are prolific PUFA producers, and their productivity can be enhanced through microbial interactions. Co-cultivation with lactic acid bacteria (LAB) and supplementation with phytohormone precursors like L-tryptophan, an indole-3-acetic acid (IAA) precursor, may offer a strategy to direct PUFA biosynthesis for aquaculture and functional food applications.

A co-culture of *Aurantiochytrium* sp. T66 and *Lentilactobacillus kefiri* K6.10 was evaluated under different L-tryptophan concentrations (0–1.6 mg·mL^{-1}). Cultures were harvested at 96 and 144 hours. Biomass, total lipids, and fatty acid composition were analyzed. Gas chromatography quantified specific long-chain PUFAs: arachidonic acid (ARA), docosahexaenoic acid (DHA), eicosapentaenoic acid (EPA), and docosapentaenoic acid (DPA).

Biomass increased significantly at 96 h with 0.8 mg·mL^{-1} L-tryptophan (1.43 g·L^{-1}) versus control (1.18 g·L^{-1}). Lipid accumulation decreased at 96 h with 0.8 and 1.6 mg·mL^{-1} (140.2 and 124.2 mg·g^{-1} vs. 190.9 mg·g^{-1} control) but increased at 144 h with 1.6 mg·mL^{-1} (168.3 mg·g^{-1}). PUFA yields dropped at 96 h with 0.4–1.6 mg·mL^{-1} (52.8–73.7 mg·g^{-1}) compared to control (98.9 mg·g^{-1}). At 144 h, reductions persisted for 0.2–0.4 mg·mL^{-1}, while 0.8–1.6 mg·mL^{-1} matched controls. ARA doubled at 124 h with 0.4 mg·mL^{-1} (1.52 vs. 0.73 mg·g^{-1}). DHA declined at 96 h with 0.4–1.6 mg·mL^{-1} (30.8–46.8 vs. 62.2 mg·g^{-1} control) and remained lower at 144 h for 0.2–0.4

mg·mL^{-1}. EPA decreased at 96 h with 1.6 mg·mL^{-1} (3.9 vs. 6.1 mg·g^{-1}) but increased with 0.2 mg·mL^{-1} at 144 h (6.9 vs. 6.1 mg·g^{-1}). DPA was consistently reduced under most treatments.

The co-culture system modulated by L-tryptophan selectively influenced PUFA synthesis. Although total PUFA accumulation decreased at some concentrations, specific enrichment of ARA and EPA was achieved. These findings highlight the potential of auxin precursor supplementation to direct lipid biosynthesis and optimize microbial consortia for sustainable PUFA production with applications in aquaculture and nutrition.

Keywords: Polyunsaturated fatty acids (PUFAs), *Aurantiochytrium* sp. T66, Lactic acid bacteria, Co-culture, L-tryptophan
Financing: This research was supported by FONDEF–IDEA ID22I10307 and Fondecyt Regular ID1050993.

EL ROL DEL PH EN LA DINÁMICA DE LAS COMUNIDADES DE HONGOS DEL SUELO DEL DESIERTO DE ATACAMA TRAS UN PULSO DE PRECIPITACIÓN

Javier Martinez[1], María del Pilar Fernández Murillo[1], Fernando Alfaro[1]

(1) Universidad Mayor, Centro GEMA, Facultad de Ciencias, Camino la Pirámide 5750, Santiago, Chile

Los ecosistemas desérticos siguen el paradigma pulso–reserva, en el que breves eventos de hidratación son seguidos por periodos prolongados de sequía. En este marco, las comunidades de hongos del suelo responden rápidamente a cambios en las condiciones abióticas como el pH del suelo, un factor esencial en el desarrollo de las comunidades microbianas. En este estudio, se evaluaron los cambios en la humedad relativa y el pH del suelo inducidos por precipitación esporádica y, a su vez, los efectos que tienen sobre la diversidad y composición de las comunidades de hongos del suelo del Desierto de Atacama. Para esto, se simuló un pulso de precipitación de 50 mm in situ, y se monitorearon las variaciones de humedad y pH en cuatro tiempos distintos (D0, D1, D30 y D60). Además, se registraron los cambios en la diversidad y composición fúngica mediante secuenciación de marcadores ITS. Los resultados indican un aumento de pH en condiciones húmedas con un retorno gradual a los valores basales tras 60 días. Aunque no se vieron cambios significativos en la diversidad alfa (Chao1, Simpson y Shannon) de las comunidades fúngicas del suelo, se observaron cambios temporales en la composición, mostrando una sucesión desde un ensamblaje dominado por géneros como *Alternaria* y *Botryotrichum* en condiciones húmedas iniciales, hacia géneros como Chaetomium y Darksidea durante el retorno a la sequía. En conjunto, estos resultados aportan evidencia empírica de que, en el Desierto de Atacama, un pulso hídrico breve pero intenso altera de inmediato el pH y la humedad del suelo, gatillando un cambio composicional de las comunidades fúngicas del suelo que tiende a retornar a condiciones basales en cortos períodos de tiempo.

Keywords: Desierto de Atacama, Pulso de precipitación, Ecología Microbiana, Microbioma de suelos
Financing: Fondecyt 1220358

IDENTIFICACIÓN DE POSIBLES GENES EXCLUSIVOS DEL LINAJE CG10224 DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

Maximiliano Matus[2,3], Camilo Berríos-Pastén[1], Nicolas Guerra-Leal[1], José RW Martínez[4,5], Juan A. Ugalde[5,6], José Manuel Munita[4,5], Alejandro Aguayo-Reyes[3,7], Felipe Morales-León[3], Mario Quezada-Aguiluz[3,7], Nahuel Pilquinao[1], Francisco P. Chávez[8], Gerardo González-Rocha[2,3], Juan Carlos Hormazábal[9], Aura Villamil[9], Jorge Fernández[9], Andrés E. Marcoleta[1,3], Andrés Opazo-Capurro[2,3]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa, Grupo de Microbiología Integrativa, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile
(2) Laboratorio de Investigación en Agentes Antimicrobianos (LIAA), Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(3) Grupo de Investigación en Agentes Antibacterianos (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(4) Genomics & Resistant Microbes Group (GeRM), Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina - Clinica Alemana, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile
(5) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile
(6) Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile
(7) Grupo de Estudio de Enfermedades Infecciosas de la Universidad de Concepción (GrEEn-UdeC), Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
(8) Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Instituto de Salud Pública de Chile (ISPCh), Santiago, Chile
(9) Instituto de Salud Pública de Chile (ISPCh), Santiago, Chile

En los últimos años, en Chile se ha observado un aumento progresivo en la emergencia de cepas de *Klebsiella pneumoniae* portadoras de genes codificantes de carbapenemasa. De manera particular, la aparición del linaje CG10224, perteneciente al ST25, el cual porta carbapenemasas representa un fenómeno de especial interés, ya que es un evento inusual, el cual no ha sido reportado en otras regiones del mundo, en donde los linajes más comunes asociados a la portación de carbapenemasas son los ST258, ST11 y ST101.

Dado que se desconoce la razón tras la emergencia del linaje CG10224 en Chile, se planteó como objetivo identificar genes potencialmente exclusivos de este linaje mediante un estudio de asociación genómica (GWAS). Para ello, se descargaron todos los genomas disponibles en NCBI-RefSeq y se seleccionaron aquellos correspondientes al ST25. Estos se agruparon en dos categorías: CG10224 y no-CG10224.

Los genomas fueron anotados utilizando Prokka, se realizó un alineamiento múltiple con Roary, a su vez, el análisis filogenético se llevó a cabo mediante parSNP. Posteriormente, se

aplicaron las herramientas treeWAS y Scoary para evaluar la asociación entre genotipo y fenotipo, y determinar genes diferencialmente conservados en el linaje CG10224.

Ambos enfoques coincidieron en la identificación de siete genes altamente conservados en este linaje. Aunque en treeWAS dichos genes no alcanzaron significancia estadística tras la corrección por múltiples pruebas, estos genes mostraron una marcada conservación en CG10224. En contraparte, Scoary identificó los mismos genes con valores de p ajustados extremadamente bajos. Proponiendo tres genes unicos del CG10224, los cuales no estuvieron presentes en el analisis dado por treeWAS.

Estos resultados evidencian la complementariedad entre las metodologías utilizadas para la identificación de genes diferencialmente conservados y asociados a linajes específicos, aportando información valiosa para comprender la evolución y diseminación de cepas resistentes en el contexto local. Además, permiten definir un conjunto de genes candidatos que podrían estar implicados en el éxito adaptativo del linaje CG10224 en Chile, presentando nuevas perspectivas para estudios funcionales orientados a dilucidar su rol en la persistencia y expansión de este linaje.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, ST25, GWAS, Carbapenem-resistance

"ANÁLISIS DE LA TOLERANCIA A METALES MEDIANTE LA EXPRESIÓN HETERÓLOGA DE TIOLES DE BAJO PESO MOLECULAR EN *ESCHERICHIA COLI*"

Gladys Medina[1], Javiera Norambuena Morales[1]

(1) Universidad de Playa Ancha, HUB Ambiental UPLA y Laboratorio de Microbiología Ambiental, Bioprocesos y Energía (LAMABE), Facultad de Ingeniería, Avda. Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile

La exposición a metales pesados como cobre (Cu^{2+}), cadmio (Cd^{2+}), mercurio (Hg^{2+}) y plata (Ag^{+}) puede inducir estrés oxidativo y desbalance redox en bacterias. Entre las estrategias microbianas para contrarrestar estos efectos, los tioles de bajo peso molecular (LMW) como glutatión (GSH), bacilitiol (BSH) y micotiol (MSH) destacan por su capacidad para detoxificar metales y mantener la homeostasis redox. El objetivo de este estudio es comparar el efecto de distintos tioles LMW expresados heterólogamente en *Escherichia coli* sobre su tolerancia a dichos metales. Para ello, se transformaron cepas *E. coli* BW25113 con plásmidos pETDuet que codifican las rutas biosintéticas de GSH, BSH o MSH. La presencia de los insertos se verificó mediante PCR convencional y electroforesis en gel de agarosa. La tolerancia a metales se evaluó mediante ensayos de concentración mínima inhibitoria (MIC) y spotting en medios sólidos LB y TYES. Los resultados preliminares muestran que la composición del medio influye en la biodisponibilidad de los metales, observándose en TYES un umbral de tolerancia a Cu^{2+} de ~1,4 mM, inferior al registrado en LB (~2,3 mM). La preinducción de la expresión de tioles mejoró el crecimiento en presencia de cobre, aunque las cepas con vector vacío presentaron en general mayor viabilidad, sugiriendo un costo metabólico asociado a la sobreexpresión. Se observó un posible aumento de tolerancia a Hg^{2+} en cepas con GSH y un efecto leve de BSH frente a Cu^{2+} en condiciones no inducidas. Actualmente, el estudio incorpora nuevas cepas mutantes deficientes en sistemas antioxidantes y redox endógenos (SKK32 y JEM131) para profundizar en el análisis funcional, junto con curvas de crecimiento automatizadas y cuantificación de tioles totales con DTNB. En conclusión, la expresión heteróloga de tioles LMW en *E. coli* puede modificar su respuesta frente a metales pesados, pero los beneficios dependen del tipo de metal, del medio y de la condición de expresión, reflejando un equilibrio entre resistencia y carga metabólica.

Keywords: Tioles de bajo peso molecular, Tolerancia a metales, *Escherichia coli*
Financing: Este trabajo cuenta con el apoyo del proyecto Fondecyt Nº 11240568 y se desarrolla en las instalaciones del HUB Ambiental UPLA y del Laboratorio de Microbiología Ambiental, Bioprocesos y Energía (LAMABE), Facultad de Ingeniería, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile.

ARSENAL SECRETO INTRACLÚSTER: IDENTIFICACIÓN DE NUEVOS EFECTORES DEL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO IV DE PISCIRICKETTSIA SALMONIS MEDIANTE UN ENFOQUE GENÓMICO-PREDICTIVO

Bryan Menares[1], Nicolás Ojeda[1], Sergio H. Marshall[1], Fernando Gómez[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile

Piscirickettsia salmonis, agente causal de la Piscirickettsiosis (SRS), es una bacteria intracelular facultativa Gram negativa altamente virulenta, y representa la principal amenaza bacteriana para la salmonicultura chilena. Su patogenicidad depende de su capacidad para manipular a las células del hospedador. Esta función es mediada por un sistema de secreción tipo IV (TIVSS), conocido como Dot/Icm, que inyecta proteínas efectoras para subvertir las defensas del hospedador. A pesar de que el genoma de *P. salmonis* contiene hasta tres clústeres génicos TIVSS distintos, la identidad de los marcos de lectura abiertos (ORFs) adyacentes a los genes Dot/Icm dentro de estos loci de virulencia era, hasta ahora, un campo inexplorado, a diferencia de los efectores ya descritos que se localizan fuera de ellos. Para resolver esta incógnita, se realizó un análisis genómico comparativo de los clústeres TIVSS de los genogrupos representativos (LF-89 y EM-90), centrado en la caracterización de secuencias no anotadas. Aplicando un robusto pipeline bioinformático que integra predictores basados en aprendizaje automático y modelamiento estructural, logramos identificar un conjunto de nuevas proteínas candidatas a efectores con alta confianza, codificadas por primera vez dentro de los propios clústeres TIVSS. Notablemente, estos candidatos corresponden a inserciones génicas únicas en P. salmonis que están ausentes en patógenos modelo como *Legionella pneumophila*, lo que sugiere un arsenal de virulencia altamente especializado y adaptado a su hospedador. Este hallazgo redefine el mapa de virulencia del patógeno, proponiendo que los clústeres TIVSS no solo ensamblan la maquinaria de secreción, sino que también albergan parte de su munición efectora. Estos candidatos constituyen blancos prioritarios para la validación funcional y abren una nueva frontera para el desarrollo de estrategias de control innovadoras y dirigidas contra la Piscirickettsiosis.

Keywords: Piscirickettsia salmonis, Sistema de secreción tipo IV (TIVSS), Efectores de virulencia, Genómica comparativa, Patogénesis
Financing: Este trabajo fue apoyado a través de becas de postgrado otorgadas por la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso y la Universidad Técnica Federico Santa Maria

UNFOLDING ANALYSIS OF FIMA, AN ADHESIVE PROTEIN OF THE ORAL PATHOGEN *PORPHYROMONAS GINGIVALIS*, USING MAGNETIC TWEEZERS

Michelle Mendoza Becerra[1], Josefa Nuñez Belmar[1], Jaime Andrés Rivas Pardo[1]

(1) Centro de Genómica y Bioinformática, Universidad Mayor, Santiago, Chile.

Abstract: *Porphyromonas gingivalis* is a black-pigmented, Gram-negative anaerobic bacterium recognized as a keystone pathogen in periodontitis. This chronic immune-inflammatory disease is characterized by the destruction of tooth-supporting tissues and represents one of the main causes of tooth loss worldwide.

Adhesion to periodontal tissues is a critical initial step of *P. gingivalis* infection, mediated by its major fimbria (FimA), a filamentous protein anchored in the bacterial outer membrane. Six genotypes of FimA have been described, with reported differences in virulence that may be linked to their elastic and mechanical properties.

However, the unfolding force of FimA has not yet been determined, despite its importance in understanding the biomechanics of initial adhesion. In this study, we aim to measure the unfolding force of FimA genotype I using magnetic-tweezers techniques, and related to the pathogenic version of FimA, genotype IV.

Methods: We engineered a vector containing the FimA protein flanked by I32 domains, used as protein handles, and a HaloTag in the N-terminus and AviTag in the C-terminus. The HaloTag-I322-FimA-I322-HisTag-AviTag construct was used for magnetic tweezers assays. The protein was purified using a nickel (Ni) affinity column. For protein anchoring, flow chambers were functionalized with silane-amine and cross-linked with protein-amine via glutaraldehyde, generating a protein-coated surface. Finally, the biotinylated end was bound to Dynabeads™ M-270 microspheres coated with streptavidin.

Results: Protein purification was confirmed through the detection of HaloTag and His-tag labels, which validated protein expression. The protein unfolding was then assayed at different force protocols aiming to determine the force required for its unfolding, revealing differences in the mechanical stability between genotypes.

Conclusions: We recorded the unfolding force of the FimA protein from *P. gingivalis*, providing insights into the mechanical behavior of the protein, which could help in understanding its potential role in the oral cavity. Moreover, this experiment lays the groundwork for future studies aimed at measuring the elasticity of other, more virulent genotypes of P. gingivalis and comparing their biomechanical properties.

Keywords: Porphyromonas gingivalis, FimA, Magnetic-Tweezers, Adhesion, Periodontitis
Financing: FONDECYT 1221064
Acknowledgments: I acknowledge the Microbe Genomics Laboratory at the Center for Genomics and Bioinformatics, Universidad Mayor, and project FONDECYT 1221064.

CHARACTERIZATION OF THE SUBCELLULAR LOCALIZATION OF HIV-1 VIRAL COMPONENTS IN HUMAN MICROGLIA DURING THE LATE STAGES OF THE REPLICATION CYCLE.

Catalina Millán Hidalgo[1], Victoria Rojas Celis[2], Daniela Toro Ascuy[1]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Las Encinas 3370, Ñuñoa, Santiago, Chile
(2) Universidad de Sao Paulo, Laboratorio de Biología Computacional de Sistemas

Microglia, resident macrophages of the central nervous system (CNS), constitute a relevant latent reservoir of HIV-1. Their infection triggers inflammatory processes associated with HIV-1-related neurocognitive disorders (HAND), which affect up to 30% of HIV-positive individuals. However, the replicative cycle of the virus in microglia remains poorly characterized. In this study, we analyzed the subcellular localization of 9- and 2-kb viral transcripts and the Gag protein during late stages of replication in human microglia. The C20 cell line was infected with VSVG pseudotyped HIV-1, and samples were collected at 16, 18, 20, 22, 24, and 48 hours post-infection (h.p.i.). Nuclear and cytoplasmic fractions were obtained by subcellular fractionation, validated with laminin-A and α-tubulin by Western blot. Viral transcripts (9 kb and 2 kb, the latter corresponding to rev mRNA) were evaluated by RT-qPCR and Gag protein (p55 and p24) by Western blot. The 9 kb RNA was detected from 18 h.p.i., with a progressive increase up to 48 h.p.i. In the nucleus, it reached a peak at 22 h.p.i., while in the cytoplasm it predominated between 24 and 48 h.p.i., suggesting nuclear-cytoplasmic export. The 2 kb RNA appeared at 16 h.p.i., with nuclear increase between 18 and 22 h.p.i. and subsequent cytoplasmic accumulation, consistent with its role in Rev synthesis and export of partially spliced transcripts. The Gag p55 protein was detected in the nucleus between 16 and 22 h.p.i., and p24 at 22 h.p.i.; in the cytoplasm, both were observed between 20 and 48 h.p.i. These findings describe for the first time the temporal and subcellular dynamics of viral RNA and Gag in human microglia, revealing a coordinated sequence of transcription, processing, and transport, along with early nuclear transit of Gag. This in vitro model provides key evidence on HIV1 replication in microglia and will help elucidate its possible impact on CNS homeostasis.

Keywords: HIV-1, microglia, viral cycle, viral transcript
Financing: FONDECYT: 1230809

EMERGENCE OF ESBL-PRODUCING SALMONELLA SEROVAR AMAGER DRIVEN BY PESI-LIKE MEGAPLASMID ACQUISITION

Josefina Miranda-Riveros[1], Daniel Tichy-Navarro[1,2], Alejandro Piña-Iturbe[1], Angélica Reyes-Jara[3,4], Andrea Isabel Moreno-Switt[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Medicina, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Vicuña Mackenna, Santiago, Chile
(2) Universidad Andres Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, República 440, Santiago, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(3) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología y Probióticos, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), El Líbano 5524, Macul, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(4) Millennium Institute Center for Genome Regulation (MI-CGR), Santiago, Chile

Salmonella Infantis carrying the pESI plasmid has emerged as a global concern due to its rapid dissemination and the antimicrobial resistance encoded on this mobile genetic element. Recent analyses in our laboratory suggest the presence of a pESI-like plasmid in Salmonella Amager isolates from surface water in Chile, indicating that the megaplasmid may be acquired by this serovar.

This study aims to characterize S. Amager isolates carrying a pESI-like plasmid and to analyze the plasmid they harbor. Three isolates were collected from surface water in the Metropolitan Region of Chile in 2023. Bioinformatic screening of assembled genomes suggested a pESI-like element, which was confirmed by PCR using specific primers. Minimum inhibitory concentrations were determined using Sensititre microdilution plates.

Genomic analyses included retrieval of 159 global S. Amager genomes from Enterobase, construction of a minimum spanning tree, and Time-measured maximum Clade credibility tree (IQ-Tree, Gubbins, BEAST) to assess population structure and temporal dynamics. Screening focused on ESBL genes, particularly *blaCTX-M-65* and *blaCTX-M-2*. MinION sequencing of the isolates followed by hybrid assembly produced a single circular megaplasmid contig, which was compared to the S. Infantis reference pESI (p55391) to evaluate coverage and sequence similarity.

PCR confirmed the presence of the pESI-like megaplasmid in the S. Amager isolates. Antimicrobial susceptibility testing revealed a multidrug-resistant profile consistent with pESI carriage and an ESBL phenotype, including resistance to beta-lactams (ampicillin, cefotaxime, cefotaxime/clavulanic acid, ceftriaxone), chloramphenicol, ciprofloxacin, and tetracycline. MST analysis showed that cluster HC50_1458 grouped the three Chilean isolates with other blaCTX-M-65–positive genomes from the United States (7) and the United Kingdom (1), sampled between 2022 and 2024. MCC and time-calibrated trees revealed that these isolates form a monophyletic clade of S. Amager carrying *blaCTX-M-65*, indicative of pESI-like megaplasmid presence.

The estimated TMRCA for this megaplasmid-positive group is ~2010, suggesting recent acquisition and underscoring the emergent occurrence of ESBL-producing S. Amager carrying a pESI-like plasmid. These findings call for urgent development of diagnostic tools, One Health strategies, and coordinated surveillance to limit plasmid-mediated antimicrobial resistance.

Keywords: Salmonella Amagen, pESI-like megaplasmid, Foodborne Pathogens, ESBL
Financing: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile -ANID- through grants Fondecyt Postdoctorado Folio 3230796, Fondecyt Regular Folio 1231082, FONDEF IDeA I+D Folio ID24I10291; and scholarships Beca de Doctorado Nacional Folio 21241909, and Folio 21251661.
Acknowledgments: We thank PhD Alejandro Piña-Iturbe and PhD candidate Daniel Tichy-Navarro for bioinformatic analyses; PhD Angélica Reyes-Jara for isolations and data provision; PhD Andrea Isabel Moreno Switt and all Bacteriophages and Foodborne Pathogens Research Laboratory members for supervision and technical support.

IDENTIFICACIÓN DE PLÁSMIDOS CONJUGATIVOS CON RESISTENCIA A FLORFENICOL PRESENTES EN CENTROS DE CULTIVO DE SALMÓN EN LA REGIÓN DE LOS LAGOS

Juan Monsalve Gajardo[1], Christian Hodar Quiroga[1], Francisco Chávez Espinosa[2], Javiera Ortíz Severín[1]

(1) Universidad de Chile, Nutrición Básica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, El Líbano 5524, Macul, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Región Metropolitana, Santiago, Chile

La industria salmonera chilena utiliza aproximadamente 250 toneladas de florfenicol (FFC) anualmente. Los antibióticos, incluso en concentraciones subletales, favorecen la aparición y transmisión de resistencia en bacterias. La transferencia de genes de resistencia se ve facilitada por plásmidos, especialmente los conjugativos. Este trabajo busca identificar plásmidos conjugativos con resistencia a FFC en bacterias de centros de salmonicultura. Para ello se realizó un enfoque tanto bioinformático como experimental. A partir de bacterias cultivables de cinco centros de cultivo de salmones se secuenciaron los metagenomas con Illumina MiSeq. Las secuencias ensambladas fueron analizadas con el uso de las siguientes herramientas: PlasClass y PlasmidHunter para identificar contigs plasmídicos, BLAST junto a oriTDB y PLSDB para anotar secuencias de origen de transferencia y plásmidos conocidos, CONJScan para búsqueda de maquinaría conjugativa, MOBsuite para determinar grupos de incompatibilidad y ABRicate para búsqueda de genes de resistencia. La capacidad de conjugación y transferencia de resistencia a FFC se verificó experimentalmente mediante ensayos de conjugación con una cepa *E. coli* receptora, seguido de análisis de restricción. De los cinco centros de cultivo se obtuvieron 2.216.405 contigs, y 147.866 fueron identificados como plasmídicos, de los cuales 29 fueron conjugativos. En dos de los cinco centros se identificaron contigs de plásmidos conjugativos portadores de genes de resistencia a FFC, los cuales también resultaron ser multirresistentes. Las conjugaciones realizadas con las muestras de los dos centros fueron exitosas. De un total de 16 transconjugantes seleccionados por muestra, se lograron purificar plásmidos de tamaño >25 kb. Al menos tres plásmidos conjugativos presentaron patrones de restricción diferentes, lo que sugiere presencia de distintos plásmidos.

Estos resultados confirman la presencia de plásmidos conjugativos con resistencia a FFC en bacterias de centros de cultivo de salmón de la Región de Los Lagos, demostrando capacidad de transferirse y conferir resistencia a E. coli. Este hallazgo representa un potencial riesgo para propagación de resistencia a antibióticos y resalta la importancia de tomar medidas de vigilancia y gestión frente a los riesgos en la acuicultura.

Keywords: Plásmidos conjugativos, Resistencia a antibióticos, Salmonicultura, Florfenicol

ANÁLISIS MICROBIOLÓGICO DE MIEL PRODUCIDA EN LA REGIÓN DE O´HIGGINS: DETECCIÓN DE LOS PATÓGENOS *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* Y *BACILLUS CEREUS* CON ENFOQUE EN EL GÉNERO DEL APICULTOR

Benjamín Montecino Pozo[1], Claudia Foerster Guzmán[2], Catherine Monsalve Rojas[3], Viviana Sandoval Peña[4]

(1) Universidad de O'Higgins, Instituto de Ciencias Agroalimentarias Animales y Ambientales (ICA3), Escuela de Medicina Veterinaria, Ruta I-90 S/N Ruta I-50 S/N, San Fernando O'Higgins, Chile
(2) Universidad de O'Higgins, Instituto de Ciencias Agroalimentarias Animales y Ambientales (ICA3), Escuela de Medicina Veterinaria, Ruta I-90 S/N Ruta I-50 S/N, San Fernando O'Higgins, Chile
(3) Universidad de O'Higgins, Instituto de Ciencias Agroalimentarias Animales y Ambientales (ICA3), Escuela de Medicina Veterinaria, Ruta I-90 S/N Ruta I-50 S/N, San Fernando O'Higgins, Chile
(4) Universidad de O'Higgins, Instituto de Ciencias Agroalimentarias Animales y Ambientales (ICA3), Escuela de Medicina Veterinaria, Ruta I-90 S/N Ruta I-50 S/N, San Fernando O'Higgins, Chile

La miel es un producto de consumo directo ampliamente valorado por sus propiedades nutricionales y medicinales. Sin embargo, su inocuidad puede verse comprometida por la presencia de microorganismos patógenos como *Staphylococcus aureus y Bacillus cereus,* los cuales pueden provocar intoxicaciones alimentarias, especialmente en poblaciones vulnerables. En este contexto, la presente investigación tuvo como objetivo evaluar la calidad microbiológica de muestras de miel provenientes de distintos apicultores de la región de O'Higgins, diferenciando los resultados según el género del productor y sus prácticas de manejo.

Se analizaron 46 muestras de miel recolectadas directamente desde apiarios regionales. Estas fueron sometidas a procesos de dilución, homogeneización y cultivo en medios selectivos específicos: agar Baird-Parker para S.aureus y agar MYP para *B.cereus*, siguiendo las normativas NCh 3116.Of2008 y NCh 2671.Of2002. El procesamiento de las muestras se realizó en el Laboratorio de Inocuidad Alimentaria de la Universidad de O'Higgins

Los resultados indicaron la presencia de *S. aureus* en un 15% (n=7) de las muestras y de B. cereus en un 20% (n=9). Aunque actualmente no existen límites oficiales establecidos para estos microorganismos en miel, tanto en Chile como a nivel internacional, su presencia representa un riesgo potencial para la salud pública, dado que este alimento no suele ser sometido a procesos de cocción previos a su consumo. Además, se observó que las muestras recolectadas de apicultoras mujeres tendieron a presentar menores recuentos microbiológicos, lo que podría estar asociado a mejores prácticas higiénicas y una mayor participación en instancias de capacitación sobre inocuidad alimentaria.

Estos hallazgos reflejan la necesidad de implementar medidas de control más estrictas y promover las Buenas Prácticas Apícolas en toda la cadena productiva. Asimismo, se destaca la importancia de establecer criterios microbiológicos oficiales para la miel, con el fin de proteger al consumidor y mejorar la competitividad del producto nacional. Finalmente, se propone el desarrollo de instancias educativas para los productores apícolas y los consumidores, orientadas a reducir los riesgos sanitarios y fomentar la inocuidad alimentaria en la región.

Keywords: Miel, *B.cereus, S.aureus*, Inocuidad alimentaria, Región de O´Higgins
Financing: Esta investigación fue financiada por el proyecto FIC IDI 40059063-0 y el Laboratorio de Inocuidad Alimentaria de la Universidad de O'Higgins, campus Colchagua.
Acknowledgments: A la Universidad de O'Higgins, Instituto ICA3 y a los apicultores participantes. Reconozco especialmente el apoyo de mis profesoras Claudia Foerster, Catherine Monsalve, Viviana Sandoval en el desarrollo de esta investigación

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIÓFAGOS LÍTICOSQUE INFECTAN A *PSEUDOMONAS SYRINGAE* Y DETERMINACIÓN DE LA EFICACIA DE FORMULACIONES BACTERICIDAS BASADAS EN FAGOS MICROENCAPSULADOS

Camila Moore Franco[1], Aylen Sancy[1], Sofía Conejeros[1], Claudio Pizarro Fernandez[1], Rodrigo Herrera[1], Bernardo Latorre[1], Antonio Castillo Nara[1]

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

Chile es el principal exportador de cerezas del hemisferio sur; sin embargo, *Pseudomonas syringae* (Ps) representa una amenaza significativa para su producción, provocando pérdidas importantes en el rendimiento de los cultivos. Los métodos de control convencionales, basados en antibióticos y compuestos de cobre, han disminuido su eficacia debido a la aparición de cepas resistentes. Frente a ello, los bacteriófagos líticos surgen como una alternativa específica y eficiente, aunque su estabilidad puede verse comprometida por condiciones ambientales adversas. Para superar esta limitación, se propone la microencapsulación como estrategia de protección y liberación prolongada de los fagos.

En este estudio se caracterizaron tres bacteriófagos, denominados A, B y C, específicos para P. syringae y capaces de infectar distintos patovares. Los análisis morfológicos y filogenéticos los clasificaron como Podovirus de la clase Caudoviricetes, orden Autographivirales, familia Autotranscriptaviridae y género Ghunavirus. Los genomas, de 40–41 kpb, contienen 49–50 genes, de los cuales 20 codifican proteínas hipotéticas.

Los ensayos de infección determinaron una MOI óptima entre 0,001 y 0,01, velocidad de adsorción <5 min, tamaño de explosión de 47–130 UFP/UFC y un TOD de aproximadamente 3 h. Los fagos mantuvieron su actividad entre pH 5–11 y hasta 55 °C.

La formulación óptima de encapsulación correspondió a alginato al 2% (p/v) con 50% glicerol, generando cápsulas pequeñas, estables a 4 °C y con liberación controlada por al menos 2 meses. Los bioensayos mostraron que los tratamientos con fagos encapsulados o en formulación superaron significativamente a los fagos libres y a los productos comerciales en eficacia bactericida. En conjunto, estos resultados demuestran el potencial de los bacteriófagos como una herramienta sostenible y efectiva para el control de P. syringae en cultivos de cereza.

Keywords: Bacteriófagos, Biocontrol, *Pseudomonas syringae*, Fagoterapia, Microencapsulación
Financing: Trabajo financiado por el proyecto FONDEF IDeA ID22I10173

CHARACTERIZATION OF HUMAN MICROGLIAL CELLS AFTER INFLUENZA A VIRUS INFECTION

Valentina P. Mora[1,2,3], María Vásquez-Vidal[1,2], Yulissa Tapia[3], Karen Bohmwald[3], Catalina Pardo-Roa[1,2]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Child and Adolescent Health, School of Nursing, Marcoleta 391, Santiago, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Department of Pediatric Infectious Diseases and Immunology, School of Medicine, Marcoleta 391, Santiago, Chile
(3) Universidad Autónoma de Chile, Faculty of Health Sciences, Santiago, Chile

Influenza A virus (IAV) is a respiratory pathogen that causes millions of infections worldwide, affecting primarily the respiratory tract, causing symptoms such as cough, fever, headache and nasal discharge. However, evidence has also shown that IAV can clinically manifest in other organs and systems of the organism, such as the central nervous system (CNS). In the CNS, acute IAV infections have caused seizures, meningitis, encephalomyelitis and encephalopathies in infected patients. Even though these events only rarely occur, they could have deadly consequences on the patients. This highlights the importance of unraveling the mechanisms and actions that accompany these symptoms, and which cells of the CNS are involved in this process. In this regard, microglia have been widely studied in the response against viral infections in the CNS, due to their immune role in identifying and attacking pathogens. Microglia are known as brain resident macrophages that besides playing roles in maintaining homeostasis, are able to identify pathogens and generate immune responses against them. A widely used cell line model for this are the human derived-microglia, C20. These were derived from adult patients undergoing brain surgery and have been previously studied for human immunodeficiency virus. However, C20 microglia cells have not been previously infected or characterized after IAV infection. To evaluate this, we infected a human microglia cell line (C20) with a H1N1/PR/8/34 virus at an MOI of 0,1 and characterized it via immunofluorescence and RT-qPCR. Our immunofluorescence results showed that C20 microglia cells express the a-2,6 sialic acid conformation on its surface, which is used by IAV virus to enter cells. Moreover, they are susceptible to the infection, with a peak at 8 hours post infection (hpi). In conclusion, C20 microglia can be used as an in vitro model to determine kinetics and characteristics of IAV infection.

Keywords: influenza virus, microglia, virus
Financing: This research was funded by FONDECYT 11221280, 11231122, 3190706, CRIP. NIH-NIAID CEIRS, Contract_#_HHSN272201400008C. NIH-CEIRR, Contract_HHSN75N9301R00028 and PIA-UC.
Acknowledgments: We would like to thank the LVM-II team at Pontificia Universidad Católica.

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENÓMICA DEL BACTERIÓFAGO F4 CON ACTIVIDAD LÍTICA CONTRA SALMONELLA INFANTIS Y ENTERITIDIS

Maximiliano Mora Miranda[1,2], Rocio Barron Montenegro[1], Marcia Suarez Guerrero[1], Andrea Moreno Switt[1]

(1) Bacteriophages and Foodborne Pathogens Research Laboratory, Escuela Medicina Veterinaria, Pontificia Universidad Católica de Chile
(2) Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile

Salmonella enterica, es un patógeno clave en infecciones intestinales transmitidas por alimentos. Los serovares Infantis (SI) y Enterititidis (SE) han sido serovares predominantes, mientras que Agona (SA) ha emergido como amenaza para la salud pública, impulsando estrategias como el uso de bacteriófagos para su biocontrol. El objetivo de esta investigación fue caracterizar fenotípica y genotípicamente el bacteriófago que infecta SI, obtenido desde aves de corral llamado "F4" y evaluar su rango hospedero.

Se amplificó F4 en SI, se extrajo el ADN por fenol-clorofomo, su genoma se secuenció con NGS-Illumina, se anotó con RAST y se analizó presencia de genes de resistencia y virulencia. La clasificación filogenética se realizó con VICTOR. Fenotípicamente se caracterizó su placa de lisis y rango hospedero con 6 serovares de *Salmonella* Agona (n=2), Infantis (n=2), Typhimurium (n=1), Kentucky (n=1), Enteritidis (n=1), Heidelberg (n=1), Pseudomonas aeruginosa (n=1) y Listeria monocytogenes (n=1) mediante Eficiencia de Plaqueo (EOP) con SI (PM057) como control. Su actividad lítica se evaluó contra 22 cepas de S. Agona aisladas desde aguas mediante PHIDA.

Se analizó la secuencia genómica del fago F4 donde se obtuvo un tamaño de genoma de 87,033bp, contenido GC de 45,4% y 165 proteínas totales, (42 hipotéticas, 49 de bacteriófagos, 38 estructurales), sin tRNA y no se encontraron genes de resistencia/virulencia. F4 presentó un módulo con 5 genes putativos asociados a ciclo lisogénico como cI, cII, Cro, integrasa y N. F4 presentó genes asociados a proteínas responsables de la lisis celular como lisinas de fago (EC 3.2.1.17). F4 pertenece al género Tlsvirus. Presenta una placa de lisis de 2mm, transparente, con EOP de 1,74 para SE, 0,95 para SI y 0,05 para S. Kentucky, no lisó otros serovares ni otras bacterias.

En base a nuestros análisis, F4 es un bacteriófago con alta capacidad lítica, pero su rango hospedero es estrecho, con una alta especificidad contra SI y SE, sin capacidad de ser usado como agente de biocontrol por la presencia de un módulo de lisogenia. Próximamente se probará su naturaleza lisogénica mediante ensayo de actividad lisogenia in vitro.

Keywords: Bacteriófagos, Salmonella
Financing: PhD Grant ANID N°Folio: 21220654 (RB); Fondef IDeA ID32I10093 (AIMS)

EFFECT OF EXTREMOPHILIC BACTERIAL INOCULATION ON GERMINATION, ANTIOXIDANTS, AND SUGARS IN *PHASEOLUS VULGARIS* SEEDS UNDER SIMULATED DROUGHT CONDITIONS.

Rodrigo Mora-Sanhueza[2], Catherine Ormeño[4], Nicolas Flores-Castañon[3], Cynthia Meza[5], Aparna Benerjee[4], Claudio Inostroza-Blancheteau[1,6]

(1) Universidad Católica de Temuco, Ciencias Agropecuarias y Acuícolas, Recursos Naturales, Rudecindo Ortega 2950, Temuco, Araucanía, Temuco, Chile
(2) Universidad Católica de Temuco, Doctorado en Ciencias Agropecuarias, Recursos Naturales, Rudecindo Ortega 2950, Temuco, Araucanía, Temuco, Chile
(3) Universidad Autonoma de Chile, Doctorado en Ciencias Biomédicas, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de las Ciencias de la Salud, Talca, Chile
(4) Universidad Autónoma de Chile, Functional Polysaccharides Research Group, Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Sede Talca, Talca, Chile
(5) Universidad Católica del Maule, Doctorado en Biotecnología Traslacional, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Talca, Chile
(6) Millenium Nucleus in Data Science for Plant Resilience (Phytolearning), Santiago 8370186, Chile

The intensification of drought events in Chile significantly compromises the germination and early establishment of *Phaseolus vulgaris* L., a crop of major relevance for regional food and nutritional security. In parallel, water deficit reduces the metabolic viability of native plant growth-promoting bacteria (PGPB), thereby diminishing their efficacy as bioinoculants during critical developmental stages. In this context, extremophilic bacteria, characterized by their ability to maintain metabolic activity under wide osmotic and thermal ranges and sustain the synthesis of exopolysaccharides, siderophores, and phytohormones, emerge as promising biotechnological alternatives to enhance seed germination and early tolerance to drought stress.

This study evaluated the effect of *Bacillus haynesii* (MZ298610, isolated from a hydrothermal spring) and *Microbacterium* sp. (CP050453, isolated from Antarctic soil), applied individually and as a consortium, on the germination and antioxidant metabolism of four P. vulgaris varieties (Manteca, Señorita, Rubí-INIA, and Tórtola) under simulated water deficit induced with polyethylene glycol (PEG-8000). Seeds were surface-sterilized, inoculated with 10^8 CFU mL^{-1}, and exposed to PEG solutions at 5, 15, and 20%. Germination percentage, root elongation, vigor index (VI), and tolerance index (TI) were recorded. In addition, cotyledon and testa extracts macerated in water, ethanol, and 70% methanol were analyzed at 0, 24, 48, 72, and 96 h to determine total phenolic content, soluble sugars, and antioxidant activity (DPPH and ABTS assays).

Results demonstrated that inoculated seeds exhibited higher germination rates and root elongation compared with the water control, with the bacterial consortium producing radicles up to 7 mm, followed by *B. haynesii* (≈3 mm) and *Microbacterium* sp. (≈2 mm). In parallel,

inoculated seeds showed sustained increases in phenolics, soluble sugars, and antioxidant capacity, with the most pronounced effects under 15% PEG, where the consortium exceeded antioxidant activity by 30% and phenolic content by 25% relative to the control.

These findings confirm the potential of extremophilic bacteria as effective bioinoculants during the germination phase of *Phaseolus vulgaris*, representing a sustainable strategy to mitigate the adverse effects of water deficit and to strengthen crop resilience under climate change scenarios.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*, extremophilic bacteria, drought stress, antioxidants, soluble sugars
Financing: ANID/FONDECYT Regular 1201749; ANID/FONDECYT Regular 1231917; ANID/FOVI 240049; ANID/ANILLO ATE230007; ANID/Millennium Science Initiative Program, Nucleus in Data Science and Plant Resilience (Phytolearning) NCN2024_047 and ANID NATIONAL FELLOWSHIP under Grant [21242604].
Acknowledgments: ANID/FONDECYT Regular 1201749; ANID/FONDECYT Regular 1231917; ANID/FOVI 240049; ANID/ANILLO ATE230007; ANID/Millennium Science Initiative Program, Nucleus in Data Science and Plant Resilience (Phytolearning) NCN2024_047 and ANID NATIONAL FELLOWSHIP under Grant [21242604].

PRODUCCIÓN DE ÁCIDO INDOL ACÉTICO (AIA) POR BACTERIAS ANTÁRTICAS MARINAS: EN BÚSQUEDA DE BACTERIAS PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO VEGETAL (PGPB)

Felipe Moraga Maldonado[1], Constanza Griffiths-Sanhueza[1], Ítalo Urrutia[1], Sebastián Ramirez-Araya[2], Roberto Bastias[3], Gastón Higuera[4], Jorge Olivares-Pacheco[5], Nicolas Plaza[1], Katherine García[1]

(1) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, santiago, chile
(2) Molecular Biology Laboratory, Masblue Research and Innovation Center, Iquique, Chile
(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Institute of Biology, Valparaiso, Chile
(4) INTA, Universidad de Chile, Laboratorio de Bvisa, Santiago, Chile
(5) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo de Resistencia Antimicrobiana en Bacterias Patógenas y Ambientales GRABPA, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Valparaiso, Chile

La salinización de los suelos constituye un desafío ambiental global, ya que provoca la pérdida de áreas cultivables al alterar los microambientes. Este fenómeno ocurre por la acumulación de sales solubles en agua, lo que disminuye la fertilidad, limita el desarrollo vegetal y afecta la composición del microbioma. Entre sus principales causas se incluyen las prácticas inadecuadas de riego, la contaminación y factores que incrementan la salinidad, favoreciendo la expansión de zonas desérticas salino-alcalinas y la degradación de tierras agrícolas.

Una estrategia innovadora para mitigar este problema es el uso de microorganismos de ambientes extremos, capaces de adaptarse a condiciones adversas y producir compuestos con efecto bioestimulante. En este contexto, planteamos que bacterias marinas antárticas representan una fuente prometedora de factores promotores del crecimiento vegetal (PGPB), ya que su capacidad de sobrevivir en ambientes extremos con diversas concentraciones de salinidad sugiere que podrían mantener su actividad fisiológica y metabólica incluso en suelos degradados por sales.

En este estudio se aislaron 30 bacterias a partir de muestras recolectadas cerca de la Base Prat y se cultivaron en Medio Marino (MB) y R2A con 0 – 20% de NaCl. Doce cepas fueron evaluadas para la producción de ácido indol acético (AIA), una auxina promotora del crecimiento vegetal. Aislados como el 67, 87 y 88 produjeron entre 15 ppm y 85 ppm de AIA al cabo de siete días. Siendo seleccionadas finalmente cinco cepas para secuenciación mediante la plataforma Illumina y posterior análisis con herramientas bioinformáticas como antiSMASH, con el fin de identificar metabolitos secundarios adicionales.

Con antiSMASH se identificó clusters biosintéticos de sideróforos, terpenos y péptidos no ribosomales (NRPS), indicando un potencial metabólico diverso más allá de la producción de AIA. Estos resultados evidencian el potencial de las bacterias antárticas como PGPB ,

como bioinoculantes adaptados a condiciones de alta salinidad. Se proyectan ensayos con Arabidopsis thaliana para validar su efecto en la germinación, el crecimiento y la tolerancia al estrés salino. En conclusión, estas bacterias representan una alternativa sostenible para mitigar la salinización de suelos y fortalecer la seguridad alimentaria frente al cambio climático.

Financing: Proyecto INACH RT2721, Convenio Marco UA-Masblue
Acknowledgments: Agradecimiento a beca de doctorado de ciencias biomédicas de la universidad autónoma de Chile

BIOMINERALIZACIÓN DE ARSÉNICO MEDIANTE BACTERIAS HALÓFILAS-UREOLÍTICAS-ARSÉNICO RESISTENTES, ASILADAS DESDE EL SALAR DE ASCOTÁN. DESIERTO ATACAMA.

Cristóbal Morales[1], Carlota Padilla[1], Macarena Deride[1], Paulina Aguayo[1,2], Victor Hernadez[3], Victor Guzman[4], Victor Campos[1]

(1) Universidad de Concepcion, Departamento Microbiología, Facultad Ciencias Biológicas, Barrio Uiversitariuo S/N, Concepcion, Chile
(2) Universidad de Concepción, Departamento Sistemas Acuáticos, Facultad Ciencias Ambientales, Barrio Universitario S/N, Concepcion, Chile
(3) Universidad de Concepcion, Departamento Botanica, Facultad Ciencias Naturales y Oceanográficas, Barrio Universitario S/N, Concepcion, Chile
(4) Universidad de Concepcion, Departamento Ingeniería en materiales, Facultad Ingeniería, Barrio Univeritario S/N, Concepcion, Chile

El arsénico es un metaloide ampliamente distribuido en la corteza terrestre, asociado a fuentes naturales como depósitos minerales y erupciones volcánicas. Chile ocupa el segundo lugar por contaminación por arsénico, superando las concentraciones recomendadas por la EPA y la OMS para la ingesta en agua potable. Los métodos convencionales presentan eficacia limitada a bajas concentraciones y requieren aditivos que encarecen el tratamiento. La precipitación de carbonatos inducida por microbios (MICP), surge como una alternativa biológica eficiente, rápida y ambientalmente sustentable. El objetivo del trabajo fue aislar y caracterizar una cepa halófila-ureolítica, resistente para la implementación de un sistema biológico para la remoción de arsénico. Se recolectaron sedimentos desde el Salar de Ascotán, La diversidad microbiana del sedimento se analizó por secuenciación masiva, usando la plataforma Illumina, dirigida a la región hipervariable V1–V3 del gen 16S rRNA. Para el aislamiento bacteriano el sedimento fue estabilizado en medio salino y sembrado en Agar Christensen medio R2A. Las colonias ureolíticas aisladas fueron identificaron mediante amplificación y secuenciación de su gen 16S rRNA. La tolerancia a arseniato y arsenito se determinó en medio de cultivo Luria-Bertani y la cinética de crecimiento se analizó mediante curvas de crecimiento por microgota, utilizando el modelo Gompertz. Finalmente, la inducción de precipitación de arsénico se estudió en un reactor Batch. Los análisis metagenómicos demostraron que las phyla más abundantes (>1%) fueron Proteobacteria, Firmicutes, Bacteriodetes y Actinibacteria. La cepa seleccionada, identificada preliminarmente como Halomonas sp AC-03, fue tutelante a varios metales pesados a concertaciones entre 2 a 100 mM (Cu, Se, Ni, Zn, Cd y Pb) y presentó un crecimiento estable hasta 50mM de As(V) y con 7% NaCl. Los análisis de Microscopia electrónica barrido asociado a un espectrómetro de energía dispersiva, demostraron la capacidad de precipitar arsénico. Los análisis de espectroscopía de absorción atómica (ASS) demostraron la capacidad de remover más del 80% de arsénico después de 72h de incubación. Los resultados demuestran que la cepa *Halomonas* sp AC-03 es una excelente candidata para la implementación de un sistema de tratamiento biológico para la remoción de arsénico desde sistemas con alta concentración de sal.

Keywords: Arsénico, Biorremediación;, Salar Ascotán, Biomineralización, Metagenomica
Financing: FONDECYT Regular 1251397
Acknowledgments: Laboratorio de Microcopia Electrónica del CESMI UdeC

METTL3 INFLUENCES LONG NONCODING NEAT1 IN HIV-1 INFECTED HUMAN MICROGLIA

Isidora Morales Vejar[1], Victoria Rojas Celis[3], Catalina Millán Hidalgo[1], Isidora Pittet Díaz[1], Daniela Toro Ascuy[1], Camila Pereira Montecinos[2]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Pasaje las Encinas 3370, Santiago, Chile
(2) Universidad Mayor, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Camino la Pirámide 5750, Santiago, Chile
(3) Universidad de Sao Paulo, Laboratorio de Biología Computacional de Sistemas, Sao Paulo, Brasil

Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) has caused a 50 year long pandemic. This virus affects immune cells, including microglia, which are responsible for sustaining homeostasis in the Central Nervous System. Today's antiretroviral therapy used to treat HIV-1 doesn´t prevent the development of HIV associated neurocognitive disorders (HAND), rendering advancement in understanding how different cellular aspects can influence virus-microglia relation essential.

Epitranscriptomics has been described to play a role affecting cellular functioning, m6A methylations is a common trait, likewise, interest in the role of long noncoding RNA has also increased. lncRNA NEAT1 has been described in HeLa cell lines forming paraspeckles structures capable of kidnapping viral HIV-1 genomic RNA (gRNA), thus, capable of decreasing viral production while in Jurkat cell lines knockdown of NEAT1 also decrease gRNA.

We analyzed if NEAT1 display different m6A levels during HIV-1 infection or TNF stimulation through MeRIP-RTqPCR. Briefly, m6A in RNA were immunoprecipitated from cells infected with VSVg-pseudotyped HIV-1, NEAT1 was detected via RT-qPCR from the precipitated RNA. We found that m6A levels increased only in cells infected. Furthermore, we evaluated if changes in methyltransferase METTL3 affect levels and subcellular localization of NEAT1 in human microglia cell lines (C20) infected with HIV-1. We overexpressed METTL3 through transfection, after 6 hours we infected the cells with VSVg-pseudotyped HIV-1 and 24 hours after infection we fractioned the cells, obtaining whole (Input), cytoplasmatic and nuclear fractions. RT-qPCR allowed us to identify possibles changes in NEAT1 and gRNA. Overexpression of METTL3 without HIV-1 infection caused an upward trend of NEAT1 in the cytoplasm while in the nuclear fraction went downward, however when HIV-1 infection was included, cytoplasm and nuclear fractions went significantly downward, strangely Input fraction went up. Interestingly gRNA also displays a downward trend in cytoplasm and nuclear membranes when overexpression of METTL3 occurred.

Conclusively HIV-1 infection changes m6A levels in NEAT1 in microglial cells and overexpression of METTL3 causes significant changes in subcellular localization and expression levels of NEAT1. Further research can be done to elucidate if NEAT1is lowering gRNA by trapping it in

paraspeckles when overexpression of METTL3 occurs or another mechanism is at play.

Keywords: HIV-1, Microglia, NEAT1, m6A, METTL3
Financing: FONDECYT regular 1230809FONDECYT postdoctorado 3220616INGE220003-INGEUM2401
Acknowledgments: FONDECYT regular 1230809FONDECYT postdoctorado 3220616INGE220003-INGEUM2401

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE LA CHAPERONA DE CLASE II DEL SISTEMA DE SECRECIÓN DE PROTEÍNAS DEL TIPO III DE *VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS*

Andres Moreno[1], Carlos J Blondel[1]

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

Vibrio parahaemolyticus es la principal causa de gastroenteritis asociada al consumo de productos de origen marino. Una de las características del clon pandémico O3:K6 es la presencia de una isla de patogenicidad denominada Vpal-7, la cual codifica para el Sistema de secreción de tipo III llamado T3SS2. Los T3SS son complejos multiproteicos que permiten la traslocación de proteínas efectoras al citosol de las células infectadas, contribuyendo así a la citotoxicidad y enterotoxicidad de V. parahaemolyticus. Para que ocurra el proceso de translocación de los efectores, es necesario que previamente se inserte en la membrana de la célula infectada un complejo proteico llamado "translocón". Dicho complejo es formado por dos proteínas, VopD2 y VopB2. Sin embargo, la correcta estabilización y entrega de estas proteínas requiere de la participación de chaperonas específicas que previenen su degradación y favorecen su translocación. Estas chaperonas se caracterizan por poseer una estructura conservada compuesta de 6 alfa hélices paralelas y la presencia de repeticiones tetratricopéptidas (TPR). Interesantemente, hasta el momento no se ha identificado cual sería la proteína chaperona de clase II del T3SS2 de V. parahaemolyticus. En este contexto, este trabajo tuvo como objetivo identificar la chaperona de clase II del T3SS2. Para esto, se realizó un análisis bioinformático sistemático de la secuencia aminoacídica de cada ORF de la isla Vpal-7 utilizando programas tales como Interproscan, motiffinder y DeepTMHMM como también un análisis de estructura predicha por Alphafold3 y las plataformas FoldSeek y Clusterseek. La integración de estos datos permitió identificar a una proteína de kDa codifica por el ORF VPA1365 como candidato a ser la proteína chaperona de clase II del T3SS2. La estructura de VPA1365 está compuesta por 6 alfahelices antiparalelas y múltiples motivos TPR. Por otro lado, superimposición de la estructura predicha para VPA1365 con la estructura de chaperonas de clase II cristalizadas de T3SS de otros organismos tales como Salmonella y Shigella, reveló que VPA1365 posee una alta similitud estructural con estas chaperonas. Actualmente se está realizando la validación experimental de dicha interacción mediante experimentos de co-inmunoprecipitación entre VPA1365 y las proteínas del translocon VopB2 y VopD2.

Keywords: vibrio, T3SS
Financing: FONDECYT REGULAR 1241637

IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES GENÉTICAS ESPONTÁNEAS EN *PARABURKHOLDERIA PHYTOFIRMANS* PSJN

Luciano Muñoz Placencia[1], Carlos Rojas[1], Karla Carvajal[1], Gustavo Rodríguez[1,2], Thomas Ledger[1], Bernardo González[1]

(1) Universidad Adolfo Ibáñez, Bioingeniería
(2) Universidad Mayor, Centro GEMA

La rizósfera de las plantas es ampliamente colonizada por una microbiota diversa, cuyos efectos benéficos en el hospedero pueden incluir una mayor tolerancia a estrés biótico y abiótico. *Paraburkholderia phytofirmans* PsJN es una PGPR (rizobacteria promotora de crecimiento en plantas) con un amplio rango de hospederos, capaz de sintetizar y degradar ácido indol-3-acético (IAA), entre otras funciones. Esta bacteria coloniza eficazmente la rizósfera y tejidos de la raíz de *Arabidopsis thaliana*, produciendo un aumento en el crecimiento de la planta. Se ha reportado la aparición de variaciones fenotípicas espontáneas de PsJN en cultivos in vitro, cuyos efectos sobre la interacción con la planta son desconocidos. En este trabajo, se estudió los parámetros de crecimiento, movimiento y colonización de variantes espontáneas de PsJN, además de sus efectos sobre la planta hospedero. Los resultados obtenidos indican que las cepas variantes presentan modificaciones significativas en la producción de exopolisacáridos, y en la capacidad de colonizar las raíces de *A. thaliana*. Adicionalmente, se estudiaron los cambios genómicos entre distintas variantes espontáneas y la cepa silvestre, encontrándose evidencia de plasticidad genómica durante el cultivo in vitro. Las conclusiones de este estudio resaltan la importancia de las variaciones genéticas espontáneas de microorganismos ambientales durante su cultivo en condiciones de laboratorio, y su consecuencia sobre la estabilidad de los fenotipos relevantes.

Keywords: PsJN, Variante, Espontánea
Financing: PROYECTO FONDECYT REGULAR 1230472Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES)
Acknowledgments: PROYECTO FONDECYT REGULAR 1230472 Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES)

CHARACTERIZATION OF COPPER-INDUCED BIOFILM FORMATION IN LISTERIA MONOCYTOGENES AT LOW TEMPERATURE

Diego Márquez Silva[1], Esteban Román Leiva[1], Angélica Reyes Jara[1]

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

Copper (Cu) is a transition metal that can be both necessary and harmful to bacteria. Cu toxicity is based primarily on its ability to produce reactive oxygen species and to disrupt protein function. For this reason, bacteria have mechanisms to maintain copper homeostasis, such as efflux pumps. Additionally, several microorganisms have the ability to form biofilms in response to metals, which reduces cell exposure to the toxic ions and facilitates their precipitation. The antimicrobial effect of Cu has been exploited in agriculture for the control of microorganisms, and the use of different copper-based compounds has been proposed for the control of pathogens in the food industry. Recently, our laboratory showed that inhibitory concentrations of Cu at low temperatures, rather than reducing biofilm formation, actually induce it in *Listeria monocytogenes*, a foodborne pathogen. This study aimed to characterize the biofilm formed under Cu exposure and cold conditions. To this end, the amount of biofilm formed at 8°C over different time points (0 to 96 h) in the presence of different Cu concentrations (0-2 mM) was determined for four strains of *L. monocytogenes* using the crystal violet staining method. Scanning electron microscopy (SEM) was used to characterize the structure of the formed biofilm. Finally, to confirm that oxidative stress caused by Cu was responsible for the observed phenotype, the medium was supplemented with N-acetylcysteine (NAC) and dithiothreitol (DTT). Our results show that Cu-induced biofilm formation begins after 24 hours and reaches its maximum at 72 hours on polystyrene and stainless steel surfaces at 8°C. The same result was observed in the four strains evaluated. Higher Cu concentrations led to greater biofilm formation at 72 hours. SEM images show a highly structured biofilm with cells strongly adhered to a filamentous EPS. Only the application of DTT resulted in a dose-dependent decrease in biofilm formation, reaching a value comparable to that of the control, without copper, at a concentration of 10 mM DTT. Our findings constitute the first report of metal-induced biofilm formation in *L. monocytogenes*, revealing a new mechanism by which this pathogen resists high concentrations of copper present in its natural habitat.

Keywords: Listeria monocytogenes, Copper, Biofilm
Financing: Fondecyt 1241084

SALMONELLA INFANTIS MULTIRRESISTENTE: EVIDENCIA GENÓMICA DESDE CARNE DE POLLO COMERCIALIZADA EN CHILE

María José Navarrete-Gatica[1], Daniel Tichy-Navarro[1], Josefina Miranda-Riveros[1], Constanza Díaz-Gavidia[1], Francisca Álvarez[1], Andrea Isabel Moreno-Switt[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Medicina, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

Salmonella spp. es uno de los principales patógenos transmitidos por los alimentos, siendo los productos cárnicos —especialmente avícolas— la principal fuente de transmisión hacia los humanos. En los últimos años, se ha observado una creciente incidencia de *Salmonella enterica* serovar Infantis portadora de megaplásmido (pESI-like) multirresistente a los antimicrobianos, lo que representa una preocupación relevante para la salud pública a nivel global. El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia y caracterizar genómicamente cepas de Salmonella spp. aisladas desde carne de pollo, pavo, cerdo y huevos obtenidos en supermercados de la zona central de Chile.

Durante un periodo de 23 meses, se realizaron muestreos mensuales en supermercados de distintas comunas de las regiones de Valparaíso, O'Higgins y Metropolitana. En cada visita, se recolectaron muestras de carne de pollo (n=24), pavo (n=5), cerdo (n=6) y huevo (n=6). El aislamiento de Salmonella se realizó mediante el protocolo BAM-FDA modificado, confirmando colonias sospechosas mediante PCR dirigida al gen *invA*. Un total de 122 aislados fueron secuenciados mediante NGS y analizados bioinformáticamente para determinar su serotipo y perfil de resistencia.

La prevalencia total de *Salmonella* spp. fue del 18% (173/986). En carne de pollo se registró una prevalencia del 26% (148/572), en pavo del 19% (23/122), mientras que en carne de cerdo y huevos fue del 0,7% (1/146 en ambos casos). El análisis genómico reveló que el 97% (118/122) de las cepas correspondieron a S. Infantis, mayoritariamente aisladas desde carne de pollo; el resto correspondió a los serovares Agona y Panamá (3%, 4/122). Entre las cepas de S. Infantis, el 90% portaba el megaplásmido pESI-like y presentaba perfiles de multirresistencia, incluyendo genes clínicamente relevantes como bla-CTX-M-65, sul1, aadA1 y tet(A).

Estos hallazgos evidencian una alta prevalencia de S. Infantis portadora del megaplásmido pESI-like en carne de pollo proveniente de supermercados, así como una elevada frecuencia de genes de resistencia a antimicrobianos de importancia clínica. Esto sugiere que la presencia de *Salmonella* en dichos productos podría representar un riesgo para la salud pública, subrayando la necesidad de fortalecer las medidas de control y vigilancia para garantizar la inocuidad de los alimentos.

Keywords: Salmonella Infantis, Megaplásmido, Carne de pollo, Multirresistencia
Financing: FONDECYT Regular - ID1231082- Agencia Nacional De Investigación y DesarrolloBeca

de Doctorado Nacional- Folio 21241909 y Folio 21251661 - Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo
Acknowledgments: Pontificia Universidad Católica de ChileDoctorado en Ingeniería y Ciencias con la Industria Escuela de Medicina Veterinaria Bacteriophages and Foodborne Pathogens Research Laboratory

CARACTERIZACIÓN MICROBIOLÓGICA Y SU RELACIÓN CON LA CALIDAD FUNCIONAL Y ULTRAESTRUCTURAL DE ESPERMATOZOIDES DE SALMO SALAR OBTENIDOS POR STRIPPING Y MACERADO TESTICULAR

Paola Niedmann[1], Leydy Sandoval-Vargas[2], Maritza Pérez-Atehortúa[1,3], Sebastián Ávila[1], Eduardo Rojas[1], Karina Godoy[4], Alejandro Villasante[5,6], Iván Valdebenito[7], Elías Figueroa[7]

(1) Doctorado en Ciencias Agropecuarias, Universidad Católica de Temuco, Facultad de Recursos Naturales, Temuco, Chile
(2) Centro de Investigación, Innovación y Creación (CIIC), Universidad Católica de Temuco, Temuco, Chile
(3) Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Agrarias, Medellín, Colombia
(4) Centro de Excelencia en Biotecnología (BIOREN), Universidad de La Frontera, Temuco, Chile
(5) Universidad de Las Américas, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Santiago, Chile
(6) Laboratorio de Biotecnología, INTA, Santiago, Chile
(7) Núcleo de Investigación en Producción Alimentaria, Universidad Católica de Temuco, Temuco, Chile

El microbioma reproductivo en peces constituye un componente emergente de interés por su influencia potencial en la calidad de los gametos. En este estudio se compararon las comunidades bacterianas asociadas a espermatozoides de salmón del Atlántico *(Salmo salar)* obtenidos mediante stripping y macerado testicular. La caracterización microbiológica se realizó mediante secuenciación de la región V3–V4 del gen 16S rRNA en plataforma Illumina MiSeq, con análisis bioinformático en DADA2 y asignación taxonómica a partir de SILVA 138. La diversidad alfa se evaluó a través de índices de Shannon, Simpson, Fisher y riqueza de ASVs. Adicionalmente, se analizaron variables funcionales de motilidad mediante el sistema CASA (Análisis Computarizado de Espermatozoides), la concentración de creatina con un kit comercial (Sigma-Aldrich, MAK494) y parámetros ultraestructurales por microscopía electrónica de barrido (SEM). Los resultados evidenciaron una mayor diversidad microbiana en muestras obtenidas por stripping, mientras que el macerado testicular mostró menor diversidad, pero presentó mayores porcentajes de motilidad y concentraciones significativamente más altas de creatina ($p < 0,05$). Las observaciones ultraestructurales confirmaron diferencias entre métodos, incluyendo flagelos más cortos y la presencia de eritrocitos en macerado. En conjunto, estos hallazgos destacan que el método de obtención no solo condiciona la fisiología espermática, sino también la composición microbiana asociada, sugiriendo un rol relevante del microbioma en la calidad espermática y su impacto potencial en procesos reproductivos.

Keywords: microbioma, espermatozoides intratesticulares, creatina, 16S, SEM
Financing: ANID por FONDECYT INICIACIÓN (Número de Subvención 11230690) y Beca Nacional de Doctorado 2025 (Número de Subvención 21241754), FEQUIP - UCT (2023FEQUIPRB-02 y 2024FEQUIP-NV-01).
Acknowledgments: A la Unidad de Biotecnología Acuícola (BIOACUI) de la Universidad

Católica de Temuco, por su apoyo. A ANID, por el financiamiento mediante FONDECYT Iniciación N°11230690 y Beca Nacional de Doctorado N°21241754. Al FEQUIP-UCT, proyectos 2023FEQUIPRB-02 y 2024FEQUIP-NV-01.

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE CEPAS DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS DE USO CLÍNICO AISLADAS DE ANIMALES DE COMPAÑÍA Y FAUNA SILVESTRE DE LA REGIÓN DEL ÑUBLE, CHILE.

Brandon Núñez-Rojas[1,2], Jorge Barraza-Schulmeyer[2], Jorge Campos[2], Montserrat Del Campo-Parod[2], Alejandra A. Latorre[2], Maximiliano Matus-Köhler[1,3], Danny Fuentes-Castillo[2], Gerardo González-Rocha[1,3], Andrés Opazo-Capurro[1,3]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Chillán, Chile
(3) Universidad de Concepción, Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana, Ciencias biológicas, Concepción, Chile

Pseudomonas aeruginosa es un bacilo Gram negativo, ubicuo, con baja susceptibilidad intrínseca a los antibióticos, perteneciente al acrónimo ESKAPE-E, abarcando bacterias altamente resistentes a antibióticos. En este contexto, *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos pertenece a "prioridad alta" según la actualización de la Organización Mundial de la Salud. Esta bacteria se asocia como agente causante de múltiples cuadros en animales de compañía (AC), y también fauna silvestre (FS), donde factores principalmente antropogénicos y características del patógeno, puede producir cuadros clínicos en FS, siendo relevante desde el punto de vista de Una Salud. El objetivo de este trabajo fue analizar cepas de P. aeruginosa aisladas desde AC y FS de la Región del Ñuble.

Se analizaron 24 cepas de P. aeruginosa aisladas desde AC y 22 cepas desde FS. Luego, se determinaron los perfiles de susceptibilidad a antibióticos mediante antibiogramas. Posteriormente se evaluó su relación genética mediante ERIC-PCR y posterior análisis con GelJ v2.0. Finalmente, para comparar perfiles de resistencia entre AC y FS se determinó el índice de resistencia antibióticos (IRA).

De las cepas aisladas desde AC, un 83,3% (20/24) resultó resistente a enrofloxacino, 8,3% (2/24) a ceftazidima, 8,3% (2/24) piperacilina/tazobactam, 29,1% (7/24) a gentamicina, 45,8% (11/24) a levofloxacino, 4,1% (1/24) a imipenem y ninguna resistente a amikacina y meropenem. FS exhibió resistencia de 95,4% (21/22) a enrofloxacino, 9% (2/22) a amikacina, 31,8% (7/22) a gentamicina, 13,6 (3/22) a levofloxacino, 18,1% (4/22) a imipenem, y ninguna resistente a ceftazidima, piperacilina/tazobactam y meropenem. Las cepas de FS mostraron un mayor porcentaje de similitud, detectando tres clados principales, (>90% de similitud), mientras que en el caso de las cepas de AC fueron cuatro clados (>80% de similitud). Finalmente, las cepas de AC presentaron IRA de 0,22, mientras que FS de 0,21.

Las cepas de FS mostraron mayor relación genética, pudiendo ser indicativo de una infección dentro del centro de recuperación. Además, los valores de IRA entre ambos grupos resultaron similares; la literatura indica valores ≥0,2 evidencian mayor exposición a antibióticos. Estos

resultados resaltan la importancia de la vigilancia de la resistencia antimicrobiana en animales de AC y FS, bajo la mirada Una Salud.

Keywords: Resistencia antimicrobiana, Pseudomonas aeruginosa, Una Salud, Animales de compañía, Fauna silvestre

ESTUDIO DEL IMPACTO DEL CONTEXTO GENÉTICO HÍBRIDO DE LA CEPA S467-B DE KOMAGATAELLA PHAFFII SOBRE EL METABOLISMO DEL METANOL Y LA EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS HETERÓLOGAS

Karina Olguin Ubilla[1], Julio Berríos Araya[1], Stephanie Braun Galleani[1,2]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de ingeniería Bioquímica, Valparaíso, Chile
(2) Instituto Milenio de Biología Integrativa (iBio), Santiago, Chile

Komagataella phaffii (K. phaffii) es una levadura no convencional ampliamente utilizada en biotecnología como sistema de expresión de proteínas recombinantes, gracias a su capacidad para realizar modificaciones postraduccionales, su alta eficiencia secretora y su versatilidad metabólica. Como organismo metilotrófico, puede crecer en medios definidos utilizando metanol como única fuente de carbono, característica que la hace especialmente atractiva para aplicaciones industriales. Sin embargo, el uso de cepas de laboratorio con un origen genético único ha limitado la exploración del potencial biotecnológico presente en otras cepas silvestres, aún poco caracterizadas.

Con el fin de ampliar esta base genética, se generó la cepa híbrida S467 a partir del cruce entre la cepa de laboratorio CBS7435 y el aislado silvestre NRRL Y-17741, y posteriormente se desarrolló la variante S467-B, modificada para expresar β-glucosidasa como proteína modelo bajo el control del promotor inducible pAOX1. El objetivo de este trabajo fue evaluar el desempeño de S467-B en cultivos con metanol como única fuente de carbono y contrastarlo con lo reportado en la literatura para cepas de laboratorio.

Los resultados mostraron que la cepa S467-B alcanzó una velocidad específica máxima de crecimiento en metanol de 0,20 h^{-1} (1% v/v), superando los valores descritos para cepas derivadas de CBS7435, que generalmente se sitúan en el rango de 0,11–0,15 h^{-1} en condiciones comparables. Asimismo, S467-B presentó una mayor capacidad de producción de proteína recombinante en metanol, lo que potencia aún más la hipótesis de que su trasfondo genético híbrido estaría contribuyendo a un mejor desempeño productivo.

En conclusión, la caracterización de S467-B demuestra que las cepas híbridas de *Komagataella phaffii* constituyen una alternativa prometedora frente a las variantes de laboratorio tradicionalmente empleadas. A partir de estos hallazgos, se encuentra en desarrollo una investigación orientada a identificar las diferencias genéticas y/o metabólicas entre S467-B y CBS7435, de modo de comprender con mayor profundidad la asimilación de metanol en el contexto híbrido y contribuir al diseño racional de cepas recombinantes optimizadas para la biotecnología industrial.

Keywords: Komagataella phaffii, Metanol, Proteinas recombinantes, Biotecnología
Financing: ANID-FONDECYT Iniciación 11200933ANID-InES Género INGE220007
Acknowledgments: Agradezco a mis tutores por su orientación y apoyo durante el desarrollo de este trabajo, así como a mis compañeros, cuyo apoyo y colaboración fueron fundamentales para alcanzar los resultados presentados.

ANÁLISIS METAGENÓMICO DE PLÁSMIDOS PORTADORES DE GENES DE RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS EN EL AMBIENTE URBANO

S.K Oliva-Adaro[1], J.A Ugalde[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Ciencias biológicas, Facultad Ciencias de la vida, República 330, Santiago, Chile

La resistencia a los antibióticos representa una de las mayores amenazas para la salud pública debido a su rápida propagación, la cual es facilitada por elementos genéticos móviles. En este caso, los plásmidos, promueven la transferencia horizontal de genes de resistencia entre bacterias cumpliendo un rol fundamental. Si bien muchos estudios se han centrado en aislados clínicos, existe una brecha significativa en la comprensión del papel de los ambientes urbanos como reservorios de plásmidos portadores de genes de resistencia. Para abordar esta limitación, el presente estudio tiene como objetivo reconstruir plásmidos movilizables con genes de resistencia a antibióticos (GRA) a partir de datos metagenómicos obtenidos en zonas urbanas densamente pobladas de Santiago de Chile, incluyendo superficies de transporte público. A través del uso de herramientas bioinformáticas, se reconstruyeron más de 1000 contigs de origen plasmidial, los cuales fueron clasificados según su capacidad de movilidad en tres categorías: no movilizables, movilizables y conjugativos. Asimismo, se identificó la presencia de múltiples GRAs, lo que sugiere un posible rol activo de estos plásmidos en la diseminación de resistencias en entornos urbanos. Este enfoque metagenómico permite analizar la diversidad y dinámica plasmidial sin depender exclusivamente del cultivo bacteriano, lo que amplía considerablemente las posibilidades de vigilancia ambiental. Los resultados de este estudio evidencian que los espacios urbanos pueden actuar como reservorios activos de plásmidos resistentes, y destacan la importancia de incorporar el monitoreo ambiental en las estrategias para enfrentar la resistencia antimicrobiana.

Keywords: Resistencia antimicrobiana, plásmidos, metagenómica, microbioma urbano
Financing: Beca de Doctorado Nacional Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID): 21241098. Fondecyt Regular: 1221209.
Acknowledgments: Beca de Doctorado Nacional Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID): 21241098Fondecyt Regular: 1221209

RESISTOMA Y POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE LA CEPA *RAHNELLA ACERIS* "S6" AISLADA DESDE EL SALAR DE ASCOTÁN

Antonia Ondarza-Ortiz[1,2], Catalina Olivos[1], Amparo Saavedra-Riquelme[1,2], Maximiliano Carreño[1,2], Tomás Ovalle[1], Juan Pablo Zúñiga[1,2], Matías Gálvez-Silva[1], Camilo Berríos-Pastén[1], Andrés E. Marcoleta[1,2]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile
(2) Anillo Talackutur Lithium Bio-R

Background
Los microbiomas asociados a ambientes extremos, como lo son los salares altoandinos, albergan mecanismos poco descritos de resistencia a sustancias tóxicas. En este contexto, se realizó el aislamiento de cepas desde el Salar de Ascotán, obteniendo una cepa preliminarmente resistente a arsénico, denominada "S6". El objetivo de este estudio fue evaluar la capacidad de la cepa S6 para resistir diferentes xenobióticos, incluyendo metales y antibióticos, además de explorar las bases genéticas de dicha resistencia.

Methods
La caracterización incluyó ensayos de identificación (secuenciación de 16S rRNA) y fenotipificación (tinción de Gram, curvas de crecimiento a distintas temperaturas), determinación de concentraciones mínimas inhibitorias (MIC) frente a metales (As, Cu, Co, Cd, Ni, Li), y antibiograma frente a 42 antibióticos de uso clínico de 17 clases distintas. Por otra parte, se llevó a cabo secuenciación híbrida (Illumina y Nanopore), y posteriormente se emplearon herramientas bioinformáticas para identificar genes de resistencia a antibióticos, y que codifican sistemas de resistencia y homeostasis de metales.

Results
La secuenciación 16S indicó que la cepa pertenece al género *Rahnella*. La cepa Gram-negativa resultó tener una temperatura óptima de crecimiento de 35°C en medio LB. Además, presentó una MIC de 15 mM frente a arsenito de sodio, y resistencia a 11 de 42 antibióticos probados. En concordancia, a partir del análisis genómico, la cepa fue clasificada como Rahnella aceris, identificándose múltiples genes asociados a resistencia a arsénico y otros metales, incluyendo componentes del operón ars, además de determinantes de resistencia a antibióticos de uso clínico tales como tetraciclina.

Conclusion
Estos hallazgos sugieren que la cepa *Rahnella aceris* S6, aislada desde un salar altoandino, posee múltiples mecanismos de tolerancia a metales y antibióticos, que permiten la supervivencia en un ambiente caracterizado por alta salinidad y toxicidad metálica. Este estudio es relevante para indagar en la adaptación microbiana a condiciones extremas, comprender los mecanismos de resistencia en microorganismos ambientales, y explorar aplicaciones biotecnológicas en ámbitos como la biorremediación y biominería.

Keywords: Resistoma, Resistencia a metales, Microbioma Salares, Genómica, Extremófilos
Financing: Este proyecto fue financiado por FONDECYT 1221193 y Anillo Talackutur Lithium Bio-R ATE240012.
Acknowledgments: Agradecer al Grupo de Microbiología Integrativa (Universidad de Chile) por brindarme el espacio y recursos para llevar a cabo la investigación, y por su cálida acogida, y también al Anillo Talackutur por su financiamiento, motivación y convicción en el proyecto.

VIROMA DEL HOLOBIONTE DE LA MACROALGA PARDA MACROCYSTIS PYRIFERA

Sebastian Osorio Astete[1,2], Jesus Tapia[1], Nicole Trefault[3], Pedro Murúa[2,4], Carolina Camus[5], Sylvain Faugeron[2,6], Pamela A Fernández[2,5], Ziomara P. Gerdtzen[2,7], Marie-Laure Guillemin[2,8], Vicente Jara[1], Gerdhard L Jessen[2,9]

(1) Universidad Austral de Chile, Escuela de Biología Marina, Chile
(2) Núcleo Milenio MASH, Chile
(3) Universidad Mayor, Centro GEMA, Chile
(4) Universidad Austral de Chile, Instituto de Acuicultura, Chile
(5) Universidad de Los Lagos, Centro i-mar, Chile
(6) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Chile
(7) Universidad de Chile, Departamento de Ingeniería Química, Biotecnología y Materiales, Chile
(8) Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Universidad Austral de Chile, Chile
(9) Universidad Austral de Chile, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Chile

Los virus son las entidades biológicas más abundantes del planeta y, en los océanos, cumplen funciones claves en la ecología y evolución de los organismos marinos. Junto a su microbiota, las algas pardas, tales como el holobionte *Macrocystis pyrifera* cumple un rol crucial en los ciclos del nitrógeno y carbono, actuando como un importante sumidero de carbono azul en los extensos bosques submarinos de las costas chilenas. El holobionte algal puede abordarse como una red dinámica de interacciones, donde los virus representan el componente menos explorado y comprendido. Para determinar la ecología del viroma del holobionte *M. pyrifera* a lo largo de la costa chilena, se identificaron virus y elementos genéticos móviles a partir del análisis de 18 metagenomas provenientes de muestras colectadas en seis localidades costeras (Navidad, Topocalma, Pargua, Los Chonos, Ilque y San Antonio). Se obtuvieron genomas virales completos en la mayoría de los sitios, con alta variabilidad entre localidades. En promedio, se identificaron entre 1 y 3% de genes virales de los cuales un 90% corresponde a virus del tipo lítico y un promedio de 80 provirus integrados por sitio. Nuestros resultados indican que los virus son un componente integral del holobionte de *M. pyrifera* y la presencia de provirus integrados sugiere que los virus no solo influyen en el holobionte a través de ciclos líticos, sino que también ejercerían una influencia a largo plazo, potencialmente modificando el genoma del huésped. En conjunto, estos hallazgos preliminares indican que el viroma del holobionte *M. pyrifera* constituye un factor clave en la ecología y funcionamiento de este sumidero de carbono azul.

Financing: Núcleo Milenio Marine Agronomy of Seaweed Holobionts (MASH). NCN2024_03
Acknowledgments: Agradecimientos a Jessica Beltrán, Génesis Parada y Mario Moreno

DESARROLLO DE NANO-ANTICUERPOS CONTRA UNA GLICOPROTEÍNA (GP1 Y GP2) DEL VIRUS ÉBOLA (EVGP).

Samuel Ovando[1], Claudio Cappelli[1], Alejandro Rojas[1]

(1) Laboratorio de biotecnologia medica, instituto de medicina, facultad de medicina Universidad Austral de Chile, Carlos Acharan sn, Valdivia, Chile

En las últimas décadas, el virus del Ébola ha representado un desafío crítico para la salud global debido a su alta tasa de mortalidad, capacidad zoonótica y brotes devastadores. Este patógeno es un virus de ARN monocatenario negativo de la familia Filoviridae y del género Ebolavirus, que incluye seis especies: Zaire, Bundibugyo, Sudán, Reston, Tai Forest y Bombali. Las especies Zaire y Sudán son responsables de los principales brotes en África. El virión mide aproximadamente 80 nm de diámetro y entre 970 y 1200 nm de longitud (hasta 14 µm en cultivo).

La transmisión ocurre por contacto directo con fluidos, tejidos o superficies contaminadas. La entrada viral se inicia gracias a las glicoproteínas (GP1 y GP2), responsables de la unión, fusión y liberación de la nucleocápsida en el citoplasma. Estas proteínas son blancos clave para el desarrollo de diagnósticos y terapias. La infección provoca fiebre hemorrágica y fallo multiorgánico, y en los sobrevivientes puede dejar secuelas como lesiones hepáticas y trastornos neuropsiquiátricos. El virus evade la respuesta inmune mediante proteínas como sGP y la inhibición de interferones.

En este contexto, los nanoanticuerpos (VHH), derivados de camélidos y peces cartilaginosos, emergen como herramientas prometedoras gracias a su pequeño tamaño (~15 kDa), alta estabilidad y elevada especificidad. Estos pueden unirse a las glicoproteínas del virus, neutralizando la infección y mejorando la detección temprana.

La metodología empleada consiste en inmunizar alpacas para generar una librería de nanoanticuerpos, seleccionar clones específicos mediante gradientes de Ficoll e inmunofluorescencia automatizada, y validar su unión a las GP mediante técnicas como Dot-Blot, ELISA y Western Blot. Con estas técnicas se han obtenido más de 350 clones individuales, de los cuales se han testeado 110, identificándose candidatos que podrían cumplir con el objetivo de la investigación. Esta estrategia tiene el potencial de aportar soluciones innovadoras para el diagnóstico rápido y el tratamiento de la enfermedad, contribuyendo al control de futuros brotes y fortaleciendo las herramientas biotecnológicas contra patógenos de alta letalidad.

Keywords: Alpaca, Nanoanticuerpo, Ebola Virus, Glicoproteina
Financing: Berking biotechnology S.A
Acknowledgments: Naphak Modhiran Universidad de Queensland y Berking Biotechnnology

ADAPTACIÓN AL ESTRÉS OSMÓTICO DE UNA CEPA MULTIRRESISTENTE DE SALMONELLA INFANTIS AISLADA DEL AMBIENTE DE PRODUCCIÓN AVÍCOLA.

Ana Oviedo Bustos[1], Katterinne N. Méndez[1], Gabriel Krüger[1], Francisca Urbina[1], Nicolás Áviles[1], Sofía Quintana[1], Catalina Kusch[1], Coral Pardo-Esté[1,2], Juan Castro-Severyn[1], Claudia Saavedra[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile
(2) Universidad Católica del Norte, Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada, Facultad de Ciencias, Antofagasta, Chile

Introducción: La alta prevalencia de *Salmonella* en las líneas de producción avícola representa un desafío para la seguridad alimentaria mundial. Salmonella tiene la capacidad de adaptarse y sobrevivir en entornos adversos, lo que le permite permanecer en la cadena de producción. Esto, a pesar de los rigurosos procedimientos de limpieza y desinfección, los que generan multiestrés ambiental (oxidativo, ácido y osmótico). La respuesta adaptativa a estrés osmótico incluye captación de osmolitos, regulación de porinas y activación de sistemas de dos componentes que regulan la expresión génica. Se genera una red regulatoria basada en señales ambientales que contribuyen a mantener la homeostasis y el crecimiento. A pesar de los numerosos estudios sobre la capacidad de Salmonella para resistir el multiestrés, aún no se entiende totalmente los mecanismos moleculares detrás de estas respuestas fisiológicas. Por lo tanto, el objetivo de este estudio es determinar el impacto del estrés osmótico sobre los patrones globales de expresión transcripcional involucrados en la respuesta adaptativa.

Métodos: La cepa multirresistente SE016 y de referencia SARB27 de S. Infantis fueron cultivadas en medio mínimo MgM con y sin sacarosa al 15% como factor generador de estrés osmótico. A partir de estos cultivos se extrajo el ARN total el cual fue secuenciado para cuantificar la expresión transcripcional de ambas cepas. Se realizó un análisis de expresión diferencial (FDR < 0.01, FoldChange ≥ 2), posterior anotación funcional y enriquecimiento GO para identificar funciones génicas asociadas a la respuesta al estrés osmótico.

Resultados: Se encontraron 224 transcritos diferencialmente expresados en la cepa resistente SE016. Las funciones génicas enriquecidas por estos transcritos se agruparon en procesos metabólicos, asociados a ensamblaje de proteínas y modificación del ribosoma. Entre estos procesos biosintéticos de aminoácidos, antibióticos, lactonas, pirimidinas y L-histidina.

Conclusión: Las rutas enriquecidas indican una reprogramación de los procesos metabólicos involucrados en la expresión génica a nivel traduccional, destacando la biosíntesis de aminoácidos y nucleótidos, así como el ensamble y actividad del ribosoma. La cepa SE016 ajusta su maquinaria traduccional para mantener la homeostasis bajo estrés osmótico, modulando rutas de señalización y respuesta ambiental para sobrevivir en condiciones hiperosmóticas.

Keywords: Transcriptómica, Multiestrés, Salmonella, Expresión génica
Financing: FONDECYT REGULAR 1210633FONDECYT REGULAR 1250419 Beca Asistencia para Doctorado Universidad Andres Bello
Acknowledgments: Dra. Claudia SaavedraDr. Gabriel KrugerDr. Juan Castro SeverynDra. Coral Pardo EsteDra(c) Francisca UrbinaDra(c) Sofía QuintanaDra(c) Katterinne MéndezBt. Nicolás AvilésLic. Catalina Kusch

PRODUCCIÓN Y PERFIL DE ÁCIDOS GRASOS EN *RHODOTORULA MUCILAGINOSA* BAJO DISTINTAS RELACIONES CARBONO/NITRÓGENO Y FUENTES DE CARBONO PARA SU POTENCIAL APLICACIÓN EN NUTRICIÓN ANIMAL

NICOLLE PARRA[1], Daniela Henriquez Cheuquepan[1], Ivis Paez Cartaya[2], Isis Paez Cartaya[1], Paola Diaz Navarrete[1]

(1) Universidad Católica de Temuco, Ciencias veterinarias, Recursos naturales, Temuco, Chile
(2) Universidad de la frontera, Departamento de ingeniería química, Ingeniería y ciencias, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

Las levaduras oleaginosas son una alternativa sostenible para producir aceites microbianos destinados a la nutrición animal. *Rhodotorula mucilaginosa*, reconocida por acumular lípidos y sintetizar ácidos grasos esenciales, se considera un organismo modelo en biotecnología. La relación carbono/nitrógeno (C/N) y la fuente de carbono son factores clave que determinan la lipogénesis y la calidad del perfil lipídico obtenido.

Se cultivó *R. mucilaginosa* en reactores de 2 L bajo distintas relaciones C/N y utilizando glucosa o melaza como fuentes de carbono. La biomasa se cuantificó mediante peso seco, los lípidos se extrajeron con el método de Bligh y Dyer (1959) y fueron caracterizados por cromatografía de gases. Se determinaron las proporciones relativas de ácidos grasos saturados (SAFA), monoinsaturados (MUFA) y poliinsaturados (PUFA), además de parámetros nutricionales como la relación PUFA/SAFA y el cociente linoleico/linolénico (LA/ALA).

La acumulación lipídica dependió de la condición de cultivo, alcanzando un máximo de 5,05 % en glucosa con C/N intermedia, mientras que valores más bajos se registraron en glucosa con C/N elevada (2,32 %) y melaza con C/N intermedia (2,40 %). Los SAFA representaron 21–25 %, con predominio de palmítico (16,0–18,7 %) y esteárico (2,9–4,2 %). Los MUFA constituyeron la fracción principal (38–53 %), destacando el ácido oleico, que alcanzó hasta 51,05 % en melaza, asociado a estabilidad oxidativa y aporte energético. Los PUFA fluctuaron entre 25 y 37 %, principalmente linoleico (19,3–26,55 %) y linolénico (hasta 10,58 % en glucosa). La condición con glucosa y C/N elevada mostró el perfil más equilibrado, con la mayor relación PUFA/SAFA (1,57) y el menor cociente LA/ALA (2,509), reflejando un balance ω-6/ω-3 favorable (Rosas-Paz et al., 2024).

Los hallazgos demuestran que tanto la fuente de carbono como la relación C/N modulan significativamente la acumulación lipídica y la composición de ácidos grasos en *R. mucilaginosa.* El predominio de MUFA y PUFA, junto con el bajo contenido de SAFA, confirma el potencial de esta levadura como fuente de lípidos funcionales para la formulación de dietas animales, contribuyendo a mejorar la calidad nutricional y la sostenibilidad de los sistemas productivos (Rosas-Mejía et al., 2024).

Keywords: Levaduras oleaginosas Aceites microbianos Fuente de carbono Lipogénesis Ácidos grasos esenciales
Financing: Fondecyt iniciaación 11240313

PHOTODYNAMIC ANTIMICROBIAL ACTIVITY AND MECHANISM OF ACTION OF POLYPYRIDYL-BASED RU(II) COMPLEXES AGAINST MULTIDRUG-RESISTANT *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

Matías Fabián Cuevas[1], Scarlet Vallejos-Monroy[1], Angélica R. Bravo[1], Iván A. González[2], Marcelo Rivas-Astroza[3], Christian Erick Palavecino[1]

(1) Universidad Central de Chile, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Lord Cochrane 418, Santiago, Chile
(2) Universidad Tecnológica Metropolitana, 3Departamento de Química, Facultad de Ciencias Naturales, Matemática y del Medio Ambiente, Las Palmeras 3360, Ñuñoa, Santiago 7800003, Santiago, Chile
(3) Universidad Tecnológica Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias Naturales, Matemática y del Medio Ambiente, Las Palmeras 3360, Ñuñoa, Santiago 7800003, Santiago, Chile

Background and Purpose: The rise of multidrug-resistant (MDR) bacteria poses a significant threat to global health. *Klebsiella pneumoniae*, a notable clinical pathogen, is particularly concerning due to its increasing antibiotic resistance. With few new drugs in development, antimicrobial photodynamic therapy (aPDT) has gained interest as a potential treatment for MDR bacteria. aPDT uses photosensitizers (PS) that, when activated by light, generate reactive oxygen species (ROS) capable of damaging essential bacterial components. Experimental Approach: We investigated the antimicrobial effects of two ruthenium-based photosensitizers, PSRu-379 and PSRu-381, against both MDR and susceptible *K. pneumoniae* strains, and examined their mode of action. Bacterial survival was measured after exposure to PSs activated with 61.2 J/cm² of blue light. ROS production was assessed using fluorescent probes, oxidative stress responses were analyzed via RT-qPCR and RNA sequencing, and cytotoxicity in human cell lines was tested. Key Results: The minimum effective concentration was 4 µg/mL for both PSs in the susceptible strain and 8 µg/mL in the MDR strains. ROS detection confirmed singlet oxygen as the main oxidative species. Transcriptomic analysis revealed increased expression of genes involved in sulfur assimilation and methionine metabolism (cys, met). Conversely, virulence-related genes associated with amino acid synthesis, capsule formation, and metal transport decreased. These findings suggest that aPDT not only kills bacteria but may also reduce their virulence. Importantly, PSRu-379 and PSRu-381 showed no toxicity to human cell lines Hep-G2, HEK-293, or SK-Mel-1. Conclusions and Implications: Overall, these compounds are promising candidates for adjunct antimicrobial therapy against MDR *K. pneumoniae* infections.

Keywords: Klebsiella pneumoniae, multidrug resistance, photodynamic therapy, RNA-seq
Financing: Fondecyt regular 1241555

ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DEL EXTRACTO DE CEBOLLA FRENTE A PATOGENOS DE IMPORTANCIA EN SALUD

Roger Alberto Palomino Huarcaya[1], Kevin Joel Goicochea Montenegro[2], Sheila Yemina Sánchez Cárdenas[2], Zulma Luzmila Cordova Urbano[2], Yover Cayao Huamán[2], Olivia Micaela Torres Pollo[2]

(1) Universidad Nacional Mayor de san Marcos, Laboratorio de Microbiologia y Biotecnologia Microbiana, Facultad de Ciencias Biologicas, Calle Germán amezaga 375. Cercado de Lima, Lima, Perú
(2) Universidad Privada de Huancayo Franklin Roosevelt, Escuela Profesional de Ciencias Farmaceútucas y Bioquímica, Facultad de Ciencias de la Salud, Av. Giráldez 542, Huancayo, Perú

Introducción: La resistencia antimicrobiana es una de las principales amenazas para la salud pública mundial, favorecida por el uso indiscriminado de antibióticos. En este contexto, los compuestos vegetales representan alternativas prometedoras gracias a sus metabolitos bioactivos. La cebolla (*Allium cepa L.*) es rica en flavonoides, compuestos azufrados y otros fitoquímicos que han sido asociados con efectos antimicrobianos, antioxidantes y antiinflamatorios. Metodología: Se realizó una prueba fitoquímica para la confirmación de metabolitos secundarios según Olga Lock. Se evaluó la actividad antimicrobiana de un extracto líquido de cebolla frente a *Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Pseudomonas aeruginosa, Enterococcus faecalis, Escherichia coli y Streptococcus pneumoniae*. Las cepas fueron reactivadas en caldo tripticasa soya y estandarizadas a densidad optica de 0.8 a 600 nm. El extracto se ensayó en concentraciones de 1%, 5%, 10% y 15% mediante difusión en agar Mueller-Hinton. Las cepas con inhibición visible fueron evaluadas mediante concentración mínima inhibitoria (CMI) y concentración mínima bactericida (CMB). Resultados: El análisis fitoquímico de este extracto confirmó la presencia de fenoles, flavonoides y saponinas, metabolitos que podrían explicar su acción biológica. El extracto de cebolla no mostró actividad frente a *K. pneumoniae, P. aeruginosa, E. faecalis, E. coli ni S. pneumoniae*. En contraste, S. aureus presentó halos de inhibición a 15%. La CMI frente a S. aureus fue de 18.8 mg/mL, con densidades ópticas < 0.09, mientras que concentraciones menores evidenciaron crecimiento. La CMB mostró un efecto bactericida a 75 mg/mL, reduciendo significativamente el número de colonias viables. Conclusión: El extracto de cebolla evidencia una actividad antibacteriana selectiva frente a Staphylococcus aureus, atribuible a la acción de metabolitos secundarios como flavonoides y compuestos azufrados identificados en el análisis fitoquímico. Estos hallazgos sugieren que Allium cepa posee un potencial terapéutico como fuente de fitobióticos contra bacterias Gram positivas, especialmente S. aureus. Su efecto inhibitorio y bactericida a concentraciones elevadas refuerza la necesidad de profundizar en la caracterización de sus compuestos activos para su aplicación en el control de patógenos resistentes.

Keywords: actividad antimicrobiana, extracto de cebolla, fitopreparado, bacterias patogenas, CMI
Financing: Financiamiento propio

Acknowledgments: Agradecemos a los docentes de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos por la asesoria en la realizacion del proyecto

PREVALENCIA DE STAPHYLOCOCCUS COAGULASA POSITIVO EN PERROS EN LA CIUDAD DE ANTOFAGASTA

Oscar Pereira Fernández[1], Patricio Vega Meneses[1], Catalina Pinto Ramos[1], María Teresa Zárate Peralta[1], Joselyne Gahona Rojas[1], Nicomedes Valenzuela-Lopez[1]

(1) Unidad de Microbiología, Dpto. Tecnología Médica, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Chile.

La microbiota ótica en perros presenta bacterias, hongos y parásitos. Esta puede verse alterada frente a reacciones alérgicas, neoplasias, cuerpos extraños, y por tratamientos empíricos en medicina veterinaria. La bacteria que más predomina en esta área corresponde a Staphylococcus, algunas de sus especies pueden presentar un factor de virulencia como la coagulasa.

El objetivo del presente trabajo fue identificar la prevalencia de las especies de Staphylococcus coagulasa positivos (CoPS) en perros de la ciudad de Antofagasta, y conocer su perfil de resistencia antibiótica mediante técnica Kirby Bauer. Se recolectaron muestras óticas de 60 individuos en medio Stuart. Estas fueron sembradas en Agar sangre y Tripticasa soya para aislamiento, y además se les realizó pruebas bioquímicas y moleculares para la identificación de las cepas.

Como resultado se obtuvieron 31 aislados, de los cuales se identificó un 39% de *Staphylococcus sciuri*, un 12,9% *Staphylococcus pseudointermedius*, un 9,6% de *Staphylococcus intermedius y Enterococcus faecium*, un 6,4% de Staphylococcus aureus, un 3,2% de *Staphylococcus saprophyticus y Micrococcus luteus*. Se detectó el hallazgo de 9 cepas pertenecientes al grupo CoPS, entre diversas especies, como *Staphylococcus aureus, Staphylococcus pseudointermedius y Staphylococcus intermedius*. En general, las cepas demostraron variada resistencia antibiótica. Los antibióticos que destacan corresponden a eritromicina con un 55,55% de resistencia y ampicilina con un 33,33% de resistencia. La especie que presentó un perfil antibiótico más resistente fue *Staphylococcus pseudointermedius*.

La prevalencia de CoPS en perros en Antofagasta evidenció la relación que existe de esta bacteria en el ambiente ótico y la otitis externa, identificando cepas con diversa resistencia antimicrobiana, generando un estado de alerta por su eventual propagación y el impacto que puede generar a nivel de salud pública. Los hallazgos encontrados visibilizan la importancia del adecuado manejo y uso de los antibióticos, la necesidad de incorporar o concientizar la importancia del antibiograma en infecciones a repetición, con el fin de disminuir la eventual propagación de bacterias multirresistentes. Es importante tomar a consideración en futuros estudios aumentar el número de muestras, testear diversas zonas del animal y su entorno, además del entorno en que se desenvuelven los médicos veterinarios.

Keywords: microbiota, Staphylococcus Coagulasa Positivo, resistencia antibiotica, Veterinaria, Salud animal

INSIGHTS INTO THE MOLECULAR EPIDEMIOLOGY OF CARBAPENEMASE-CARRYING PLASMIDS IN ENTEROBACTERALES ISOLATED FROM CHILEAN HOSPITALS

Nahuel Pilquinao[1], Camilo Berríos-Pastén[1], Nicolás Guerra[1], Matías Galvez[1], Rosalba Lagos[1], Francisco P. Chávez[2], Ingrid Araya[3], Daniel Ibañez[3], Rodrigo Iglesias[3], Pamela Araya[3], Aura Villamil[3], Juan Carlos Hormazábal[3], Andrés E. Marcoleta[1]

(1) Universidad de Chile, Grupo de Microbiología Integrativa, Facultad de Ciencias
(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Facultad de Ciencias
(3) Instituto de Salud Pública de Chile (ISP)

Introduction
Antimicrobial resistance (AMR) and especially carbapenem-resistant (CR) pathogens are a major global health threat and a critical priority for surveillance. Mobile genetic elements (MGEs), particularly plasmids, play a key role in the dissemination of AMR determinants. However, plasmid analysis is still challenging due to their high variability. To progress in this direction, we optimized a bioinformatic workflow for plasmid analysis and applied it to 23 CR Enterobacterales strains isolated from human infections in Chilean hospitals, collected as part of the ISP's National AMR surveillance, sequenced with Illumina and Nanopore platforms.

Methods
Hybrid genome assembly was performed with Hybracter. AMR detection and general annotation were done iteratively using Bakta, Diamond, and AMRfinder. Cluster construction, typing, and dimensionality reduction were carried out with MOB-suite and MGEcluster. Comparison with the PLSDB plasmid database was performed using Biopython and Polars. Further plasmidome dataset processing, filtering, and genomic visualization were performed in Python with Pandas, pyCirclyze, and Matplotlib. Based on annotation, a group of strains carrying plasmids with two carbapenemase alleles or non-frecuent genes was identified and labeled H-ISP23s.

Results
Dimensionality reduction analysis of the mobilome separated 3 consistent plasmid clusters encoding carbapenemase genes: p19-i1 (conjugative IncX3, NDM-7), p16-i2 (conjugative IncN, KPC-2), and p10-i3 (conjugative IncHI2A, VIM-1). Comparison with the PLSDB database indicated varying similarity levels between local plasmid clusters and MGEs reported worldwide. Annotation of all plasmids revealed carbapenem resistance profiles mediated by MGEs in each strain. The H-ISP23s strains carried up to three carbapenemases per genome and comprised plasmids from multiple clusters, some carrying two carbapenemase alleles within the same replicon. These included IncX3-NDM-7, IncN-KPC-2, IncHI2A-VIM-1 plasmids, plus singleton carbapenemase plasmids (VIM-2, KPC-2, KPC-14, NDM-5, KPC-66). The AMR profile and plasmids showed no taxon specificity, as the three main clusters comprised plasmids found in different species and STs, including Serratia, Enterobacter, Klebsiella, and Citrobacter.

Conclusion
Three dominant clusters of conjugative plasmids encoding carbapenemases and other

antimicrobial resistance factors were found across different species, suggesting a high dissemination potential, acting as reservoirs of carbapenem resistance in Chilean hospitals. The proposed workflow provides a high-resolution tool for plasmid surveillance in our local epidemiological context, contributing to public health decision-making.

Keywords: Antimicrobial resistance, Comparative genomics, Molecular epidemiology, Carbapenemases
Financing: FONDECYT 1221193FONIS SA24I0259

USO COMBINADO DE PROBIÓTICOS Y BACTERIÓFAGOS PARA EL CONTROL DE SALMONELLA ENTERICA

Alejandro Pinilla Ojeda[1,3], Claudia Infante[3], Raquel Quatrini[1,2], Soledad Ulloa[3], Pablo Cifuentes[3]

(1) Universidad San Sebastián, Ciencias
(2) Fundación Ciencia & Vida, Santiago, Chile
(3) Phage Lab SpA, Santiago, Chile

Introducción: La producción avícola es fundamental para cubrir la demanda mundial de proteína animal, pero enfrenta desafíos sanitarios como lo son las infecciones bacterianas. El uso excesivo de antibióticos ha favorecido la aparición de bacterias multirresistentes, como algunos serovares de Salmonella enterica, lo que urge desarrollar estrategias de control alternativas. Una opción es el uso de bacteriófagos, virus que infectan y eliminan bacterias de forma específica. Se han desarrollado cócteles de bacteriófagos eficaces contra Salmonella como iNSPEKTOR®, formulado por PhageLab. Sin embargo, su efectividad podría verse limitada tanto por la aparición de mecanismos de resistencia bacterianos anti-virus, así como por su alta especificidad, que reduce su eficacia frente a serovares emergentes. El uso de probióticos representa una estrategia complementaria para ampliar y modular el espectro de acción frente a Salmonella. La combinación de bacteriófagos y probióticos ha demostrado efectos complementarios y estudios han evidenciado que esta estrategia conjunta no solo mejora el control bacteriano, sino que también optimiza parámetros productivos y de salud intestinal, consolidándose como una nueva frontera en la lucha contra la resistencia antimicrobiana en la producción avícola.

Métodos: Se aislaron bacterias con potencial probiótico desde el tracto gastrointestinal de pollos, utilizando medio De Man–Rogosa–Sharpe (MRS). Los sobrenadantes libres de células (CFS) fueron evaluados mediante un cribado in vitro de alto rendimiento en placas multipocillo frente a serovares prevalentes de S. enterica. La inhibición se determinó por absorbancia (OD_{600}) y se confirmó mediante co-cultivos líquidos con células viables. La cuantificación de Salmonella (UFC/mL) se realizó mediante recuento diferencial en CHROMagar™ Salmonella Plus. Finalmente, se desarrollaron ensayos combinados entre los aislados con actividad inhibitoria frente a Salmonella y los bacteriófagos en medio líquido para evaluar su efecto conjunto sobre el crecimiento de Salmonella.

Resultados: Se aislaron 17 bacterias ácido-lácticas con actividad inhibitoria frente a Salmonella (por motivos de propiedad intelectual, no se detalla la identidad taxonómica específica). La combinación de bacteriófagos y cepas probióticas seleccionadas mostró un efecto inhibitorio aditivo frente a Salmonella.

Conclusión: Estos hallazgos apoyan que el uso de combinado de probióticos y bacteriófagos es eficaz para el control serovares de Salmonella prevalentes en industria avícola.

INNOVATIVE TYPE IIS-BASED ASSEMBLY TECHNIQUE FOR THE DEVELOPMENT OF NANOBODIES AGAINST THE VP2 PROTEIN OF IPNV

Camila Pino Belmar[1], Guillermo Valenzuela Nieto[2], Jaime Figueroa Valverde[1,3]

(1) Universidad Austral de Chile, Bioquímica y Microbiología, Facultad de ciencias, Valdivia, Chile
(2) Universidad San Sebastián, Facultad de ciencias de la Salud, Valdivia, Chile
(3) Centro interdisciplinario para la Investigación Acuícola (INCAR), Concepción, Chile

Infectious pancreatic necrosis virus (IPNV) poses a severe threat to salmon farming, causing high mortality rates and significant economic losses. To develop novel diagnostic tools and potential therapies, we designed a nanobody library targeting the VP2 protein of IPNV using an innovative assembly method based on Type IIS restriction enzymes. This strategy enables rapid generation of bacterial display libraries (2 days vs. ~2 weeks), with high efficiency and adaptability for subsequent cloning steps. After immunizing an alpaca with recombinant VP2, a library of 1×10^6 clones was constructed, enriched by density gradient, and screened by ELISA. Clone P9 was identified, showing high specificity and sensitivity for VP2, capable of recognizing the antigen in infected cells and tissue samples by immunofluorescence. This approach not only accelerates the production of high-quality nanobodies but also offers a versatile platform for developing diagnostic and therapeutic tools against emerging pathogens in aquaculture.

Keywords: IPNV, nanobodies, VP2, Type IIS, aquaculture.
Financing: Fondo de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT) Exploracion 13220075 FONDAP-ANID, grant number 1523A0007 POSDOC-677 TORADO ANID 3220635ANID doctoral Scholarship 21241768

ROL DE LOS ARNS NO CODIFICANTES LARGOS NEAT1 Y ZBTB11-AS1 Y SU RELACIÓN CON LA RESPUESTA INFLAMATORIA EN MICROGLÍAS INFECTADAS CON VIH-1, EN ESTADIOS DE REPLICACIÓN ACTIVO Y PERSISTENTE

Isidora Pittet Díaz[1], Camila Pereira Montecinos[2], Victoria Rojas Celis[1], Isidora Morales Vejar[1], Catalina Millán Hidalgo[1], Sebastián Reyes Cerpa[2], Daniela Toro Ascuy[1]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Pasaje las Encinas 3370, Santiago, Chile
(2) Universidad Mayor, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Camino La Pirámide 5750, Santiago, Chile

La infección por el virus de la Inmunodeficiencia Humana tipo 1 (VIH-1) en microglías puede inducir trastornos neurocognitivos asociados al VIH (HAND). Esta célula del sistema nervioso central confiere la primera línea de defensa del cerebro. Se ha descrito que la microglía puede ser infectada por VIH-1 en estadios de replicación activa, persistente o latente. En esta investigación se analizó la expresión diferencial de dos ARNs no codificantes largos (ARNncl), NEAT1 y ZBTB11-AS1 y se caracterizó la respuesta inflamatoria en estadio de replicación activo y persistente en microglías infectadas con VIH-1. Se utilizó la línea celular de microglías humanas C20, se evaluó la expresión de ARNncl y su localización subcelular mediante fraccionamiento celular seguido de RT-qPCR y se analizó la expresión de citoquinas inflamatorias mediante esta misma técnica. Los resultados mostraron que los niveles totales de ambos ARNncl disminuyeron en replicación activa y aumentaron en persistencia, NEAT1 aumenta su expresión en ambos estadios en el citoplasma y disminuye en el núcleo en células infectadas con respecto al control, de manera similar ZBTB11-AS1 disminuye su expresión en el núcleo en replicación activa en células infectadas. En la respuesta inflamatoria, se observó un aumento de IL-6, IL-8 e IL-23 en replicación activa y un incremento de TNF-α en persistencia. Estos hallazgos indican que los cambios en localización y expresión de NEAT1 y ZBTB11-AS1 varían según la etapa de infección y se asocian con un perfil inflamatorio, lo que sugiere su posible participación en la regulación inmune de las microglías infectadas por VIH-1.

Keywords: VIH-1, microglía, ARNs no codificantes largos, ZBTB11-AS1, NEAT1
Financing: FONDECYT REGULAR 1230809

DETERMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA DE ESPECIES BACTERIANAS DE LOS GÉNEROS *PSEUDOMONAS, BACILLUS Y STENOTROPHOMONAS*, CONTRA HONGOS FITOPATÓGENOS DE IMPORTANCIA AGRÍCOLA.

Claudio Pizarro Fernandez[1], Camila Moore[1], Sofia Conejeros[1], Rodrigo Herrera[1], Bernardo Latorre[1], Antonio Castillo[1]

(1) Universidad Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Alameda 3363, 9170022, Estación Central, Santiago, Chile

El control actual de hongos fitopatógenos se basa principalmente en el uso de fungicidas químicos sintéticos que, si bien son eficaces, presentan algunas desventajas, tales como potencial toxicidad, escasa biodegradabilidad y una corta vida útil, debido a que su uso indiscriminado promueve la selección de cepas fúngicas resistentes. Esto ha impulsado el desarrollo de estrategias de control biológico basadas en organismos silvestres, principalmente bacterias, que pueden inhibir el desarrollo micelial, la esporulación o incluso eliminar al patógeno.

En este trabajo se evaluó la actividad antifúngica de un biofungicida tribacteriano —cuyo principio activo corresponde a cepas de *Pseudomonas protegens, Stenotrophomonas rhizophila y Bacillus amyloliquefaciens*— frente a diversas especies de hongos fitopatógenos de importancia agrícola, tales como *Geotrichum candidum, Colletotrichum gloeosporioides, Monilinia fructicola, Chondrostereum purpureum, Pestalotia vaccinii y Rhizoctonia solani.* Mediante ensayos de antagonismo e inhibición de la germinación de esporas, utilizando tanto células bacterianas vivas como sobrenadantes de medios de cultivo enriquecidos con metabolitos antifúngicos, se demostró que el consorcio bacteriano presenta una elevada capacidad inhibitoria. Tanto las células bacterianas como los metabolitos secretados contribuyeron significativamente a suprimir el crecimiento micelial y la germinación de esporas fúngicas. En pruebas comparativas, el biofungicida tribacteriano mostró una eficacia superior a la de un biocontrolador comercial y equivalente a la de un fungicida químico sintético de referencia.

En conclusión, el biofungicida desarrollado demostró una alta eficacia contra un amplio espectro de hongos fitopatógenos. Su potencia antifúngica se atribuye al efecto sinérgico de un arsenal de metabolitos secretados por las cepas bacterianas, entre los que destacan diversos lipopéptidos y dipéptidos cíclicos, que inhiben tanto el crecimiento micelial como la germinación de las esporas fúngicas. Estos resultados posicionan al producto como un candidato ideal para programas de manejo integrado, con el potencial de reducir la dependencia de los agroquímicos. Futuras investigaciones se centrarán en optimizar su formulación y validar su eficacia en condiciones de campo para consolidar su adopción como una herramienta clave para una agricultura sostenible.

Keywords: Hongos fitopatogenos, *Stenotrophomonas, Pseudomonas, Bacillus*, Fungicidas
Financing: Trabajo financiado por el proyecto FONDEF IT24I0065.

DETECCIÓN Y CUANTIFICACIÓN DE CARBAPENEMASAS DE IMPORTANCIA CLÍNICA EN LA CUENCA DEL RÍO ACONCAGUA MEDIANTE QPCR

Johan Plaza Sepúlveda[1], Nicolás González[1], Eduardo Castañeda[1], Martin Alvarez[1], Jorge Olivares Pacheco[1]

(1) Pontificia universidad católica de Valparaíso, Ciencias, Instituto de biología, Valparaiso, Chile

La resistencia a los antibióticos es reconocida por la OMS como una de las mayores amenazas para la salud global, y los ecosistemas acuáticos se han identificado como reservorios y rutas de diseminación de bacterias resistentes y genes de resistencia. En Chile existe escasa información sobre su presencia y distribución en ríos con alto impacto antrópico.

Este estudio utiliza PCR en tiempo real (qPCR) como método sensible y cuantitativo para la detección de los genes que codifican para las carbapenemasas de relevancia clínica KPC, VIM y NDM en lel río Aconcagua (Región de Valparaíso), cuenca influenciada por una alta actividad de contaminación antrópica . Los carbapenémicos son antibióticos de última línea utilizados para tratar infecciones graves por bacterias multirresistentes, por lo que la presencia de genes que confieren resistencia a estos fármacos como las carbapenemasas implica una amenaza directa a la eficacia de las terapias disponibles.

El muestreo consistió en la toma de muestra de 1 L de agua en 13 puntos seleccionados a lo largo de la cuenca del río en primavera, verano, otoño e invierno. Mediante qPCR se cuantificaron los genes KPC y VIM en verano a lo largo del río. KPC se detectó en 7 puntos, con valores entre 3.3×102 y 7.0×104 copias/ng de ADN. El gen VIM estuvo presente en 3 puntos, con concentraciones entre 72 y 264 copias/ng.

La distribución de ambos genes fue heterogénea, pero su detección en múltiples sitios indica que el río actúa como un reservorio activo de determinantes de resistencia a carbapenémicos. Estos resultados, correspondientes a la temporada de verano, constituyen evidencia directa de la carga genética de resistencia clínicamente relevante presente en la cuenca y servirán de base para su comparación con otras estaciones, reforzando la necesidad de implementar medidas de vigilancia ambiental específicas para este tipo de determinantes.

Keywords: Resistencia antimicrobiana, Carbapenemasas, qPCR, Multi resistencia, Cuenca Aconcagua

CARACTERIZACIÓN BACTERIANA DE AISLADOS PROVENIENTES DE PACIENTES CON INFECCIONES FÚNGICAS.

Daniela Ponce Lopez[1], Peggy Vieille[2], Melissa Noguera[2], Sergio Carrasco-Anabalón Sergio[3], Alejandra Vera-Leiva[1]

(1) Universidad de Valparaíso., Departamento de Preclínicas, Área Bacteriología, Facultad de Medicina, Angamos 650, Reñaca, Viña del Mar, Chile
(2) Universidad de Valparaíso., Departamento de Preclínicas. Área de Micología, Facultad de Medicina, Angamos 650, Reñaca, Viña del Mar, Chile
(3) Universidad de Concepción, Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos, Facultad de Ciencias Biológicas, Edmundo Larenas 219, Concepción, Concepción, Chile

Background
Las lesiones cutáneas y ungueales ocasionadas por hongos dermatofitos pueden favorecer el desarrollo de coinfecciones bacterianas, que complican el cuadro clínico y afectan la evolución y el tratamiento. Entre las bacterias oportunistas más frecuentes se encuentran representantes del género *Pseudomonas sp.*, conocida por su versatilidad metabólica y resistencia a múltiples antimicrobianos. El objetivo de este trabajo fue identificar las bacterias presentes en las lesiones con sospecha de infección por dermatofitos y evaluar su perfil de resistencia a antimicrobianos, lo que permitirá aportar información relevante sobre los posibles agentes bacterianos asociados a este tipo de cuadros.

Methods
Se aislaron bacterias desarrolladas en el medio utilizado para el cultivo de hongos dermatofitos (Lactrimel con cloranfenicol (125 mg/mL)) en el Laboratorio Clínico UVClin. Los aislamientos se subcultivaron en Agar Tripticasa de Soya y medios selectivos/diferenciales (agar MacConkey, Cetrimida, Manitol Salado). La identificación preliminar se realizó mediante tinción de Gram y pruebas bioquímicas convencionales. Para la confirmación, se amplificó el gen ADNr 16S mediante PCR, y el amplicón fue secuenciado mediante el método de Sanger. El perfil de resistencia antimicrobiana se evaluó mediante el método de difusión en agar según la guía del CLSI (M100-Ed30).

Results
Se aislaron bacterias pertenecientes al género *Pseudomonas sp.*, incluyendo la especie *P. aeruginosa y P. oryzihabitans*, además de especies comensales como *Staphylococcus lugdunensis, Staphylococcus carnosus y Brevibacterium epidermidis*. Tres cepas de Pseudomonas exhibieron resistencia a múltiples antimicrobianos, incluyendo carbapenémicos de última línea (imipenem y meropenem). Estas cepas se consideraron multirresistentes (MDR), mostrando resistencia a monobactámicos, cefalosporinas, carbapenémicos y aminoglucósidos. No se detectaron cepas XDR o PDR.

Conclusion
El estudio evidenció la presencia de bacterias asociadas, principalmente del género

Pseudomonas sp., en lesiones fúngicas cutáneas y ungueales. La detección de cepas MDR, resistentes incluso a antibióticos de última línea, subraya la necesidad de un diagnóstico microbiológico integral y de evaluaciones periódicas de sensibilidad antimicrobiana para optimizar el manejo terapéutico. Estos hallazgos refuerzan la importancia de considerar coinfecciones bacterianas en el abordaje clínico de micosis superficiales para evitar fallas en los tratamientos.

Keywords: Microbiota cutánea, Pseudomonas, Multirresistencia (MDR), Dermatofitos, Antibiograma
Acknowledgments: Programa de Doctorado en Ciencias e Ingeniería para la Salud, Universidad de Valparaíso, Chile, Beca FIBUV y Laboratorio UVClin, Departamento de Preclínicas, Facultad de Medicina, Universidad de Valparaíso

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN BACTERIANA A LO LARGO DE UN GRADIENTE DE ARIDEZ ASOCIADAS A SUELOS DE LA REGIÓN DE COQUIMBO Y SU ROL COMO PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO VEGETAL.

Melissa Pozo Muñoz[1], Claudia Barraza[1], Veronica Plaza[1], Luis Castillo[1], Lorgio Aguilera[1]

(1) Universidad de La Serena, Biología, Ciencias, Raul Bitran 1305, La Serena, Chile

La región de Coquimbo presenta un gradiente de aridez que varía latitudinalmente y se caracteriza por escasas precipitaciones, alta radiación solar y un marcado déficit hídrico. En este contexto surge la interrogante de cómo se caracterizan las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) a lo largo de este gradiente y qué funciones ecológicas podrían desempeñar. El objetivo de esta investigación fue identificar y caracterizar las comunidades bacterianas rizosféricas presentes en diferentes niveles de aridez y evaluar su posible rol como PGPR.

Se recolectaron muestras de suelo rizosférico en siete sitios distribuidos a lo largo del gradiente de aridez, y se evaluó la abundancia y diversidad de las comunidades bacterianas. Estos datos se asociaron tanto a los índices de aridez como a las características físicas de cada sitio mediante el método de Análisis Funcional del Paisaje (LFA), el cual cuantifica infiltración, estabilidad y ciclaje de nutrientes. La integración de estos resultados permitirá relacionar la funcionalidad del suelo con la composición y los atributos funcionales de las comunidades bacterianas. Para el aislamiento de las rizobacterias se utilizaron cinco medios de cultivo diferenciales y no diferenciales (PDA, Pikovskaya, Urea, Ashby's y R2A), re-aislando las colonias morfológicamente distintas con reacciones positivas. La identificación genética se realizó mediante secuenciación del gen 16S rRNA.

En total se analizaron 111 aislados bacterianos: el 70% produjo ácido indolacético (AIA), el 11% solubilizó fosfatos, el 100% presentó capacidad de fijación de nitrógeno (aunque un 5% en bajo nivel), el 23% creció en concentraciones de 10% de NaCl y el 90% presentó el gen acdS, que codifica la enzima ACC desaminasa. Se identificaron especies como Serratia marcescens, Leminorella richardii, Bacillus sp., Ewingella americana, Saccharomyces eubayanus, Klebsiella oxytoca y Shigella sp. Las bacterias nativas evidenciaron una alta capacidad de adaptación, destacando un mayor porcentaje de aislados tolerantes a NaCl en los sitios del norte (Los Choros y La Higuera) y la presencia de bacterias fijadoras de nitrógeno en todas las zonas estudiadas, siendo Los Choros donde se registró la mayor abundancia. Estas características posicionan a estas comunidades como actores clave en los ciclos biogeoquímicos y en la funcionalidad del suelo.

Keywords: Gradiente de aridez, PGPR, método LFA, bacterias nativas
Financing: DIDULS PTE239, Laboratorio de biología y ecología de microorganismos y Laboratorio de biología molecular y bioquímica, Universidad de La Serena.

INMUNIDAD CONFERIDA POR CÉLULAS DENDRÍTICAS MICROENCAPSULADAS EN QUITOSANO FRENTE A ANTÍGENOS DE *BRUCELLA ABORTUS*

Bruno Prina[1], Leonardo A. Gómez[1]

(1) Laboratorio de Inmunología Molecular, Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile

Las células dendríticas son esenciales para la activación del sistema inmune debido a su función como células presentadoras de antígenos (APC). En este contexto, se evaluó la capacidad de células dendríticas derivadas de médula ósea, microencapsuladas en quitosano, para presentar antígenos y activar respuestas inmunes frente a antígenos de Brucella abortus. Estas células fueron administradas por vía subcutánea o intranasal, una vía no convencional, que busca aprovechar las propiedades del quitosano, un biomaterial que protege a las células y permite su adherencia a las vías mucosas. Para evaluar la eficacia de la microencapsulación, se utilizó la línea celular RAW 264.7 de macrófagos como modelo, obteniendo una tasa de encapsulación superior al 60%. Para visualizar las células encapsuladas, se empleó tinción con rojo Congo, y se demostró que las células microencapsuladas mantienen su viabilidad incluso después de pasajes celulares sucesivos. Posteriormente, las células dendríticas cargadas con antígenos de B. abortus fueron administradas y la inducción de una respuesta inmune (anticuerpos y proliferación de células T) fue analizada a través mediante ELISA y citometría de flujo, respectivamente. Adicionalmente, la migración de las células dendríticas microencapsuladas (CFSE+) en la cavidad nasal fue estudiada mediante citometría de flujo. Los resultados mostraron que alrededor del 25% de las células generadas poseen el marcador CD11c+, característico de las células dendríticas. Además, aproximadamente un 12% de las células CFSE+ migraron hacia los ganglios linfáticos cervicales y un 8% se localizaron en la mucosa nasal. <1% de células dendríticas sin encapsular fueron identificadas. La respuesta inmune generada fue caracterizada por la inducción de anticuerpos y la proliferación de células antígeno específicas. Estos resultados sugieren que la encapsulación de células dendríticas en quitosano permite administrar células a través de una vía no convencional como es la cavidad nasal, protegiéndolas de las condiciones adversas y facilitando su migración hacia los tejidos linfoides asociados a la cavidad nasal. Además, estas células fueron capaces de generar una respuesta inmune frente a los antígenos de B. abortus, lo cual sugiere que la administración de células dendríticas cargadas con antígenos puede ser una estrategia eficiente para el control de infecciones crónicas.

Keywords: Células dendríticas, Inmunidad celular, Brucella abortus, Microencapsulación, Inmunidad de mucosas
Financing: Fondecyt de Iniciación 11240107.

UNCOVERING VIRULENCE POTENTIAL IN ANTARCTIC SOIL MICROBIOMES THROUGH CULTIVABLE DIVERSITY AND FUNCTIONAL METAGENOMICS USING *DICTYOSTELIUM DISCOIDEUM*

Ian Pérez Ramírez[1], Belén Andrade[1], Javiera Castillo[1], Matías Gálvez[2], Patricio Arros[2], Jacquelinne Acuña[3], Verónica Cambiazo[4], Milko Jorquera[3], Andrés E. Marcoleta[2], Francisco P. Chávez[1]

(1) University of Chile, Department of Biology, Faculty of Sciences; Systems Microbiology Laboratory (SysmicroLab), Las Palmeras 3425, comuna Ñuñoa, Edificio milenio, tercer piso, Santiago de Chile, Chile
(2) University of Chile, Department of Biology, Faculty of Sciences; Integrative Microbiology Group
(3) University of La Frontera, Laboratory of Applied Microbial Ecology (EMALAB), Scientific and Technological Center of Bioresources (BIOREN)
(4) University of Chile, Laboratory of Bioinformatics and Gene Expression, National Institute of Food Technology, INTA.

Climate change is rapidly transforming the Antarctic Peninsula, accelerating glacial retreat and permafrost thawing. These environmental shifts are expanding ice-free areas and exposing previously isolated ecological niches, reshaping soil microbial communities and potentially favoring the emergence of competitive and opportunistic microorganisms. This scenario offers a unique opportunity to explore novel microbial functions, including antibiotic resistance and virulence.

This study aimed to explore the virulent potential of Antarctic soil microbiomes by integrating metagenomic and phenotypic approaches, using *Dictyostelium discoideum* as a functional model for bacterial virulence screening. A metagenomic library was constructed using pooled environmental DNA (eDNA) extracted from ice-free Antarctic soils and cloned into Escherichia coli. High-throughput sequencing revealed extensive microbial diversity, including gene clusters encoding secretion systems, toxins, and stress-response pathways associated with pathogenicity. Many putative virulence genes showed low similarity to known sequences, suggesting uncharacterized genetic determinants.

To functionally validate these findings, we employed D. discoideum, a social amoeba that feeds on bacteria through phagocytosis, using the DIVA (Dictyostelium-based Indicator of Virulence Assay) platform developed by our group. We screened the metagenomic library for clones showing altered interactions with D. discoideum, identifying bacterial constructs capable of evading phagocytosis or persisting intracellularly — key indicators of virulence. In parallel, culturable bacteria were obtained from the same soil samples and subjected to phenotypic screening with D. discoideum.

Our observations demonstrated that D. discoideum acts as a selective pressure on the bacterial community, leading to the disappearance of phagocytosis-susceptible species and the proliferation of others, potentially representing pathogens or opportunists. This

selection was consistent with the presence of virulence-associated genes found in both the metagenomic data and the genomes of phenotypically virulent isolates. Virulence-positive isolates were selected for whole-genome sequencing to enable taxonomic identification and correlation with metagenomic candidates.

Altogether, these findings demonstrate that ice-free Antarctic soils harbor a rich reservoir of previously unknown virulence factors. The agreement between metagenomic predictions and functional phenotypes supports the use of *D. discoideum* as a valuable tool for discovering novel microbial traits in extreme environments, with significant implications for understanding host-pathogen evolution and identifying new targets in biomedical and industrial biotechnology.

Keywords: Antarctic microbiome, Cultivable Diversity, Functional metagenomics, Dictyostelium discoideum, Virulome
Financing: Project Anillo ACT210044; ANID Ph.D. Scholarship 2022-21232343

TOXINA HICA DEL PLÁSMIDO DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS PJIE143. CARACTERIZACIÓN DE LA PRIMERA TOXINA DE UN SISTEMA TOXINA-ANTITOXINA HICAB PLASMIDIAL.

Valeria Pérez Villalobos[1], Paula Bustamante[1]

(1) Molecular and Cellular Microbiology Laboratory, Instituto de Ciencias Biomédicas, Centro de Investigación e Innovación, Universidad Autónoma de Chile, Santiago, Chile

Los plásmidos conjugativos, son los principales vehículos de transferencia horizontal de genes de resistencia a antibióticos entre bacterias. Debido a su gran tamaño y bajo número de copias, muchos de estos plásmidos codifican mecanismos de mantención como los sistemas toxina-antitoxina (TA). Los sistemas TA de tipo II consisten en dos proteínas codificadas en un operón: una toxina que interfiere con distintos procesos celulares y una antitoxina que la neutraliza mediante la formación de un complejo proteico. Aunque existen múltiples sistemas TA descritos, los codificados en plásmidos permanecen poco explorados.

El plásmido pJIE143 (IncX4), aislado de una cepa clínica de *Escherichia coli* ST131, codifica un sistema HicAB (pHicAB) que, si bien no participa en la mantención plasmidial, se encuentra altamente conservado entre plásmidos IncX4, lo que sugiere una función relevante aún no descrita. En este estudio, se realizó la caracterización in silico y experimental de la toxina HicA (pHicA) codificada en este plásmido. Los análisis bioinformáticos incluyeron alineamientos de secuencias y predicción de estructura secundaria utilizando herramientas como NCBI, Clustal Omega, ESPrit 3.0 y PSIPRED. Molecularmente, el gen hicA se clonó en un vector de expresión (pRSF-Duet-1) solo y en conjunto con su antitoxina hicB. Las proteínas recombinantes se expresaron y purificaron por cromatografía de afinidad (IMAC) y se evaluó su actividad enzimática como RNasa o DNasa.

pHicA posee un 47% de identidad con su homóloga cromosomal y carece de residuos catalíticos conservados en otras toxinas HicA, aunque mantiene su estructura secundaria. El clonamiento de hicA solo fue exitoso en presencia de hicB, lo que evidencia su alta toxicidad. Se logró purificar la toxina libre a través de una estrategia en condiciones desnaturantes y renaturación. Sorprendentemente, los ensayos funcionales demostraron que pHicA presenta actividad RNasa y DNasa, aunque carece del residuo His catalítico, degradando RNA total de E. coli y DNA plasmidial. Este trabajo representa la primera caracterización de una toxina HicA plasmidial, revelando su actividad enzimática y toxicidad. Nuestros resultados resaltan la importancia de estudiar los sistemas TA plasmidiales, los cuales pueden tener una función biológica más allá de la mantención plasmidial.

Keywords: HicA, Toxina-antitoxina (TA), *Escherichia coli,* RNasa/DNasa, Plásmidos conjugativos
Financing: Proyecto Fondecyt 11230634

GENES DE PERSISTENCIA DE *CLOSTRIDIOIDES DIFFICILE* R20291 REGULAN LA FORMACIÓN DE CÉLULAS PERSISTENTES Y FENOTIPOS ASOCIADOS A LA VIRULENCIA

Camila Queraltó[1,2], Magdalena Ibañez[2], Giuliana Torres[2], Catalina Rojas[2], Fernando Gil[2]

(1) Universidad Andrés Bello, Ciencias de la Vida
(2) Universidad de los Andes, Center for Biomedical Research and Innovation (CIIB)

La persistencia bacteriana es un mecanismo en el cual una subpoblación de células entra en un estado metabólicamente disminuido que le permite sobrevivir a concentraciones elevadas de antibióticos. En *Clostridioides difficile*, este fenómeno puede contribuir a la recurrencia de la infección, aunque los mecanismos implicados no han sido completamente caracterizados. En trabajos previos, nuestro grupo demostró que la exposición a pefloxacino a 50× MIC induce la formación de células persistentes en la cepa R20291, y que estas presentan una sobreexpresión de genes asociados a sistemas toxina antitoxina, peptidasas y chaperonas. En este estudio evaluamos el rol funcional de estos genes en la formación de persistentes y en fenotipos asociados a la virulencia de la bacteria. A partir de los resultados de expresión génica en celulas persistentes, seleccionamos los genes *clpC, clpP1, clpP2 y relBE* para la construcción de mutantes. Las cepas mutantes fueron generadas mediante recombinación homóloga. Posteriormente, se evaluó su capacidad para formar células persistentes bajo tratamiento con pefloxacino 50×, junto con la caracterización de fenotipos asociados a la virulencia, incluyendo formación de biopelículas, motilidad y citotoxicidad. Los ensayos de persistencia mostraron que las cuatro cepas mutantes una disminución significativa en la formación de células persistentes en comparación con la cepa silvestre. Respecto a los fenotipos de virulencia, observamos que las mutantes *ΔclpP2 y ΔclpC* presentaron un aumento en la formación de biopelículas, mientras que ΔrelBE mostró una disminución. En los ensayos de motilidad, *ΔclpP2* presentó una reducción significativa de halos de desplazamiento, mientras que *ΔrelBE* mostró un incremento respecto a la cepa silvestre. Finalmente, en la evaluación de citotoxicidad sobre células epiteliales, las mutantes *ΔclpP2* y *ΔclpC* exhibieron una disminución de la actividad citotóxica, mientras que *ΔrelBE* mantuvo niveles comparables a la cepa silvestre. En conclusión, nuestros resultados demuestran que genes asociados a persistencia en *C. difficile* no solo participan en la supervivencia frente a antibióticos, sino que también modulan fenotipos de virulencia como la biopelícula, la motilidad y la citotoxicidad. Esto refuerza la hipótesis de un rol dual de estos genes y sugiere que podrían constituir nuevos blancos terapéuticos para prevenir la recurrencia de la infección.

Financing: Fondecyt Regular #1250831

INHIBICIÓN DE B-LACTAMASAS DE ESPECTRO REDUCIDO RESTAURA LA SUSCEPTIBILIDAD A CARBAPENÉMICOS EN *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* NO PRODUCTORA DE CARBAPENEMASAS

Ana María Quesille-Villalobos[1], Consuelo Bolívar[3], Nicolás Canales[3], Ana María González[2], Rodrigo Martínez[2], Juan J. Nicolai[2], Juan Ugalde[3], Camila Solar[2], José Munita[2]

(1) Universidad de las Américas, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Providencia, Santiago, Chile
(2) Universidad del Desarrollo, GeRM, ICIM, AVENIDA LA PLAZA 680, Santiago, Chile
(3) Universidad Andrés Bello, Ciencias de la Vida, República 440, Santigo, Chile

Introducción: La resistencia a los carbapenémicos es uno de los problemas de salud más serios en la actualidad. *Klebsiella pneumoniae* (Kpn) resistente a carbapenémicos está catalogada por la OMS como patógeno crítico, y en los últimos años se han reportado casos de aislados no productores de carbapenemasas (NCP-Kpn) que desarrollan resistencia a carbapenémicos (RC) in vivo. En este sentido, nuestro grupo ha estudiado el impacto de avibactam (AVI), un inhibidor de β-lactamasas, como posible solución al desarrollo de RC en NCP-Kpn. Metodología: Se utilizó un aislado de Kpn susceptible a imipenem (IPM) proveniente de un paciente con bacteremia (SCL1423). Se evaluó el desarrollo fenotípico de RC mediante ensayos de evolución adaptativa de laboratorio (EAL) en presencia de concentraciones crecientes de IPM o IPM/AVI durante siete días. La estabilidad del fenotipo resistente se evaluó en ausencia de IPM por 16 días. Se determinaron las concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) de IPM, meropenem (MEM) y ertapenem (ERT). Finalmente, evaluamos los cambios en el nivel de expresión de *blaCTX-M-2, blaCTX-M-15, blaOXA-1 y blaOXA-10* mediante qPCR. Todos los ensayos fueron realizados por triplicado biológico . Resultados: El aislado SCL1423 aumentó 16 veces su CMI a IPM de 0,5 µg/mL a 8 µg/mL tras siete días de pasajes seriados; también se incrementaron las CMI a MEM en 8 veces y ERT el doble. La resistencia se mantuvo constante en ausencia de IPM. En presencia de AVI, los aislados recuperaron la susceptibilidad a IPM y MEM. La incorporación de AVI en el EAL modificó la cinética de resistencia: NCP-Kpn no desarrolló RC y mantuvo su CMI inicial por ≥4 pasajes, mostrando la capacidad de AVI para evitarla. Finalmente, la exposición a 32×CMI de IPM elevó la expresión exclusivamente de *blaOXA-1*, mientras que con IPM/AVI aumentó la expresión de todos los genes evaluados, destacando nuevamente *blaOXA-1.* Conclusión: La presencia de β-lactamasas de espectro reducido como *blaOXA-1* juega un rol relevante en la adquisición de resistencia a IPM en NCP-Kpn. Sin embargo, la combinación de carbapenémicos con inhibidores de β-lactamasas, como AVI, podría constituir una estrategia efectiva para prevenir el desarrollo de RC en NCP-Kpn.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, Resistencia a carbapenémicos, betal-lactamasas, Avibactam
Financing: FONDECYT Nº 3220577FONDECYT Nº 1211947
Acknowledgments: Laboratorio de Genómica y Resistencia Antimicrobiana GeRM

BETALACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO Y CARBAPENEMASAS EN BACILOS GRAM NEGATIVOS NO FERMENTADORES AISLADOS DE AGUAS RESIDUALES DEL GRAN CONCEPCIÓN

Tamara Quilodrán Salazar[1], Cristobal Aguayo Garrido[1], Franco Amilcar Ilabaca Carrasco[1], Claudia Torres Bustos[1], Gerardo González Rocha[1], Andrés Felipe Opazo-Capurro[1]

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología. Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Víctor Lamas 1290, CONCEPCIÓN, Chile

Background:
La resistencia a antibióticos constituye una amenaza creciente para la salud pública, favorecida por la diseminación de bacterias resistentes en el ambiente, incluyendo las aguas residuales (AR). Los bacilos Gram negativos pueden actuar como reservorio de mecanismos de resistencia y sobrevivir a los procesos de tratamiento de las AR, liberarse al ambiente y entrar en contacto con animales y personas. El análisis de la resistencia en AR constituye un indicador de los índices comunitarios de resistencia y una herramienta para evaluar la eficacia de las plantas de tratamiento como barreras sanitarias.

Methods:
Se recolectaron muestras de afluente y efluente de AR del Gran Concepción. A partir de éstas se aislaron bacilos Gram negativos no fermentadores (BGNNF), que se caracterizaron por tinción de Gram y prueba O/F glucosa, y se identificaron por MALDI-TOF o secuenciación del gen 16S rRNA. La susceptibilidad se evaluó mediante método de difusión en disco, usando 17 antibióticos de distintas familias, incluidos carbapenémicos y cefalosporinas de tercera generación (C3G). Posteriormente, se investigó la presencia de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y carbapenemasas mediante pruebas como Blue-Carba y métodos fenotípicos de detección de BLEE y AmpC.

Results:
Se obtuvieron 57 BGNNF de glucosa: 22 oxidasa negativo identificados como *Stenotrophomonas maltophilia* y 34 oxidasa positivo pertenecientes a los géneros *Pseudomonas y Comamonas. S. maltophilia* presentó resistencia a múltiples antibióticos, incluidos carbapenémicos, por la producción constitutiva de las carbapenemasas intrínsecas L1 y L2. Los perfiles de susceptibilidad de los otros aislados mostraron elevada resistencia a representantes de varias familias, destacando C3G y carbapenémicos, asociada a la presencia de BLEE y carbapenemasas adquiridas.

Conclusión:
Los resultados confirman la presencia de BGNNF productores de BLEE en AR del Gran Concepción, tanto en afluente como en efluente. Estos hallazgos evidencian que las aguas residuales pueden actuar como reservorio y fuente de diseminación de la resistencia a los antibióticos. De igual modo, es posible afirmar que BGNNF pueden resistir los procesos de

tratamiento y alcanzar el ambiente, lo que plantea un riesgo para la salud pública dentro del enfoque One Health.

Keywords: Aguas residuales, resistencia a antibióticos, Carbapenemasas, Betalactamasas, BLEE
Financing: Proyecto FONDEF ID23I10264

CORRELACIÓN ENTRE VIRUS RESPIRATORIOS CIRCULANTES Y LA MICROBIOTA NASOFARÍNGEA EN ESCOLARES DE LA REGIÓN METROPOLITANA DE CHILE.

Sofia Quintana[1], Juan Castro-Severyn[1], Gabriel Krüger[1], Nicolas Aviles[1], Aldo Gaggero Brillouet[2], Francisca Urbina Arce[1], Catalina Kusch[1], Ana Oviedo Bustos[1], Claudia Saavedra Paz[1]

(1) Universidad Nacional Andrés Bello, Laboratorio de Mirobiologia Molecular, Republica, Republica 330, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Virus Ambientales, Facultad de Medicina, Av. Independencia 1027, Santiago, Chile

Introducción
Durante la pandemia de COVID-19, la circulación de otros virus respiratorios disminuyó drásticamente, llegando en algunos casos a no ser detectados por la vigilancia centinela del MINSAL. Tras el levantamiento de las medidas de confinamiento, estos virus aumentaron, superando los niveles prepandémicos. En este contexto, los ambientes escolares favorecen la transmisión viral debido a la alta densidad de ocupantes y ventilación deficiente. Por otro lado, La microbiota nasofaríngea está en constante interacción con estos virus por lo que este trabajo busca evaluar como impactan en la composición microbiana de la nasofaringe en niños escolares.

Metodología
El estudio incluyó escolares de 4 a 13 años de la Escuela Rebeca Matte (Renca, RM) con el objetivo de evaluar la circulación viral y su relación con el entorno escolar. La detección de virus se realizó mediante el kit NamuPlex™ Viral Respiratory 20 Real-time PCR. El proyecto abarca los años 2023 y 2024 donde se realizaron tres campañas anuales; otoño, invierno y primavera. Los perfiles microbianos se caracterizaron mediante secuenciación de ARNr 16S en todas las campañas de 2023 y en otoño–invierno de 2024. Los perfiles de aire y agua se obtuvieron para 2023 y 2024.

Resultados
En 2023 se recolectaron 183 hisopados, de los cuales 53 fueron positivos (28,96%); en 2024 se obtuvieron 206 muestras, con 67 positivas (32,52%). El virus más frecuente fue rinovirus (31,2% en 2023; 41,2% en 2024), seguido por HCoV-OC43 (20,3% en 2023) y VRS-A (9,8% en 2024). La positividad aumentó de otoño a invierno, pasando de 20,59% a 32,79%, y en primavera fue de 29,55%. En la microbiota nasofaríngea de 2023, Streptococcus aumentó de 17% en otoño a 28% en invierno y 30% en primavera, mientras que Proteus disminuyó de 24% a 4% y no se detectó en primavera.

Conclusión
El estudio evidenció una relación entre la positividad de virus respiratorios estacionales y los cambios en la microbiota nasofaríngea escolar, como ocurre con Streptococcus donde el aumento en su abundancia relativa se debería al aumento en circulación viral. Además, la transición de otoño-invierno impacta considerablemete tanto en la circulación viral como

en la composición y dinámica de la microbiota nasofaríngea.

Keywords: Virus respiratorios, Niños Escolares, Microbioma Nasofaríngeo, Dinámica Nasofaríngea
Financing: Proyecto Anillo ATE220007
Acknowledgments: Quisiera agradecer al Laboratorio de Microbiología y a todos sus integrantes. Tambien agradecer al Proyecto Anillo ATE220007 por financiar mi tesis, así como a la Universidad Nacional Andrés Bello (UNAB) por otorgarme la beca de mantención durante mi doctorado.

SUSCEPTIBILIDAD A ANTIBIÓTICOS Y DESINFECTANTES EN BACTERIAS DE SEDIMENTO MARINO PROVENIENTES DE CENTROS DE CULTIVO DE SALMÓN EN LA REGIÓN DE LOS LAGOS, CHILE

Monserrat Quiroga Ceballos[1,2,3], Victoria Mardones Verdugo[1,2], Andres Opazo Capurro[1,2], Gerardo González Rocha[1,2], Selim Musleh Vega[4]

(1) Universidad de Concepción, Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Concepción, Chile
(3) Universidad de Concepción, Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción, Chile
(4) Instituto del Fomento Pesquero (IFOP)

Introducción: En Chile, la industria salmonera se ha consolidado como una de las más relevantes a nivel mundial; sin embargo, la intensificación productiva ha favorecido la propagación de enfermedades bacterianas. En este contexto, el uso de antibióticos constituye una herramienta clave para el control sanitario, mientras que los biocidas, especialmente desinfectantes, son esenciales para mantener la inocuidad del proceso y prevenir la diseminación de patógenos microbianos. Dado lo anterior, estudiar bacterias presentes en sedimentos marinos expuestos a distintos regímenes de uso de antibióticos permite evaluar su potencial resistencia a antibióticos y desinfectantes. El objetivo de este trabajo fue evaluar y comprar los perfiles de resistencia a antibióticos y desinfectantes en bacterias aisladas desde sedimentos marinos de centros de cultivo de salmón con distinto historial de uso de antibióticos.

Materiales y métodos: Se analizaron muestras de sedimentos marinos procedentes de centros de cultivo clasificados según su nivel de exposición a antibióticos (alto, bajo y prístino). Las muestras se sembraron en agar TSA + NaCl 1,5% y se incubaron a 15°C por 48 h. Se seleccionaron distintos morfotipos bacterianos y se evaluó la susceptibilidad a siete antibióticos utilizados en la industria del salmón: tilmicosina, florfenicol, oxitetraciclina, ácido oxolínico, flumequina, eritromicina y amoxicilina, mediante antibiogramas y calculando el índice MAR (Multiple Antibiotic Resistance) e IRA (Índice de resistencia a antibióticos). Para tres desinfectantes (hipoclorito de sodio, peróxido de hidrógeno y amonio cuaternario) se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) mediante dilución seriada en caldo.
Resultados: De 43 aislados, 37 correspondieron a Gram negativos, principalmente, bacilos no fermentadores de azúcares. En los tres sitios analizados, un 26% presentó halos de inhibición ≤ 14 mm, sugiriendo posibles de mecanismos de resistencia. Se observó una susceptibilidad reducida principalmente frente a ácido oxolínico, florfenicol, flumequina, tilmicosina y eritromicina. Los valores de MAR e IRA no mostraron diferencias significativas entre sitios. Todos los aislados fueron susceptibles a los desinfectantes evaluados, sin evidenciar correlación entre resistencia a antibióticos y biocidas.

Conclusión: La resistencia a antibióticos se presentó en los tres sitios sin variaciones relevantes según historial de exposición y todas las cepas analizadas fueron susceptibles a los desinfectantes evaluados.

Keywords: Resistencia antibiótica, Resistencia a desinfectantes, Salmonicultura, Sedimentos marinos
Financing: Proyecto FONDEF IDeA ID23I10264

MICROENCAPSULACIÓN DE ACEITES ESENCIALES DE *ORIGANUM VULGARE* L. Y *MINTHOSTACHYS MOLLIS*: PROPIEDADES FISICOQUÍMICAS Y ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA

Luz Maribel Quispe Sanchez[1,2], Laydy Mena Chacon[1], Daniel Medina Bocanegra[4], Ingrid M. Iliquin-Inga[1], Robin Oblitas[2], Fiorela Chicana[2], Angel Fernando Huaman-Pilco[3], Elgar Hernandez Diaz[2], Manuel Oliva-Cruz[2]

(1) Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Escuela de Posgrado Programa Doctoral en Ciencias para el Desarrollo Sustentable, Facultad de Ingeniería Zootecnista Biotecnología Agronegocios y Ciencia de Datos, Jr. Universitaria N° 304, Chachapoyas, Perú
(2) Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Grupo de Investigación en Biopolímeros, Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva, Facultad de Ingeniería Zootecnista Biotecnología Agronegocios y Ciencia de Datos, Chachapoyas, Perú
(3) Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Grupo de Investigación en Patología Intracelular de Plantas, Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva, Facultad de Ingeniería Zootecnista Biotecnología Agronegocios y Ciencia de Datos, Chachapoyas, Perú
(4) Universidad Nacional de Trujillo, Escuela de Ingeniería Agroindustrial, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Av. Juan Pablo II S/N, Trujillo, Perú

The essential oils of Origanum vulgare L. (orégano) and Minthostachys mollis (Kunth Griseb) (muña) have been recognized for their antimicrobial and antioxidant properties; however, their direct application is limited by high volatility, low solubility in aqueous media, and sensitivity to environmental factors. The objective of this study was to characterize the essential oils of *O. vulgare and M. mollis*, microencapsulate them, and evaluate the antimicrobial effect of the microcapsules against the bacteria *Escherichia coli and Staphylococcus aureus*, as well as against the phytopathogenic fungus *Botrytis cinerea*. Using gas chromatography coupled with mass spectrometry (GC-MS), 53 volatile compounds were identified in O. vulgare oil and 56 in M. mollis oil, with oxygenated monoterpenes such as linalool, verbenone, and linalyl acetate predominating. Microcapsules made with M. mollis oil showed greater encapsulation efficiency (87 ± 2 %) and yield (19 ± 3 %) compared to those made with O. vulgare (72 ± 3 % and 16 ± 2 %). Both formulations exhibited high water solubility (>83 %), low water activity (<0.3), uniform spherical morphology, and adequate thermal stability, as determined by DSC, XRD, and TGA analyses. The essential oils in their free form exhibited high antioxidant capacity (59 ± 2 mg Trolox equivalents per gram). Free essential oils (OEO, MEO) exhibited lower MIC and MBC against S. aureus and E. coli compared to their microencapsulated counterparts (OM, MM), with significant differences. Nevertheless, due to the controlled release of active compounds, they maintained consistent antimicrobial action. In addition, M. mollis microcapsules stood out for their greater stability in terms of water activity and improved optical properties, reinforcing their potential application in sustained-release systems and functional matrices with prolonged bioactive activity.

Keywords: Antimicrobial activity, Spray drying, β-cyclodextrin, Microencapsulation, Essential oils
Financing: The authors would like to thank the Doctoral Program in Sciences for Sustainable Development at the Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, (CONCYTEC) and the (PROCIENCIA), within the framework of Call E033-2023-01-BM
Acknowledgments: The authors would like to thank the Doctoral Program in Sciences for Sustainable Development at the Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, (CONCYTEC) and the (PROCIENCIA), within the framework of Call E033-2023-01-BM

DEVELOPMENT OF AN OPTIMIZED METHODOLOGY FOR THE PURIFICATION OF EXTRACELLULAR VESICLES PRODUCED BY THE SOCIAL AMOEBA *DICTYOSTELIUM DISCOIDEUM.*

Fernanda Quiñones-Ibarra[1], Francisco P. Chávez[2], Paulina Aguilera-Cortés[1], Andrés E. Marcoleta[1]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Grupo de Microbiología Integrativa, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Santiago, Chile

Dictyostelium discoideum is a social amoeba considered a model for macrophages and neutrophils. It has been reported that vegetative cells of *D. discoideum* release extracellular vesicles (EVs) as a mechanism of detoxification and intercellular communication. In neutrophils, EVs release is one of the responses against infection. Due to the great variety of EVs, there are different methodologies for their isolation, and the choice depends on their characteristics and desired yield. In *D. discoideum* there is no established method for their isolation, and in some cases, it has been observed that the obtained EVs only represent a low percentage of the total amount present in the extracellular medium. Therefore, we developed a method for EVs purification and enrichment by differential centrifugation combined with Tangential Flow Filtration (TFF) and ultracentrifugation (UC). To characterize the EVs, transmission electron microscopy (TEM) and nanoparticle tracking analysis (NTA) were used. The exclusive use of TFF did not allow visualization of EVs through TEM, while with UC they were visualized in low abundance. Both methodologies were combined, as TFF allows for a more efficient reduction of the volume of the starting medium. In this way, a greater number of EVs of different sizes were visualized by TEM, which agrees with the NTA results: diameter range 50-500 nm; diameter mode: 125.3 nm; concentration: 6.62 x 109 particles/mL. These results were consistent with what has been previously reported. Altogether, the combination of TFF and UC was established as the optimal methodology for EVs enrichment from *D. discoideum.* The UC step at the end is essential for EVs recovery, and the use of TFF prior to UC allows the removal of low molecular weight contaminants, thus increasing the purity of the sample. The establishment of an optimal protocol for EVs enrichment will allow the study of their composition and possible function in various biological processes.

Keywords: Extracellular vesicles, *Dictyostelium discoideum*
Financing: FONDECYT 1221193, FONDECYT Postdoctorado 3240534

GENOMIC EPIDEMIOLOGY AND PHYLOGEOGRAPHIC DYNAMICS OF SARS-COV-2 IN CHILE: INTEGRATING BAYESIAN EVOLUTIONARY ANALYSIS, MOBILITY DATA, AND NON-PHARMACEUTICAL INTERVENTIONS.

Ignacio Ramos-Tapia[1,3], Lissette Ulloa[2,3], Francisco Fuentes[1,3], Cecilia Vial[2,3], Juan A. Ugalde[1,3]

(1) Universidad Andres Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias de La Vida, Republica 330, Santiago, Chile
(2) Universidad Del Desarrollo, Programa Hantavirus y Zoonosis, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina, Faculta de Medicica - Clínica Alemana Universidad del Desarrollo, Avenida Plaza 680, Las Condes, Santiago, Chile
(3) Universidad del Desarrollo, GENomic Epidemiology in Emergent Diseases (GENE2DIS), Proyecto Anillo ATE220061, Santiago, Chile

Understanding whether SARS-CoV-2 incidence is due to external introductions or sustained local transmission is crucial for evaluating epidemic control strategies. Chile implemented extensive testing, border restrictions, and non-pharmaceutical interventions (NPIs), but the relative contribution of importations and community spread remained uncertain.

We analyzed >45,000 Chilean SARS-CoV-2 genomes available in GISAID (2020–2023). Sequences were aligned to the WIV04 reference genome using MAFFT, and maximum likelihood phylogenies were reconstructed with IQ-TREE2 under a HKY substitution model. Viral introductions into Chile were estimated using Bayesian phylogeographic models implemented in BEAST v10.5 with Markov jump counts, and results were compared with official border-crossing records. Local dynamics in Santiago were examined through discrete phylogeographic reconstructions and Bayesian generalized linear models (GLMs), integrating human mobility indices and timelines of non-pharmaceutical interventions (NPIs).

Our analyses revealed recurrent viral introductions into Chile during 2021–2022, particularly linked to Omicron waves. The frequency of introductions decreased significantly during periods of strict border controls but did not fully prevent viral entry. In Santiago, phylogeographic reconstructions showed dense clustering of local transmission chains, consistent with extensive community spread. Bayesian GLMs identified a strong association between increased human mobility and higher rates of local transmission. While NPIs were temporally correlated with reduced introductions, their impact on curbing established community transmission was limited. Genomic surveillance also provided potential models that would explain the entry of variants into Chile from other countries.

This integrative genomic and epidemiological framework demonstrates that while border restrictions effectively reduced introductions, local community transmission ultimately dominated epidemic dynamics in Chile. The interplay between mobility, NPIs, and viral introductions shaped transmission trajectories, underscoring the importance of real-time genomic surveillance. Our findings emphasize that sustained genomic monitoring combined with mobility and epidemiological data is essential to anticipate future variants and inform

public health interventions in Chile and the South American region.

Keywords: Genomics, Phylogeography, Mobility, SARS-CoV-2, Non-pharmaceutical interventions
Financing: GENomic Epidemiology in Emergent Diseases (GENE2DIS), Proyecto Anillo ATE220061

DINÁMICA DE CITOQUINAS Y SEVERIDAD CLÍNICA EN EL SÍNDROME CARDIOPULMONAR POR ANDES ORTHOHANTAVIRUS

Carolina Ramírez-Riffo[1,2], Lina Jimena Cortés[2], Analia Cuiza[2], Maria Paz Errazuriz[2], Jeronimo Graff[3], Rene López[3], Rodrigo Pérez[3], Alejandro Bruhn[4], Maria Magdalena Vera[4], Marcela Ferres[4,11], Ricardo Fritz[5], Francisco Arancibia[5], Alvaro Llancaqueo[6], Mario Calvo[7], Yazmin Pinos[8], Maria Luisa Rioseco[9], Gonzalo Rivera[10], Constanza Martínez-Valdebenito[11], Pablo Vial[2,3], Maria Cecilia Vial[2]

(1) Doctorado en Ciencias e Innovación en Medicina, Facultad de Medicina, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile
(2) Programa Hantavirus y Zoonosis, Facultad de Medicina, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile
(3) Clínica Alemana de Santiago, Santiago, Chile
(4) Hospital Clínico Red Salud UC Christus, Santiago, Chile
(5) Instituto Nacional del Tórax, Santiago, Chile
(6) Hospital las Higueras de Talcahuano, Talcahuano, Región del Biobío, Chile
(7) Hospital Base de Valdivia, Valdivia, Región de los Ríos, Chile
(8) Hospital Base San José de Osorno, Osorno, Región de los Lagos, Chile
(9) Hospital Dr. Eduardo Schutz Schroeder, Puerto Montt, Región de los Lagos, Chile
(10) Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena, Temuco, Región de la Araucanía, Chile
(11) Laboratorio de Infectología y Virología Molecular, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

El Andes orthohantavirus (ANDV) es el principal agente etiológico del síndrome cardiopulmonar por hantavirus (HCPS) en Chile y Argentina, con una letalidad cercana al 35%. A diferencia de otros hantavirus, posee la capacidad única de transmitirse entre personas, lo que lo convierte en un problema sanitario relevante en Sudamérica. Clínicamente, el HCPS se caracteriza por fiebre, síntomas prodrómicos y progresión rápida hacia disnea, hipoxemia y edema pulmonar no cardiogénico. Estos eventos se relacionan con la activación endotelial exacerbada y una respuesta inflamatoria desregulada, en la que las citoquinas cumplen un rol central, tanto en la defensa antiviral como en la inmunopatología. Sin embargo, los perfiles específicos de expresión y su vínculo con la severidad clínica permanecen poco caracterizados.

En este estudio se planteó caracterizar la dinámica de citoquinas en el curso clínico del HCPS. Se desarrolló un estudio longitudinal retrospectivo utilizando una cohorte de 55 pacientes reclutados entre 2017 y 2024. De esta cohorte se obtuvieron 123 muestras séricas, clasificadas en fases aguda temprana (días 0–2), aguda tardía (días 3–6) y convaleciente (>30 días). Las muestras fueron criopreservadas y posteriormente analizadas mediante tecnología Luminex para determinar perfiles de citoquinas, incluyendo mediadores proinflamatorios (G-CSF, GM-CSF, IL-1β, IL-2, IL-6, IL-8, IL-12p70, IL-17A, IL-17E, IL-17F, IL-18, IL-22, IL-27, IFN-γ, IP-10, MIG, TNF-α) y antiinflamatorios/reguladores (IL-4, IL-5, IL-10, IL-13, TGF-α, VEGF).

Los resultados revelaron que IL-6, IFN-γ, VEGF y TGF-α se encontraban significativamente elevados en pacientes graves ($p<0.05$). Este aumento se observó desde los primeros días de infección, sugiriendo su rol en la amplificación del daño endotelial y la disfunción pulmonar. Adicionalmente, IL-10, IL-8, IP-10 y TNF-α presentaron patrones de expresión diferenciales asociados con la progresión clínica y desenlaces adversos ($p<0.05$).

En conclusión, nuestros hallazgos confirman que la caracterización de la dinámica de citoquinas en HCPS proporciona información crítica sobre los mecanismos inmunológicos que determinan la severidad clínica, y abre la posibilidad de diseñar estrategias diagnósticas y terapéuticas dirigidas a modular la respuesta inflamatoria, con el fin de mejorar los resultados clínicos en esta enfermedad de alta letalidad.

Keywords: Hantavirus, Sindrome cardiopulmonar, Citoquinas, Biomarcadores, Curso clinico
Financing: FONDECYT 1241530ANILLO ATE-220061

FUNCTIONAL ANALYSIS OF PLANT RHIZOBIOMES IN THE HYPER-ARID ATACAMA DESERT

Jonathan Fortt[1], Alessandra Choque[1], Juan Castro-Severyn[1], Bárbara Fuentes[1], Davey Jones[3], Claudia Saavedra[2], Francisco Remonsellez Fuentes[1]

(1) Universidad Católica del Norte, Departamento de Ingeniería Química y Medio Ambiente, Antofagasta, Chile
(2) Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile
(3) Bangor University, School of Encironmental and Natural Sciences, Bangor, UK

The Atacama Desert hyper-arid core represents one of earth most extreme environments, with unique microbial adaptations critical for plant survival under abiotic stress. This study investigates the rhizospheric microbial communities of two native plant species, *Suaeda foliosa and Distichlis spicata*, from the Yungay oasis (hyper-arid Atacama Desert). Emphasis is placed on microbial taxonomic diversity and plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) functional traits. Soil samples were collected and analyzed for physicochemical and mineralogical properties, microbial diversity (16S rRNA sequencing), functional potential (shotgun metagenomics), and microbial community-level physiological profile (CLPP). Different microbiological characteristics measured in this study suggest the increase of nutrients and influence of plants in soil. The results revealed distinct rhizospheric communities dominated by Firmicutes, Proteobacteria, and Actinobacteria, with significant variations driven by soil salinity and ammonium levels. The community-level physiological profile shows a clear preference in organic acid utilization in all rhizobiomes. Also, an increase in different functions related to nutrients such as aerobic chemoheterotrophic and various nitrogen functions suggest changes of these nutrients in soil. Functional analysis highlighted increased osmoprotection and nitrogen metabolism in D. spicata and enhanced phosphate solubilization in S. foliosa. Finally, this study underscores the role of rhizospheric microbial communities associated to native plants in the hyper-arid core of the Atacama Desert. The distinct functional potential of D. spicata and S. foliosa rhizospheres reflect their adaptation to unique physicochemical soil properties. Our findings not only advance in understanding of microbial ecology in extreme environments but also hold promise for developing sustainable agricultural practices in hyper-arid regions.

Keywords: Microbial Diversity, hyperarid, Atacama Desert, rhizobiome
Financing: FONDECYT REGULAR 1220902
Acknowledgments: Humberto Aponte from O'Higgins University

BENEFICIAL EFFECTS OF *AKKERMANSIA MUCINIPHILA* AS A PROBIOTIC ADMINISTRATION IN THE MUTSOD1 MURINE MODEL

Daniela Retamal[1], Brigitte van Zundert[1], Carlos J Blondel[1]

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

Amyotrophic lateral sclerosis (ALS) is a fatal neurodegenerative disorder characterized by progressive motor neuron degeneration. Alterations in the gut microbiota are emerging as important modulators of disease onset and progression. In ALS murine models, levels of Akkermansia muciniphila (AM)—a commensal bacterium with immunomodulatory and metabolic benefits—are markedly reduced. Previous studies in the hSOD1G93A (mutSOD1) model have shown that AM supplementation, previously depleted with antibiotics, elevates nicotinamide levels, ameliorates motor deficits, and upregulates mitochondrial gene expression in spinal cord motor neurons. Based on these observations and given that microbiota depletion with antibiotics affects disease progression and microglial activation, we investigated the effects of chronic AM administration without prior microbiota depletion in homeostatic markert of glial cells and motoneurons.

Methods: Male and female mutSOD1 transgenic mice were treated with either vehicle (PBS) or live AM (2×10^8 CFU) starting at postnatal day 40 (P40). Treatment continued either until the humanitarian endpoint — for assessment of disease onset, symptom progression, and survival — or until 100 days of age, when spinal cord tissue was collected for analysis.

Results: Live AM administration to mutSOD1 mice significantly delayed disease progression and extended survival, with a trend toward improved motor performance in the rotarod assay. Immunofluorescence analysis of the spinal cord revealed a significant reduction of ApoE levels in microglia and motor neurons, along with a trend toward lower ApoE expression in astrocytes of AM-treated mutSOD1 mice compared to vehicle-treated controls.

Conclusion: These findings indicate that AM supplementation delays disease progression and modulates ApoE expression in spinal cord glial and neuronal populations in mutSOD1 mice. The reduction of ApoE, particularly in microglia and motor neurons, may contribute to the observed neuroprotective effects.

Given the role of ApoE in neuroinflammation and neurodegeneration, these findings suggest that modulation of the gut microbiota can influence central molecular pathways linked to ALS progression. This work supports AM as a promising candidate for microbiota-targeted interventions in neurodegenerative diseases.

Keywords: akkermansia, microbiota
Financing: FONDECYT REGULAR 1241637, FONDECYT 1221745, Beca doctorados UNAB

EFECTO DE LA VITAMINA B6 EN UN MEDIO DE CULTIVO QUÍMICAMENTE DEFINIDO SOBRE EL CRECIMIENTO Y PRODUCCIÓN DE ESCUALENO POR *THRAUSTOCHYTRIUM* SP. RT2316-16.

Dévora Reyes Boutaud[1], Carolina Shene De Vidts[1,2], Liset Flores Saldivia[1,2]

(1) Universidad de la Frontera, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile
(2) Universidad de la Frontera, Centro de Biotecnología y Bioseparaciones de Alimentos BIOREN, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile

El escualeno es un triterpeno con aplicaciones de alto valor en las industrias farmacéutica, cosmética y nutracéutica, cuya obtención a partir de fuentes tradicionales como el aceite de hígado de tiburón o fuentes vegetales en la actualidad enfrenta limitaciones de sostenibilidad. Por lo que existen microrganismos marinos oleaginosos como los traustoquitridios que tienen la capacidad de sintetizar metabolitos derivados de la ruta del mevalonato. Dentro de los factores que condicionan esta producción, la vitamina B6, cumple un rol esencial en múltiples rutas metabólicas, aunque su importancia específica en la biosíntesis de escualeno ha sido menos explorada. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto de la vitamina B6 sobre el crecimiento y la producción de escualeno en un medio de cultivo químicamente definido por el *Thraustochytrium sp*. RT2316-16. Para lo cual se realizaron curvas de crecimiento por siete días evaluando la vitamina B6 en sus tres formas: piridoxina, piridoxamina y piridoxal-5'-fosfato en un medio de cultivo químicamente definido. Los resultados muestran que el mayor crecimiento se obtuvo al adicionar piridoxamina al medio de cultivo alcanzando una biomasa de 6,2 g/L, valor que es 2,2 veces mayor que el obtenido al adicionar piridoxina y piridoxal-5'-fosfato. La mayor producción de escualeno se obtuvo en el medio de cultivo que se le adicionó piridoxamina alcanzando su valor máximo de 67,3 mg escualeno /g biomasa, valor que es 1,6 y 1,9 veces mayor usando piridoxina y piridoxal-5'-fosfato respectivamente. Por lo que la vitamina B6 en su forma de piridoxamina se proyecta como un factor importante en el medio de cultivo de los traustoquitridios tanto para la producción de biomasa y escualeno.

Keywords: *Thraustochytrium*, Escualeno, Vitamina B6
Financing: Proyecto Fondecyt 1230547. 2023-2025. Investigador responsable: Carolina Shene.
Acknowledgments: Laboratorio de Bioprocesos y Bioseparaciones, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de la Frontera, Temuco.

COMPARATIVE GENOMICS OF NITROGEN METABOLISMS IN ACIDITHIOBACILLIA: PATTERNS OF DIVERSITY AND EVOLUTION

Sofía Reyes-Impellizzeri[1,2], Pedro Sepúlveda-Rebolledo[1], Catalina Muñoz-Sarmiento[3], Francisco Issotta[1,4], Camila Rojas-Villalobos[1,5], Pedro Temporetti[6], Raquel Quatrini[1]

(1) Fundación Ciencia y Vida, CCTE Ciencia y Vida, Santiago, Chile
(2) Universidad San Sebastián, Programa de Doctorado en Biotecnología y Bioemprendimiento, Facultad de Medicina, Santiago, Chile
(3) Universidad San Sebastián, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile
(4) Pontificia Universidad Católica, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile
(5) Universidad San Sebastián, Programa de Doctorado en Biología Computacional, Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Diseño, Santiago, Chile
(6) CONICET, Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA), Centro Regional Universitario Bariloche-UNComahue, CCT-Patagonia Norte, San Carlos de Bariloche, Argentina

The Acidithiobacillia class comprises Gram-negative, chemolithoautotrophic, acidophilic bacteria capable of oxidizing sulfur and/or iron compounds. Given these characteristics, and their presence in acidified waters such as acid rock and mine drainages (ARD/AMD), this class is of biotechnological interest for bioleaching and bioremediation. Understanding their ecological strategies to adapt to extremely acidic conditions is key for the development of future applications. One vital mechanism for acidophiles´ survival is maintenance of a near-neutral cytoplasmic pH, achieved through the modification of the transmembrane electrical potential and controlled cation influx. This strategy, however, also increases their sensitivity to nitrate anions, which likely explains why processes such as denitrification are, to the best of current knowledge, absent in acidophiles. Current understanding of nitrogen metabolism in Acidithiobacillia is fragmentary, being based on a limited number of strains and scattered studies that address individual processes, such as ammonium assimilation, nitrate/nitrite reduction, or nitrogen fixation, without an integrated view of their genomic context, regulatory control, or distribution across the class.

This study analyzed nitrogen-related metabolisms across publicly available Acidithiobacilllia genomes and metagenome-assembled genomes (MAGs), complemented with MAGs from the Copahue-Caviahue Volcanic Complex (CCVC), a natural ARD of volcanic origin with glacial influences in the Patagonian Andes. Functional marker genes were identified through sequence profiles and curated functional annotation. Our comparative genomics analysis revealed that nitrogen assimilation genes (*amt, glnA, gltB*) are ubiquitous and highly conserved across the class. Nitrogenase genes were restricted to the iron-oxidizing Acidithiobacillus clade and Ambacidithiobacillus, where they co-occurred with associated regulatory genes, indicating their evolutionary retention in specific lineages. Denitrification modules (*norBDEQ*) were detected in ancestral genera (*Thermithiobacillus, Ambacidithiobacillus*), and genes associated with sulfur and hydrogen metabolism were also examined. *Ambacidithiobacillus,*

a recently described genus, stood out for containing the complete set of nitrogenase genes, partial denitrification capacity (lacking nosZ), and nitrate/nitrite reduction pathways. MAGs from CCVC revealed novel species within this genus, expanding its known diversity and ecological range beyond the single isolated strain *A. sulfuriphilus* CJ-2. Altogether, our findings delineate the distribution and evolutionary origins of nitrogen metabolisms in Acidithiobacillia, with Ambacidithiobacillus emerging as a key lineage bridging metabolic capabilities uncommon in acidophiles.

Keywords: Acidophiles, Extremophiles, Nitrogen, Diversity, Evolution
Financing: ANID/Fondecyt 1221035, ANID/Fondecyt Postdoctorado 32300527 (F.I.);ANID/BASAL/FB210008; ANID/BECAS/DOCTORADO NACIONAL (C.R-V. 21241467 / S.R-I. 21241350).

VALORIZACIÓN DE RESIDUOS LIGNOCELULÓSICOS PARA LA PRODUCCIÓN DE XILANASAS EN BIORREACTOR UTILIZANDO UNA LEVADURA ANTÁRTICA

María Florencia Risso[1], Larissa Gioia[2], Paula Rodríguez[3], Mairan Guigou[1]

(1) Universidad de la República, Departamento de Ingeniería Bioquímica y Bioprocesos, Facultad de Ingeniería, Av. Julio Herrera y Reissig 565, Montevideo, Uruguay
(2) Universidad de la República, Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Av. Gral. Flores 2124, Montevideo, Uruguay
(3) Universidad de la República., Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Av. Gral. Flores 2124, Montevideo, Uruguay

La valorización de residuos lignocelulósicos mediante su conversión en bioproductos es fundamental para la bioeconomía circular. En este contexto, la producción de xilanasas, enzimas hidrolíticas de interés biotecnológico, utilizadas en procesos de bioconversión de biomasa y como agentes de blanqueamiento, a partir de sustratos de bajo costo, ofrece una alternativa sostenible. La hidrólisis eficiente del xilano requiere la acción sinérgica de: endoxilanasas, exoxilanasas y β- xilosidasas. Frente a las xilanasas comerciales termoestables, los microorganismos psicrotolerantes representan una opción atractiva, ya que exhiben alta actividad enzimática a menores temperaturas respecto a sus homólogos mesófilos.

En el presente trabajo se evaluó la capacidad de la levadura antártica *Tausonia pullulans*, para producir enzimas xilanolíticas utilizando como única fuente de carbono un hidrolizado hemicelulósico obtenido de un residuo lignocelulósico industrial pretratado mediante autohidrólisis. El pretratamiento permitió solubilizar parcialmente las hemicelulosas, generando un hidrolizado enriquecido en xilooligómeros fermentables, dicho hidrolizado se utilizó, sin detoxificación, como sustrato de fermentación. La producción enzimática se estudió inicialmente en matraces agitados y posteriormente se escaló a biorreactor de laboratorio con control de parámetros de cultivo. Se estudiaron diferentes condiciones de aireación (1,0 -2,0vvm), agitación (200–500 rpm), con control de pH y temperatura, con el objetivo de optimizar la transferencia de oxígeno y la producción enzimática. Se realizó la determinación de la actividad xilanolítica, los productos de hidrólisis se detectaron por reacción de los azúcares reductores con ácido dinitrosalicílico (DNS) y por HPLC. Se ensayó la purificación del crudo enzimático mediante precipitación con sulfato de amonio.

T. pullulans mostró adecuada adaptación al medio y condiciones de cultivo. El escalado evidenció una producción enzimática más eficiente bajo condiciones controladas de oxigenación y agitación, destacando la robustez de la cepa para la producción de enzimas xilanolíticas activas a bajas temperaturas contribuyendo a la reducción de consumo energético en aplicaciones biotecnológicas. En conclusión, el uso combinado de residuos industriales pretratados como fuente de carbono y la levadura antártica representan una estrategia eficiente y sustentable para la producción de enzimas xilanolíticas. El escalado a biorreactor y la caracterización de productos por HPLC consolidan las bases para futuras aplicaciones en esquemas integrados de biorrefinería.

Keywords: Xilanasas, CAZimas, Levadura antártica, Residuo lignocelulósico, Biorreactor
Financing: Agencia Nacional de Investigación e Innovación de Uruguay (FMV_1_2021_1_16777, POS_NAC_2023_1_178562)Posgrado en Biotecnología, Facultad de Ciencias, UdelaR.
Acknowledgments: Instituto Antártico del UruguayUPM Fray Bentos

BACTERIÓFAGOS AISLADOS DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS PARA EL POTENCIAL TRATAMIENTO DE MASTITIS BOVINA EN CHILE

Dacil Rivera[1]

(1) Universidad de Las Américas, Núcleo de Investigaciones en One Health (NIOH). Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía. Universidad de Las Américas, Santiago, Chile., Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía. Universidad de Las Américas, Santiago, Chile., Av. Walker Martínez 1360, Santiago, Chile

La mastitis bovina, causada principalmente por *Staphylococcus aureus* y estafilococos coagulasa negativos (SCN), continúa siendo uno de los principales desafíos sanitarios y económicos en la producción lechera. En el contexto chileno, la necesidad de alternativas seguras y sostenibles al uso de antibióticos motiva el desarrollo de bioproductos fágicos para la prevención y control de esta enfermedad.

Este estudio tuvo como objetivo aislar, caracterizar y evaluar fagos líticos con potencial aplicación en el control de *Staphylococcus* spp. asociados a mastitis bovina. Se realizó un análisis piloto de bioprospección en lecherías de la macrozona centro y sur de Chile, recolectando muestras de leche, agua y materia orgánica. Los aislamientos fágicos se obtuvieron mediante enriquecimiento con cepas hospedero locales (seis *S. aureus* y seis SCN), y posterior purificación por doble capa de agar. Se aislaron diez partículas tipo virus (VLPs), de las cuales tres —VPL3, VPL6 y VPL9— mostraron el espectro de lisis más amplio frente a 38 cepas hospedero, incluyendo S. aureus multirresistente y SCN (*S. hyicus, S. epidermidis, S. xylosus, S. chromogenes*).

Estas VLPs, renombradas como StaPhi-CL01, StaPhi-RM04 y StaPhi-MR05, fueron secuenciadas mediante Illumina HiSeq. El análisis genómico confirmó su naturaleza estrictamente lítica, ausencia de genes de virulencia o resistencia, y pertenencia a los géneros Kayvirus y Phietavirus. En ensayos de infección in vitro con la cepa S. aureus Sa_Vaca 8, los tres fagos demostraron elevada capacidad replicativa (hasta 2×10^{9} PFU/mL) y reducción bacteriana sostenida (>1 Log en 90 min). Su aplicación combinada en cóctel (1:1:1, 10^{8} PFU/mL) evidenció un efecto sinérgico superior al de los fagos individuales. Además, el cóctel mantuvo estabilidad en amplios rangos de temperatura (40–60 °C), pH (4–10) y salinidad (≤10 % NaCl).

En conjunto, estos resultados validan la potencia lítica, inocuidad y estabilidad del cóctel StaPhi.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, mastitis bovina, fagoterapia, Bacteriófagos, producción lechera sostenible
Financing: Núcleo de Investigaciones en One Health (NIOH). Universidad de las Américas. Chile.
Acknowledgments: Laboratorio de Genómica y Resistencia Microbiana (GeRM) de la Facultad de Medicina. Universidad del Desarrollo (UDD). Y al Núcleo de Investigaciones en One Health (NIOH). Universidad de las Américas Chile.

OPTIMIZACIÓN IN SILLICO DE PROMOTORES PARA LA EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS RECOMBINANTES EN BACILLUS SUBTILIS

Katherine Rivero - Rodríguez[1], Felipe Arenas[1]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Av. B.O'Higgins Nº 3363, Santiago de Chile, Chile.

Bacillus subtilis es utilizado en la producción industrial de proteínas recombinantes gracias a su reconocida capacidad para secretar proteínas de manera eficiente y su historial de uso seguro, respaldado por su inclusión, desde 1958, en la categoría de "productos generalmente reconocidos como seguros" (GRAS) establecida por la Food and Drug Administration (FDA). Sin embargo, el rendimiento en la producción de proteínas heterólogas en *B. subtilis* puede variar considerablemente debido a múltiples factores, entre los que destaca la dificultad para alcanzar niveles óptimos de expresión.

En este contexto, los elementos reguladores génicos, como los promotores, factores sigma (σ) y las regiones 5' no traducidas (5'UTR), desempeñan un papel crucial en la expresión génica. Estos elementos modulan tanto el inicio de la transcripción como la estabilidad y accesibilidad del ARNm durante la traducción. Por ello, el diseño de secuencias promotoras representan una estrategia fundamental para mejorar la expresión en estos sistemas.

En este estudio se seleccionaron promotores nativos fuertes de operones descritos en la literatura para bacterias del género *Bacillus*: PsrfA, Ppst, PrpsF y PglvA, los cuales presentan sitios de unión a σA y σB, asociados a la expresión constitutiva y dependiente del estrés, respectivamente. Estos promotores fueron utilizados para construir promotores duales en tándem. Luego se evaluaron in silico variantes en la región 5'UTR y en el sitio de unión al ribosoma (RBS) mediante herramientas bioinformáticas como RBS Calculator y ViennaRNAfold, con el objetivo de mejorar la eficiencia de traducción y la estabilidad del ARNm.

A partir de estos análisis se generó una biblioteca de promotores optimizados para su uso en B. subtilis. Esta biblioteca fue clonada en vectores de integración genómica que expresan sfGFP como reportera, obteniéndose promotores activos bajo el control de σA y σB, que mostraron mejoras significativas en los niveles de expresión y traducción en comparación con el promotor dual modelo P43.

Los resultados obtenidos sientan las bases para el desarrollo de mejora de sistemas de expresión en B. subtilis. Se proyecta aplicar esta biblioteca en cepas diseñadas para la producción de cócteles enzimáticos de interés industrial, con el fin de validar su desempeño en condiciones reales de bioprocesos.

Keywords: Bacillus subtilis, Expresión recombinante, Enzimas, Elementos génicos
Financing: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto FONDECYT Regular 1230724

INORGANIC POLYPHOSPHATE DOWN REGULATES THE PRODUCTION OF DNA EXTRACELLULAR TRAPS THROUGH THE GRLD RECEPTOR SIGNALING PATHWAY IN *DICTYOSTELIUM DISCOIDEUM.*

Boris Riveros Rodriguez[1], Camilo Berrios Pasten[2], Andres Marcoleta[2], Francisco Chavez[1]

(1) Universidad de Chile, Laboratorio de microbiología de sistemas, Facultad de Ciencias, Chile
(2) Universidad de Chile, Grupo de Microbiología Integrativa, Facultad de Ciencias, Chile

The production of extracellular traps (ETs) is an antibacterial and antiviral evolutionary conserved mechanism that ranges from unicellular amoebas to mammalian immune cells. Currently, the molecular elements that regulate this phenomenon are not well understood. In unicellular amoebas like *Dictyostelium discoideum*, this process is triggered by LPS and depends on ROS as a molecular signal. This is very similar to what has been observed in mammalian neutrophils. Besides these similarities, *D. discoideum* has been used as a model organism to understand host-pathogen interactions due to the conservation of mechanisms like phagocytosis and chemotaxis. Therefore, *D. discoideum* is an established model organism for studying the molecular mechanisms of mammalian immune cells.

In this context, it has been described that the antibacterial response of *D. discoideum* is downregulated by the polyphosphate signaling pathway. As ET production is an antibacterial mechanism, we wondered if it is regulated by the polyphosphate signaling pathway.

To assess this, we monitored the presence of extracellular DNA by fluorescence spectroscopy in various D. discoideum mutant strains. We observed that the absence of the polyphosphate receptor, grlD, increases the production of ETs. Then, we wondered if other elements associated with the grlD signaling pathway might be involved. In this context, we observed that the absence of I6KA and PPK1 also increased ET production. To determine if this effect was not due to cell death, we performed viability assays by flow cytometry. In these experiments, we observed that the cell viability of grlD, I6KA, or PPK1 mutants under stimulation is the same as in the wild type, which indicates that ET production does not reduce viability in these strains. Then we observed ET production by confocal microscopy. We were able to see that all three strains formed ET structures. Finally, we induce ETs production in the presence of polyphosphate leading to a decrease of ETs formation, indicating a regulatory role.

With this information, we propose that the polyphosphate-associated signaling pathway of grlD may regulate ET production in *D. discoideum*. Understanding this process in *D. discoideum* can help us understand this process in mammalian immune cells.

Keywords: *Dictyostelium discoideum*, Polyphosphates, GPCRs, DNA extracellular traps
Financing: Beca ANID de doctorado nacional 21231103Fondecyt 1211852

DETECCIÓN DE BACTERIAS RESISTENTES A LOS ANTIBIÓTICOS EN HUMEDALES Y NAPAS DE LA CIUDAD DE ANTOFAGASTA

Carolina Roa Vergara[1], FELIPE ESTAY VIZCARRA[1], CONSUELO RUIZ TORREJÓN[1], FABIÁN HERRERA VEAS[1], JOSELYNE GAHONA ROJAS[1], Nicomedes Valenzuela-Lopez[1]

(1) Unidad de Microbiología, Dpto. Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Chile.

Los humedales son altamente diversos y productivos, son uno de los ecosistemas naturales más importantes del mundo, ya que desempeñan funciones importantes en la biodiversidaddel planeta.

El objetivo de esta investigación fue analizar muestras de agua y sedimento en humedales presentes en la ciudad de Antofagasta y observar cómo afecta la interacción de los humanos aislando bacterias cultivables patógenas humanas y conocer sus patrones de resistencia antimicrobiana.

La metodología utilizada fue la colecta total de 27 muestras de sedimento y columna de agua, distribuidas en 9 muestras en tres humedales de la ciudad en tubos Falcon de 50 mL. Las muestras fueron sembradas en Agar Sangre, CromoagarURO y Agar Mc Conkey incubándose a 37°C por 24 a 48 horas con el objetivo de aislar tanto bacterias Gram + como negativas. La identificación fue realizada mediante pruebas bioquímicas convencionales y por espectofotometría de masas (Maldi-ToF). Los análisis de resistencia antibiótica se realizaron mediante técnica de Kirby Bauer según CLSI 2024, contra los siguientes antimicrobianos: Ampicilina, Cefotixina, Ciprofloxacino, Eritromicina, Clindamicina, Sulfatrimetoprim en bacterias Gram +; y AmpicilinaSulbactam, Cotrimoxazol, Gentamicina, Ciprofloxacino, Cefadroxilo, Nitrofurantoina en bacterias Gram negativas.

Los resultados obtuvieron un total de 155 aislados, destacando en mayor prevalencia *Staphylococcus aureus, Staphylococcus saprophyticus, Enterococcus spp. y Pseudomonas aeruginosa,* y en menor medida diversos géneros de Enterobacterales y BNF. En los estudios de susceptibilidad antibiótica se obtuvo que 39% de los aislados fueron sensibles a la totalidad de antibióticos testeados. Los bacilos Gram negativos fermentadores fueron sensibles a Cotrimoxazol, Ciprofloxacino y Gentamicina en un 100%. Por otro lado, los bacilos Gram negativo no fermentadores solo fueron 100% sensibles a Ciprofloxacino y Gentamicina. La resistencia bacteriana detectada en los bacilos Gram negativos fueron demenor o mayor distribución a los antibióticos como Nitrofurantoina, sulfatrimetoprim, cefadroxilo y ampicilina sulbactam, siendo el patrón SAM-CPH-SXT-N el más frecuente detectado con un 18%.

En conclusión, los humedales de Antofagasta presentan un ambiente propicio para el desarrollo y propagación de bacterias resistentes a antibióticos, lo que resalta la necesidad de implementar estrategias de manejo ambiental que promuevan la conservación y reducirla contaminación antropogénica.

Keywords: Humedales, Multirresistencia, Diversidad bacteriana, Napas subterráneas, antibióticos

EFECTO DE LA TEMPERATURA EN LA PRODUCCIÓN DE B-GLUCOSIDASA EN *KOMAGATAELLA PHAFFII* S467

Eduardo Rocco[1], Johan Quezada[1], Álvaro Díaz-Barrera[1], Carlos Martínez[1], Stephanie Braun-Galleani[1,2]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Brasil 2085, Valparaíso, Chile
(2) Instituto Milenio de Biología Integrativa (iBio), Avda. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

La levadura Komagataella phaffii (*K. phaffii*), anteriormente conocida como *Pichia pastoris,* es considerada actualmente como una de las plataformas de expresión de proteínas recombinantes más eficientes y versátiles. La cepa S467, generada mediante el cruce entre las cepas parentales CBS7435, cepa estándar de laboratorio, y NRRL Y-17741, cepa aislada naturalmente, es portadora del alelo salvaje del gen IRA1, lo cual ha evidenciado una mayor producción de β-glucosidasa que su contraparte de laboratorio, resultando en una cepa de interés para la optimización de condiciones de cultivo. En el presente estudio se evaluó el efecto de la temperatura sobre el crecimiento celular y la producción de β-glucosidasa en escala de biorreactor. Inicialmente se desarrollaron cultivos por lote (20, 25 y 30 °C) para definir parámetros cinéticos de crecimiento celular, consumo de sustrato y generación de producto, lo cuales fueron utilizados para ajustar un modelo dinámico basado en el modelo de Droop. Este modelo permitió simular cultivos continuos (quimiostato) a distintas condiciones de operación, de modo de predecir la mejor condición de productividad especifica (qp) en el espacio experimental explorado, lo cual fue validado experimentalmente.

Los datos recabados de los cultivos por lote se ajustaron adecuadamente al modelo, observando un coeficiente de determinación (r2) sobre 0.95. La predicción respecto al efecto de la temperatura a distintas tasas de dilución en estado estacionario identificó la máxima producción de β-glucosidasa a 20°C y una tasa de dilución de 0.045 h-1. Los resultados del quimiostato (condición óptima, y dos condiciones subóptimas) permitieron validar las predicciones realizadas, con una subestimación respecto a la productividad cercana al 17%. Sin embargo, el máximo valor de qp, definido como actividad enzimática por biomasa, se obtuvo con una tasa de dilución de 0.06 h-1, lo que sugiere una enzima más activa en condiciones de menor velocidad específica de crecimiento. En conjunto, los resultados demuestran que la cepa S467 presenta un comportamiento estable en biorreactor y un aumento considerable de productividad de BGL1 a 20°C.

Keywords: *Komagataella phaffii*, B-glucosidasa, quimiostato, temperatura
Financing: ANID-FONDECYT Iniciación 11200933 y Regular 1231075, ANID-InES Género INGE220007, DI-PUCV 039.770/2025.

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA DEL LIOFILIZADO DEL EXTRACTO DE HOJAS DE *TECTONA GRANDIS* FRENTE A HONGOS FITOPATÓGENOS

Nancy Narcisa Rodriguez Almeida[1], Jannys Lizeth Rivera Barreto[1], Ruth Dayra Dahua Gualinga[1], Luis Ramón Bravo Sánchez[1]

(1) Universidad Estatal Amazónica, Facultad ciencias de la vida, Km. 2½, vía Puyo - Tena, Puyo, Ecuador

Este estudio evalúa la actividad antifúngica del extracto liofilizado de hojas de *Tectona grandiscontra* tres hongos fitopatógenos, *Aspergillus oryzae, Rhizopus stolonifer y Aspergillus niger*. Se realizó un tamizaje fitoquímico que reveló que el extracto acuoso contenía la mayor diversidad de metabolitos bioactivos, incluyendo saponinas, flavonoides y alcaloides. En el experimento en condiciones controladas, se midió el efecto de diferentes concentraciones del extracto acuoso sobre el crecimiento de los hongos, con concentraciones que variaron entre 30 y 75 mg/ml. Los resultados mostraron que *Rhizopus stoloniferfue* el más afectado a bajas dosis, mientras que *Aspergillus niger* presentó un crecimiento notable en concentraciones de 36,3 mg/ml y 52,5mg/ml. El análisis de varianza (ADEVA) del modelo cúbico indicó que todos los términos del modelo, incluidos la dosis y la interacción entre dosis y tipo de hongo, fueron significativos ($p < 0.0001$). Además, el modelo cúbico mostró un R^2 ajustado de 0,9983, lo que sugiere un excelente ajuste a los datos observados. Estos hallazgos sugieren que el extracto de Tectona grandistiene un potencial significativo como agente antifúngico, variando su efectividad según el tipo de hongo y la concentración utilizada, lo que podría ser útil en el desarrollo de estrategias de control biológico en cultivos.

Keywords: Actividad antifúngica, *Tectona grandis*, hongos fitopatógenos, metabolitos bioactivos
Financing: La Universidad Estatal Amazónica (UEA) financia mi asistencia. El apoyo institucional cubre los costos asociados a mi participación. Por eso es importante que me emitan una carta de invitación a este prestigioso evento.
Acknowledgments: Agradezco el patrocinio institucional de la Universidad Estatal Amazónica (UEA), que va a hacer posible mi participación en el XLVII Congreso Chileno de Microbiología.

EFECTO DEL MUCÍLAGO DE *ALOE VERA* EN EL CRECIMIENTO DE BACTERIAS PROBIÓTICAS.

Oxalis Rodríguez Martínez[1], Matías Kopp Pailañir[1], Mara Cea Lemus[1], Mariela Bustamante López[1]

(1) Universidad de La Frontera, Ingeniería Química, Francisco Salazar 1145, Temuco. La Araucanía, Chile

Los probióticos son microorganismos que al ser consumidos en cantidades adecuadas son beneficiosos para la salud del consumidor. El *Aloe vera* es una planta que tiene efectos antinflamatorios, cicatrizantes, antioxidante y humectantes. Sin embargo, algunos estudios reportan actividad antimicrobiana, por lo que resulta interesante conocer su incidencia en los probióticos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del mucílago de *Aloe vera* (MAV) en el crecimiento de bacterias probióticas. Las cepas en estudio fueron *Lactobacillus rhamnosus, Lactobacillus plantarum, Bifidobacterium infantis y Bifidobacterium longum.* Se preparó MRS sin glucosa y con MAV (5, 10, 20% p/v), cada probiótico se inoculo al 5% (p/v), e incubó a 37 °C por 24 h. Para cada probiótico, se elaboraron curvas de crecimiento y se determinó la acidez titulable, expresada como ácido láctico. Además, se cuantificó la producción de ácidos por HPLC. Los ensayos fueron realizados en triplicado. Los resultados mostraron que en todas las fermentaciones hubo una aumento de la acidez después de 24 h, alcanzando mayor valor en MRS con mayor concentración de MAV (10 y 20%). L. rhamnosus produjo 0,93 g/L de ácido fórmico sólo en MRS con MAV. B. longum produjo ácido succínico (0,054 g/L) y ácido acético (0,38 g/L) sólo en presencia de MAV. Estos resultados muestran una posible interacción metabólica de los componentes del MAV en *L. rhamnosus y B. longum.* Luego, la adición de MAV al medio MRS sin glucosa produjo un crecimiento lento sin acción bactericida sobre los probióticos.

Keywords: *Aloe vera*, Probióticos, cidos orgánicos
Financing: Proyecto Fondecyt Regular 1211211
Acknowledgments: Beca ANID: 21230193, Proyecto Fondecyt Regular 1211211, Laboratorio Bioprocesos y Bioseparaciones, Laboratorio Ingeniería Química, BIOREN. Universidad de La Frontera.

ROL DE LA PEPTIDASA CLPP1 EN LA ESPORULACIÓN Y LA GERMINACIÓN DE *CLOSTRIDIOIDES DIFFICILE* R20291

Catalina Rojas Faúndez[1,2], Fernando Gil Michel[1,2], Camila Queraltó Carreño[1,2], Magdalena Ibañez del Pino[1,2]

(1) Universidad Andres Bello, Ciencias de la Vida, Av. República 333, Santiago, Chile
(2) Universidad de los Andes, Medicina, Monseñor Álvaro Portillo 12455, Las Condes, Chile

La infección por *Clostridioides difficile* (CDI) se ha convertido en un importante problema de salud mundial gracias al aumento de la incidencia, la recurrencia y la mortalidad en la última década, debido a la aparición de una cepa hipervirulenta (R20291). Además, la patogenicidad de la CDI, está mediada por múltiples factores de virulencia, como la formación de esporas, altamente resistentes al calor y a los antibióticos; y a la germinación. Las proteínas HSP100/Clp son proteínas de choque térmico que regulan el desplegamiento y la degradación de proteínas en condiciones normales y condiciones de estrés, y se han estudiado como posible blanco antimicrobiano en varios microorganismos. En la cepa *C. difficile* 630, se ha visto una disminución significativa de la esporulación en la mutante *ΔclpP1* en comparación con la cepa silvestre. En este estudio quisimos evaluar el rol de la peptidasa ClpP1 en la esporulación y germinación en la cepa *C. difficile* R20291. Para esto construimos una mutante deficiente en ClpP1 (*ΔclpP1*) y determinamos el porcentaje de esporulación, la resistencia al calor relativa de las esporas y la eficiencia de germinación. Demostramos que *C. difficile ΔclpP1* presentaba mayor porcentaje de esporulación en comparación a la cepa WT en las primeras 24 horas, pero luego no presentaba diferencias significativas con respecto a la cepa WT en las 72 y 120 horas. Además demostramos que las esporas de *C. difficile ΔclpP1* presentaban menor resistencia al calor, es decir, eran menos viables; y menor eficiencia de germinación , en comparación con las esporas de la cepa silvestre, lo que da cuenta que la peptidasa ClpP1 participa en la esporulación y germinación.

Keywords: esporas, peptidasas, *Clostridioides difficile*
Financing: Fondecyt Regular #1250831

ANÁLISIS IN VITRO DEL EFECTO DE PISCIRICKETTSIA SALMONIS EN UN CO-CULTIVO DE CÉLULAS INMUNES Y EPITELIALES DE TRUCHA ARCOÍRIS

Emilia Rojas López[1], Marco Azúa1, Nicolás Ojeda[1], Luis Mercado[1], Cristian Valenzuela[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Curauma, Valparaíso, Chile

Background/Antecedentes: La piscirickettsiosis es una enfermedad infecciosa que afecta a los salmónidos y cuyo agente etiológico es la bacteria *Piscirickettsia salmonis.* Este patógeno Gram negativo puede ingresar a los peces a través de las branquias y provoca una infección sistémica caracterizada por la aparición de lesiones cutáneas, palidez branquial y otros signos clínicos. Frente a la infección, los peces activan diversos mecanismos inmunológicos, tanto canónicos, como la respuesta inmune innata, como no canónicos, entre ellos la autofagia. Estudios previos han descrito la participación de estos mecanismos en células branquiales tras la exposición a *P. salmonis.* No obstante, aún no se ha documentado la respuesta inmune frente a este patógeno en un sistema de co-cultivo que integre células epiteliales branquiales y macrófagos.

Methods/Metodología: Se estableció un co-cultivo in vitro de células epiteliales branquiales (RTgill-W1) y macrófagos (RTS11) de trucha arcoíris en una proporción 10:1. Las células RTgill-W1 fueron desafiadas con *Piscirickettsia salmonis* a un MOI de 100 durante 24 horas. Posteriormente, se evaluó a nivel transcripcional mediante qPCR y a nivel proteico mediante Western blot y ELISA, la regulación de moléculas asociadas a la inmunidad innata, como receptores, citoquinas y péptidos antimicrobianos, así como moléculas involucradas en la autofagia, incluyendo genes ATG y la proteína LC3. Adicionalmente, se analizó la secreción de citoquinas al medio de cultivo por parte de los macrófagos mediante ELISA.

Results/Resultados: Se observó un incremento en la expresión de genes relacionados con la inmunidad innata, incluyendo NOD1, el péptido antimicrobiano hepcidina y la citoquina IL-8. En contraste, se evidenció una reducción en la actividad autofágica, reflejada por la disminución en la relación proteica LC3-II/LC3-I. Además, se detectó un aumento en los niveles de las citoquinas IL-1β y TNFα en el medio de cultivo de los macrófagos.

Conclusions/Conclusiones: La presencia de macrófagos aumenta la capacidad de respuesta tipo-inmune de las células RTgill-W1, mientras que la autofagia es inhibida posiblemente por alguna señal asociada a los macrófagos.

Financing: Funding/Financiamiento: Este proyecto es financiado por el FONDECYT de Iniciación N°11230658.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE BACTERIAS AISLADAS DESDE SUELOS ANTÁRTICOS IMPACTADOS POR PINGÜINOS PYGOSCELIS: POTENCIALES NUEVAS ESPECIES.

Javiera Rojas Álvarez[1], Tomás Miquio Portell[1], Alonso Bravo[1], Katerin Almendras[1,2], Julieta Orlando[1,2]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile
(2) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile

Debido a sus condiciones únicas, Antártica constituye un reservorio de microorganismos con capacidades y características particulares, que representan un valioso recurso para estudios ecológicos y aplicaciones biotecnológicas. En este contexto, la región ha sido foco creciente de investigaciones científicas orientadas a la exploración de la diversidad microbiana, tanto mediante enfoques metagenómicos como a través del aislamiento de microorganismos cultivables. El objetivo de este trabajo fue identificar bacterias cultivables presentes en suelos antárticos impactados por pingüinos del género Pygoscelis, dado que estas aves enriquecen el suelo en nutrientes, generando condiciones particulares que favorecen comunidades microbianas únicas y aún poco exploradas.

Se analizaron cuatro muestras de suelo recolectadas desde pingüineras ubicadas en las islas Devil, Paulet y Rada Covadonga, en la Península Antártica. Las muestras fueron resuspendidas en buffer PBS y sometidas a enriquecimiento en medios líquidos LB e YM, incubados a 15°C con agitación orbital. Posteriormente, se realizaron diluciones seriadas y siembras en medios sólidos LB, YM y PDA para la obtención de colonias puras. La identificación molecular se llevó a cabo mediante extracción de ADN genómico, la amplificación del marcador 16S rRNA y secuenciación Sanger. Las secuencias fueron analizadas con los programas Chromas y MEGA12 y se compararon con las secuencias disponibles en GenBank mediante BLASTn.

Se obtuvieron 14 aislados con características morfológicas diversas, clasificados en cinco géneros bacterianos: *Carnobacterium, Psychrobacter, Oceanisphaera, Paeniglutamicibacter y Arthrobacter*. En algunos casos, las secuencias de los aislados mostraron alta similitud con especies previamente descritas, mientras que otras presentaron porcentajes de identidad por debajo de los umbrales comúnmente aceptados para la delimitación a nivel de especie. Esto sugiere la presencia de linajes bacterianos poco explorados o potencialmente nuevos, lo que justifica la realización de análisis filogenéticos más detallados para confirmar su estatus taxonómico.

En conclusión, este estudio evidencia una comunidad bacteriana diversa en suelos antárticos impactados por pingüinos, incluyendo géneros psicrófilos relevantes y posibles nuevas especies. Estos hallazgos refuerzan el rol de la Antártica como reservorio microbiano único y abren oportunidades para investigaciones futuras en ecología microbiana y bioprospección de microorganismos con potencial biotecnológico.

Financing: ANID – Programa Iniciativa Científica Milenio – ICN2021_002, ANID – FONDECYT 1241787.

PERFIL FISIOLÓGICO Y DIVERSIDAD TAXONÓMICA DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS ASOCIADAS A *RIMACACTUS LAUI*, UNA CACTÁCEA EN PELIGRO CRÍTICO DE EXTINCIÓN

Ignacia Roselló[1], Johanna Cortés[1], Fabián Cuadros[1], Mariam Charifeh[1], Antonia Naciff[1], Pablo Guerrero[2], Gastón Carvallo[3], Carolina Yáñez[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo Ecología Microbiana de la Rizósfera (EMRi), Laboratorio de Microbiología, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Valparaíso, Chile
(2) Universidad de Concepción, Laboratorio de Biogeografía, Macroevolución y Sistemática (BIOMAS), Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción, Chile
(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Laboratorio de Ecología Vegetal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Valparaíso, Chile

Las comunidades microbianas asociadas a ambientes oligotróficos constituyen un componente ecológico fundamental que media el flujo de nutrientes y facilita el establecimiento vegetal. *Rimacactus laui* es una cactácea endémica de la región de Antofagasta, Chile, que se encuentra en peligro crítico de extinción. Este estudio caracterizó las comunidades microbianas asociadas a *R. laui* para comprender su posible contribución al establecimiento de esta especie. Se analizaron ocho muestras de sustrato asociado a individuos de *R. laui* mediante Biolog EcoPlates™ para determinar el perfil fisiológico comunitario, calculando el desarrollo promedio de color (AWCD), índices de diversidad de Shannon y equitatividad y obteniendo la riqueza de sustratos utilizados. Paralelamente, se extrajo ADN de las muestras y se realizó la secuenciación por metabarcoding del gen 16S rRNA (Nanopore). Además, se determinó la composición mineralógica de las muestras mediante difracción de rayos X. Solo dos de las muestras mostraron actividad metabólica detectable, con una baja diversidad pero alta especialización hacia la degradación de polímeros complejos como Tween 80 y Tween 40. El análisis taxonómico de todas las muestras reveló el predominio del género *Paraburkholderia* (>98%), acompañado en bajas proporciones (<1% cada uno) por *Sphingomonas, Methylobacterium, Bosea, Mesobacillus, Paenibacillus, Conexibacter y Rubrobacter*. La composición mineralógica de todas las muestras reveló una alta homogeneidad, dominada por albita (≈70–87% wt), acompañada, en menores proporciones, por diópsido, clinocloro, ortoclasa, cuarzo y calcita. Esta predominancia de silicatos de baja solubilidad sugiere un sustrato oligotrófico y estable en todos los sitios analizados. La baja diversidad funcional y la dominancia casi absoluta de *Paraburkholderia spp*. sugieren comunidades microbianas altamente especializadas, adaptadas a la degradación de compuestos orgánicos complejos en condiciones de extrema oligotrofia. Estos resultados constituyen un primer acercamiento al microbioma de *R. laui.* Futuros estudios funcionales son necesarios para desentrañar los mecanismos específicos de adaptación de estas comunidades microbianas para su posible aplicación en el diseño de estrategias de conservación basadas en interacciones microorganismo-planta.

Keywords: Microbioma, Oligotrofia, *Rimacactus laui, Paraburkholderia*
Financing: Contrato tecnológico Aguas Horizonte SpA y Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.
Acknowledgments: Agradecemos a Dr.(c) Sandy Toledo de la Universidad de Concepción y al equipo de Aguas Horizonte por el apoyo en la recolección de las muestras.

EL EFECTOR SOPF DE SALMONELLA TYPHIMURIUM INTERFIERE CON LA FORMACIÓN DE AGREGADOS DE ATG8 EN *DICTYOSTELIUM DISCOIDEUM*

Carolina Rubilar[1], Andrea Avilés Thom[1], Sergio Álvarez[1], Carlos Santiviago[1]

(1) Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas de la Universidad de Chile, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile.

Salmonella utiliza dos sistemas de secreción de tipo III para translocar proteínas efectoras dentro de células eucariontes, con el fin subvertir procesos fisiológicos del hospedero. Recientemente, se describió que el efector SopF de S. Typhimurium es una ADP-ribosil transferasa que modifica la subunidad ATP6V0C de la vATPasa. Esta modificación interfiere con el reclutamiento de la proteína LC3 a compartimentos membranosos intracelulares, lo que resulta en el bloqueo de la vía de activación de la xenofagia. Este proceso contribuye a la supervivencia intracelular del patógeno en células de mamífero. En esta misma línea, nuestro grupo demostró que SopF contribuye a la supervivencia intracelular de S. Typhimurium en la ameba social Dictyostelium discoideum. Para comprender los mecanismos subyacentes a este fenómeno, en este trabajo nos propusimos determinar si el efector SopF de S. Typhimurium interfiere con la distribución intracelular de Atg8 (marcador de autofagia homólogo a LC3) en *D. discoideum*. Para esto, se transformó dicha ameba con el plasmidio pA15-mRFPmars-Atg8, que codifica una fusión N-terminal del reportero fluorescente mRFPmars a Atg8 (mRFPmars-Atg8). Esta línea celular se infectó independientemente con una mutante *ΔsopF* de S. Typhimurium y con transformantes de esta mutante que contienen el gen sopF silvestre o su variante sopFE325A (que codifica una proteína sin actividad catalítica) clonado en el plasmidio pBAD-TOPO. Posteriormente, se evaluó la distribución subcelular de mRFPmars-Atg8 en *D. discoideum* mediante microscopía confocal. El análisis de los resultados obtenidos mostró que la frecuencia de detección de agregados de Atg8 (visibles como puntos que concentran fluorescencia roja) es mayor en las amebas infectadas con las cepas ΔsopF o ΔsopF/pBAD-TOPO::sopFE325A que en las amebas infectadas con la cepa ΔsopF/pBAD-TOPO::sopF. Esto sugiere que la actividad ADP-ribosiltransferasa del efector SopF es necesaria para interferir con el proceso de reclutamiento de Atg8 y la consiguiente activación de la vía xenofágica de *D. discoideum* en respuesta a la infección por S. Typhimurium.

Keywords: Salmonella, autofagia, SopF, xenofagia, *D. discoideum*
Financing: Este trabajo fue financiado por el proyecto FONDECYT 1212075.

MICROBIOMA UROGENITAL E INFECCIONES URINARIAS: CARACTERIZACIÓN DEL UROBIOMA E IDENTIFICACIÓN DE COMUNIDADES BACTERIANAS INTRACELULARES EN POBLACIÓN ADULTA DE URUGUAY, PRIMER ESTUDIO REALIZADO EN LATINOAMÉRICA

Luciana Robino[1,2], Nicolas Navarro[1], María José González[1], Erlen Cruz[1], Gerdhard Jessen[3], PAOLA SCAVONE[1]

(1) Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Laboratorio de Biofilms Microbianos, Av. Italia 3318, Montevideo, Uruguay.
(2) Unidad Académica de Bacteriología y Virología,, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Av. Dr. Navarro 3051, Montevideo, Uruguay
(3) Universidad Austral de Chile, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas,, Independencia 631, Valdivia, Chile

Durante mucho tiempo, el tracto urinario fue considerado un ambiente estéril. Sin embargo, investigaciones recientes han demostrado la presencia de diversas comunidades microbianas en individuos sanos, conocidas colectivamente como microbioma urinario o urobioma. La mayoría de los estudios en esta temática se han desarrollado en poblaciones de Norteamérica, Europa y Asia, lo que genera una brecha de conocimiento en Latinoamérica. En este trabajo presentamos el primer estudio en Latinoamérica que caracteriza el urobioma en población adulta, realizado en Uruguay, lo que constituye un aporte novedoso y necesario para alcanzar una visión más representativa y global de estas comunidades.

Analizamos un total de 77 individuos, 40 mujeres y 37 hombres, con y sin síntomas de infección del tracto urinario (ITU), mediante una estrategia integral que incluyó urocultivo cuantitativo expandido, secuenciación del gen 16S rRNA a partir de muestras de orina y evaluación de comunidades bacterianas intracelulares (IBC). Los perfiles obtenidos revelaron una alta diversidad microbiana, con comunidades dominadas por Lactobacillus y otras con composiciones más heterogéneas. Asimismo, se identificaron con frecuencia géneros bacterianos asociados tanto a la salud como a la enfermedad, entre ellos Gardnerella, *Staphylococcus, Streptococcus y Escherichia*. Además, encontramos asociaciones entre los tipos de comunidades y factores del hospedero, como el sexo, la presencia de síntomas y la detección de IBC.

Nuestros resultados no solo amplían el conocimiento sobre la diversidad y estructura de la microbiota urinaria en una población previamente no estudiada, sino que también subrayan la importancia de considerar la diversidad geográfica y cultural en la investigación del microbioma. Incorporar poblaciones latinoamericanas permite enriquecer el panorama global del urobioma y avanzar hacia una comprensión más integral y representativa del papel de los microorganismos en la salud y la enfermedad. En este sentido, este estudio constituye un paso clave para reducir la brecha de conocimiento existente y resaltar el valor de la investigación regional en microbiología.

Keywords: Microbioma, orina, infecciones del tracto urinario
Financing: FCE_2019_1_155481

EFECTO DEL TRATAMIENTO CON VANCOMICINA EN LAS CARACTERÍSTICAS DE LAS VESÍCULAS DE MEMBRANA CITOPLASMÁTICA PRODUCIDAS POR *CLOSTRIDIOIDES DIFFICILE* R20291.

Gustavo Saavedra[1], Camila Queraltó[1,2], Osvaldo Inostroza[1], Fernando Escobar[1], Fernando Gil[1]

(1) Universidad de los Andes, Microbiota-Host Interactions & Clostridia Research Group, Center for Biomedical Research and Innovation (CIIB), Medicina, San Carlos de Apoquindo 2500, Las Condes, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(2) Universidad Andres Bello, Biociencias Moleculares, Ciencias de la Vida, República 330, Región Metropolitana, Santiago, Chile

La infección por *Clostridioides difficile* (ICD) es una de las principales causas de infecciones asociadas a la atención de salud a nivel mundial, afectando principalmente a adultos mayores, niños y pacientes hospitalizados. Presenta una alta morbi-mortalidad y puede manifestarse desde cuadros leves de diarrea hasta complicaciones graves como colitis pseudomembranosa, megacolon tóxico, sepsis y muerte. El uso prolongado de antibióticos es el principal factor de riesgo, ya que provoca disbiosis intestinal y aumenta la virulencia bacteriana. Entre sus factores de virulencia destaca la producción de toxinas como TcdA y TcdB, que podrían ser transportadas, junto con otros factores bioactivos, mediante vesículas de membrana citoplasmática (CMVs). Estudios previos han sugerido que el estrés inducido por antibióticos puede modificar la cantidad, tamaño y composición de estas vesículas, alterando su citotoxicidad. En este estudio se evaluó el efecto del tratamiento con vancomicina sobre las características y citotoxicidad de las CMVs de la cepa hipervirulenta R20291 de *C.difficile*. Las bacterias se cultivaron con y sin exposición a vancomicina, y las vesículas se aislaron mediante filtración y ultracentrifugación. La caracterización de las CMVs incluyó la cuantificación de proteínas por Bradford, el análisis de perfil proteico por SDS-PAGE, la medición de potencial zeta, la cuantificación de lípidos mediante la sonda FM 4-64. Los resultados sugieren que la exposición a vancomicina incrementa la producción de vesículas, así como su contenido proteico y lipídico. Además, las CMVs obtenidas presentan diferente estabilidad coloidal según potencial Zeta. Estos cambios sugieren que la vancomicina induce en *C.difficile* una respuesta adaptativa que promueve la generación de vesículas diferentes, con un potencial variable de citotoxicidad en comparación con la situación control. En conclusión, el tratamiento con vancomicina no solo ejerce una presión selectiva sobre la bacteria, sino que también modifica su fisiología, estimulando la producción de CMVs con características que podrían favorecer la persistencia de la infección. Este hallazgo resalta la importancia de comprender los efectos no convencionales de los antibióticos sobre los patógenos y plantea la necesidad de desarrollar estrategias preventivas y terapéuticas que optimicen el control y tratamiento de la ICD.

Financing: Financiamiento: Fondecyt Regular #1250831

TOLERANCIA Y METABOLISMO DE NÍQUEL Y COBALTO EN COMUNIDADES MICROBIANAS DE LOS SALARES DE ASCOTÁN Y HUASCO

Amparo Saavedra Riquelme[1,2], Juan Pablo Zúñiga[1,2], Antonia Ondarza Ortiz[1,2], Maximiliano Carreño[1,2], Tomás Ovalle[1], Aaron Ascencio[1], Marcos Muñoz[1], Gabriel Kruger[2,3,4], Juan Castro Severin[2,3,4], Patricio Arros[1], Camilo Berríos Pastén[1], Andrés Marcoleta[1,2]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa, Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile
(2) Anillo Talackutur Lithium Bio-R ATE240012
(3) Laboratorio de Microbiología Molecular, One Health Institute, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile
(4) Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile

Background
Los salares del norte de Chile, como Ascotán y Huasco, son ambientes poliextremos con altas concentraciones de metales pesados. Los microorganismos que habitan estos nichos han desarrollado mecanismos únicos para gestionar estas sustancias, lo que los convierte en candidatos prometedores para aplicaciones biotecnológicas. En este estudio, estudiamos la diversidad de genes asociados con la tolerancia y el metabolismo de níquel (Ni) y cobalto (Co), así como la tolerancia fenotípica a estos elementos en cepas aisladas de estos ambientes.

Methods
Se utilizó un enfoque metagenómico shotgun para determinar la abundancia relativa de genes relacionados con la tolerancia y el metabolismo del Ni y el Co en muestras de los salares de Ascotán y Huasco. Paralelamente, se sembraron muestras ambientales del salar de Huasco en diversos medios sólidos suplementados con 5 mM de $NiCl_2$ y $Co(NO_3)_2 \cdot 6H_2O$, y se incubaron a 25 °C durante aproximadamente cinco días. Se aislaron fenotipos resistentes y se registró el crecimiento en los diferentes medios. Utilizando estos aislados y 25 cepas previamente aisladas del salar de Ascotán, se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) de Ni y Co, utilizando Escherichia coli DH5α como control sensible.

Results
En ambos salares, identificamos una amplia variedad de genes relacionados con el metabolismo y la tolerancia a Ni y Co, incluyendo los sistemas de eflujo ncrABCYX y mccCBA. Una de las 25 cepas de Ascotán mostró una notable tolerancia a cobalto, mientras que otra a níquel (7,5 mM y 10 mM, respectivamente). Además, se obtuvieron más de 25 y 20 aislamientos en concentraciones de 5 mM de Ni y Co, respectivamente, lo que confirma la presencia de tolerancia a metales en bacterias de ambos ambientes. La identificación mediante secuenciación del ARNr 16S indicó que algunos correspondían a *Kocuria sp. y Exiguobacterium sp.*

Conclusion

Este trabajo destaca la importancia de la exploración de los ambientes de salares mediante la combinación de diversos enfoques para descubrir un espectro más amplio de su diversidad microbiana funcional. Estudios futuros abordarán el potencial de nuestras cepas para la recuperación de Co y Ni de los residuos electrónicos, con miras a una biominería sostenible de estos elementos críticos.

Keywords: Salares Altiplánicos, Metales, Extremófilos, Resistoma, Bioprospección
Financing: Anillo Talackutur Lithium Bio-R y FONDECYT 1221193
Acknowledgments: Se agradece al equipo de trabajo y las fuentes de financiamiento

MICROBIOMA NATIVO COMO FACTOR CLAVE EN LA GERMINACIÓN Y SUPERVIVENCIA DE ESPECIES FORESTALES NATIVAS DE INTERÉS PARA LA REFORESTACIÓN

Cristiane Sagredo Sáez[1], Maria Jose Villarroel[1], Hector Herrera Echeverria[1]

(1) Universidad de la Frontera, Facultad de ciencias agropecuarias y medioambiente, Av. Las Encinas 895, Temuco, Araucanía, Chile, TEMUCO, Chile

La producción masiva de especies forestales en viveros depende principalmente de sustratos formulados con corteza de pino compostada y altos niveles de xenobióticos. Esta práctica ha generado dependencia en los árboles destinados a reforestación, los cuales presentan altas tasas de mortalidad en terreno debido a la ausencia de relaciones simbióticas esenciales, dificultando así la recuperación de ecosistemas. Para evaluar la importancia del sustrato, se consideraron parámetros de germinación, supervivencia y crecimiento en Nothofagus alpina, *N. pumilio y Quillaja saponaria*, utilizando tres sustratos: T1 (suelo de bosque nativo), T2 (pino compostado Gromix® + Basacote®) y T3 (pino compostado Gromix®, arena, perlita, turba + Basacote®). Se realizaron análisis químicos, metabarcoding y un monitoreo semanal de plántulas desde la germinación. Paralelamente, se compararon la supervivencia y el crecimiento en *N. alpina y Araucaria araucana*. En el primer ensayo, T1 presentó un 8% más de germinación y un 10% más de supervivencia que los demás, mientras que T2 destacó por un mayor crecimiento en altura. El análisis químico mostró contrastes: T3 presentó los valores más altos de N, P, K y 41% de materia orgánica; T1, los más bajos (N, P, K), con un 20% de materia orgánica y mayor saturación de aluminio; y T2 presentó valores intermedios. El metabarcoding identificó distintas comunidades microbianas : en T1 se encontraron géneros fúngicos promotores de crecimiento (*Oidiodendron, Penicillium, Cladophialophora*) y bacterias como *Bradyrhizobium, Mycobacterium y Reyranella*; en T2 predominaron *Streptomyces, Gaiella y Acidibacter*, junto a hongos Inocybe, *Pseudogymnoascus y Serendipita*; mientras que en T3 destacaron *Acidibacter, Nitrosopumilus y Undibacter*, junto con hongos *Cladophialophora, Linnemannia y Serendipita.* En el segundo ensayo, N. alpina alcanzó un 90% de supervivencia y 9,5 cm de crecimiento promedio en T1, frente a un 36% y 9,3 cm en T2. En A. araucana, la supervivencia fue de 100% en T1 y 96% en T2, con un crecimiento de 2,8 cm y 2,7 cm respectivamente. En conclusión, aunque T1 presentó menor contenido de nutrientes, mostró mayores tasas de germinación y supervivencia, posiblemente debido a su microbioma asociado. Estos resultados resaltan la importancia de las relaciones simbióticas para la producción de plantas nativas.

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* DESDE DISTINTAS UNIDADES DEL HOSPITAL CLÍNICO DE LA UNIVERSIDAD DE CHILE: ESTUDIO DE CLONALIDAD Y SUSCEPTIBILIDAD.

Juan Carlos Salazar Garrido[1], Bárbara Díaz[2], Cecilia Toro Ugalde[1], Francisco Silva[3], Marcela Cifuentes[4], Francisca Salazar Fernández[5], Cinthia Pizarro[6]

(1) Universidad de Chile, Núcleo Interdisciplinario de Microbiología, Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Estudiante de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile
(3) Hospital Clínico Universidad de Chile, Servicio de Laboratorio Clínico, Departamento de Medicina Interna Norte, Dr. Carlos Lorca Tobar 999, Santiago, Chile
(4) Hospital Clínico Universidad de Chile, Comité de Infecciones Asociadas a la Atención de Salud (CPC-IAAS), Dr. Carlos Lorca Tobar 999, Santiago, Chile
(5) Universidad de Chile, Estudiante de Bioquímica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile
(6) Universidad de Chile, Estudiante de Medicina, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

Pseudomonas aeruginosa, patógeno oportunista de localización ubicua puede crecer en ambientes húmedos incluyendo hospitales. Frecuentemente se relaciona con infecciones asociadas a la atención en salud, siendo un agente infeccioso responsable de brotes nosocomiales. Además, presenta múltiples mecanismos de resistencia a los antibióticos. Con el objeto de contribuir a la epidemiología molecular de este patógeno, se planteó determinar la relación clonal entre cepas de *P. aeruginosa* aisladas de pacientes del Hospital Clínico de la Universidad de Chile (HCUCH). Se obtuvieron 161 cepas (76 clínicas y 85 vigilancia) de *P. aeruginosa* aisladas de pacientes adultos del HCUCH (marzo-mayo, 2025). Se estudió la multirresistencia y a una fracción (60 clínicas) se determinó la CIM de fosfomicina (FO) mediante dilución en agar. Finalmente, mediante electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) se analizó la clonalidad utilizando la enzima SpeI. De las 76 cepas clínicas, 32,9% presentaron un fenotipo de multirresistencia (7,9%MDR, 18,4%XDR, 6,6%PDR), de las cuales el 68% son resistentes a uno o dos carbapenémicos. A 60 cepas clínicas se determinó la CIM para fosfomicina, el 96,7% de las cepas se clasificó como wild-type (WT) según el valor ECOFF definido por EUCAST. Mediante PFGE, se identificaron 22 pulsogrupos, donde la mayoría de ellos contenían las cepas clonales aisladas de un mismo paciente. En dos casos se detectaron cepas clonales provenientes de distintos pacientes, sugiriendo eventos aislados de transmisión nosocomial. Estos resultados mostraron una gran diversidad genética entre las cepas sin clonalidad provenientes de diferentes pacientes, lo que sugiere persistencia más que diseminación intrahospitalaria. Los perfiles de resistencia diferentes entre cepas clonales destacan la necesidad de realizar pruebas de susceptibilidad actualizadas. La mayoría de las cepas analizadas se clasificaron como WT frente a FO, sugiriendo su potencial uso como alternativa terapéutica, incluso frente a cepas multirresistentes. Actualmente se están analizando las cepas de vigilancia para determinar la resistencia

a carbapenémicos. Preliminarmente, de 48 cepas analizadas, 12 presentan resistencia a algunos de los carbapenémicos estudiados, se analizará su relación clonal respecto de las cepas clínicas. Es relevante realizar la vigilancia de esta bacteria en los pacientes, con el propósito de evitar infecciones nosocomiales.

Keywords: Epidemiología molecular, resistencia a los antibióticos, Pseudomonas aeruginosa
Financing: Proyecto API-ICBM-24 A Juan Carlos Salazar
Acknowledgments: Agradecimientos a proyecto API-ICBM que financia este proyecto en ejecución

USE OF *LACTOCOCCUS LACTIS* AS A PLATFORM FOR THE EXPRESSION OF AN IMMUNOGENIC CHIMERIC PROTEIN OF HUMAN METAPNEUMOVIRUS

Valeria Salazar Montoya[1,2], Sebastián A. Echeverría Araya[1,2], Abel E. Vasquez Veloso[3], Jorge A. Soto Ramírez[1,2]

(1) (1) Center for Research on Pandemic Resilience, Faculty of Life Sciences and Institute of Public Health, Universidad Andrés Bello. Santiago, Chile.
(2) (2) Translational Immunology Laboratory. Faculty of Life Sciences. Universidad Andres Bello, Santiago, Chile.
(3) (3) School of Veterinary Medicine, Faculty of Medicine and Health Sciences, Center of Biomedicine, Universidad Mayor. Santiago, Chile.

In Chile, human metapneumovirus (hMPV) is recognized as one of the main agents of upper and lower respiratory tract infections in children, the elderly, and immunocompromised patients, with a 3.42-fold increase in incidence between 2019 and 2025. Although prophylactic therapies are under development, mucosal immunization strategies aimed at blocking viral entry and establishment have not yet been explored. In this context, we designed a chimeric antigen based on the nucleoprotein (N) and the fusion protein (F) of hMPV, using predictions from support vector machines (SVM), with the objective of identifying continuous immunogenic peptides and expressing them in the bacterial platform Lactococcus lactis, with potential application in mucosal immunization.

A total of 1,351 sequences of the F protein and 738 sequences of the N protein were analyzed through multiple sequence alignment (MSA), identifying conserved regions. Subsequently, SVMtrip was applied to select continuous immunogenic peptides from both proteins. With these regions, a chimeric N-F protein was designed, cloned into the pMBsacB vector, which is nisin-inducible, and used to transform Lactococcus lactis. Protein expression was evaluated by SDS-PAGE and confirmed by western blot with specific antibodies.

A recombinant strain of *Lactococcus lactis* carrying the pMBsacB plasmid with the N-F chimeric construct was successfully obtained and characterized. SDS-PAGE analysis revealed a protein with a molecular weight consistent with the expected size, and western blot confirmed its expression and antigenic identity in the recombinant bacteria. Furthermore, an evaluation was conducted in cultures of bone marrow–derived immune cells, where the activation of dendritic cells was assessed. Analysis of activation markers revealed differential expression patterns indicative of dendritic cell activation in response to the recombinant strain.
The expression of a chimeric protein based on the immunogenic regions of N and F from hMPV in Lactococcus lactis represents a first step toward the development of a mucosal immunization strategy against this pathogen. This approach combines technological innovation with the potential to generate safe and effective alternatives in the current absence of vaccines against hMPV.

Keywords: Human metapneumovirus, *Lactococcus lactis*, Chimeric protein, Mucosal immunization, Immune response
Financing: Fondecyt Regular 1231866

EL MÓDULO RHSA-HNHC/DUF7716 CODIFICADO EN EL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO VI DE LA ISLA SPI-6 DE SALMONELLA TENNESSEE CONTRIBUYE A COMPETENCIA INTERBACTERIANA MEDIANTE ACTIVIDAD ADNASA

Fernanda Salazar-Salas[1], Carla Vargas-del Río[2], Jorge Urrea[3], María José Faúndez[3], Victoria Soriano-Mora[2], Ayleen Parra-Calisto[4], Carlos J. Blondel[5], Fernando A. Amaya[6], Carlos A. Santiviago[6], David Pezoa[2]

(1) Universidad del Alba, Escuela de Medicina, Facultad de Salud, Av. Ejército Libertador nº 171, Santiago, Chile
(2) Universidad de Las Américas, Núcleo de Investigación en One Health, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Santiago, Chile
(3) Universidad Andrés Bello, Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias de la Vida, República 239, Santiago, Chile
(4) Universidad de Chile, Department of Chemical Engineering, Biotechnology and Materials, Centre for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB), Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Av. Beauchef 851, Santiago, Chile
(5) Universidad Andrés Bello, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Echaurren 183, Santiago, Chile
(6) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile

Los Sistemas de Secreción Tipo VI (T6SS), distribuidos en bacterias Gram-negativo, contribuyen a competencia interbacteriana y patogénesis. Los T6SS son sistemas contráctiles que inyectan proteínas efectoras hacia células blanco, pudiendo actuar en células procariontes y/o eucariontes. En Salmonella, se han descrito cinco clusters de genes T6SS codificados en las islas de patogenicidad SPI-6, SPI-19, SPI-20, SPI-21 y SPI-22 diferencialmente distribuidos entre distintos serotipos. Salmonella Tennessee, un patógeno asociado a brotes gastrointestinales transmitidos por alimentos, posee el T6SS codificado en SPI-6. Análisis bioinformáticos identificaron en esta región a RhsA-HNHc/DUF7716 como un módulo efector/ proteína de inmunidad (E/I) candidato. Interesentamente, el dominio HNHc posee actividad ADNasa predictiva. Para confirmar que RhsA-HNHc/DUF7716 es un módulo E/I, se realizaron ensayos de expresión heteróloga en *E.coli* BL21. En un primer paso, el dominio que codifica HNHc se clonó en el vector pRSFDuet1, mientras que el gen que codifica a su proteína de inmunidad (DUF7716) fue clonada en pBAD33.1. Posteriormente, cultivos overnight de *E. coli* BL21 (DE3) que coexpresan tanto el dominio HNHc clonado en el vector pRSFDuet1, como el gen codificante de DUF7716 inserto en el plasmidio pBAD33.1, fueron diluidos seriadamente en caldo LB (1:4) y alícuotas de 5 uL fueron sembradas en placas de agar LB suplementadas con Kanamicina, Cloranfenicol, 0,1 mM de IPTG y 1% de L-arabinosa para inducir el efector y su proteína de inmunidad, respectivamente. Las placas se incubaron a 37°C por 24 horas y la inhibición del crecimiento bacteriano se determinó por recuento de UFC/ml en ensayos de plaqueo selectivo. La expresión sólo del dominio HNHc del efector provocó una marcada inhibición del crecimiento, mientras que su coexpresión con la proteína de inmunidad

restauró completamente el crecimiento de *E. coli,* evidenciando protección frente a la toxicidad. Posteriormente, se determinó que HNHc posee actividad DNasa en un ensayo in vivo de degradación plasmidial luego de la inducción del efector. La integridad plasmidial se visualizó en un gel de agarosa al 1%. Nuestros resultados indican que RhsA-HNHc/DUF7716 es un módulo E/I antibacteriano del T6SS codificado en SPI-6 de *S. Tennessee* FA1455 con actividad ADNasa

Keywords: Salmonella, T6SS, efector, proteína de inmunidad, ADNasa
Financing: FONTAGRO ATN/RF-18136-RG, FONDECYT 11240160, 1212075, 1241637, ECOS-ANID ECOS200037 and HHMI-Gulbenkian International Research Scholar Grant #55008749.

RESPONSES OF THE RHIZOSPHERE BACTERIAL COMMUNITY TO PETROLEUM-DERIVED AND NATURAL SUPERABSORBENTS UNDER WATER STRESS.

Manuel Saldivar-Diaz[1,2], María Javiera Guarda-Reyes[2,3,4], Philippe Biron[4], Cornelia Rumpel[4], Patricio Javier Barra[1,5]

(1) Biocontrol Research Laboratory, Universidad de La Frontera, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile
(2) Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile
(3) Nano-Biotechnology Applied Laboratory, Instituto de Agroindustria, Universidad de La Frontera, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile
(4) IRD, CNRS, Sorbonne Université, INRAe — Institut d'Écologie et des Sciences de l'Environnement de Paris (iEES-Paris), 4, place Jussieu, 75005, Paris, France
(5) Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology, Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN-UFRO), Universidad de La Frontera, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

The mitigation of water stress in agroecosystems has expanded the use of petroleum-derived superabsorbents, but their ecological footprint, effects on rhizosphere biota and carbon dynamics remain uncertain. Natural compostable alternatives exist, but comparative evidence under controlled conditions is limited, particularly regarding rhizosphere bacteria and the fate of recently fixed carbon. We tested whether, under water stress, a natural compostable superabsorbent (NSN) performs comparably to a petroleum-derived material (COM) in sustaining rhizosphere bacterial community structure and potential activity, and in modulating recent-carbon signals. In a 60-day controlled-atmosphere pot experiment with ryegrass on an Andisol exposed to a $^{13}CO_2$-labeled atmosphere, we applied four treatments, COM, NSN, water-stressed control (Ctrl+), and well-watered control (Ctrl-), with three biological replicates each. Bacterial communities (16S rRNA gene) were profiled for α/β-diversity and taxonomy; functional potential was estimated using Biolog EcoPlates™ (average well color development, AWCD); %C, %N, C:N, and $\delta^{13}C$ were quantified by EA-IRMS in soil, roots, and leaves. Results showed that α-diversity differed among treatments, with highest richness in COM and lowest in Ctrl+. β-diversity separated Ctrl+ from the remaining treatments (PERMANOVA pseudo-F=6.15, p=0.001). Under Ctrl+, Enterobacteriaceae and Moraxellaceae increased in relative abundance, whereas COM and NSN yielded more even communities. AWCD showed non-significant increases versus Ctrl+ (COM +79%, NSN +45%; one-way ANOVA F=2.39, p=0.160), indicating a tendency toward functional recovery without statistical support. Isotopic responses were compartment-specific. Soil $\delta^{13}C$ was higher in COM than in controls, with NSN intermediate; leaf $\delta^{13}C$ was greater in Ctrl- than Ctrl+, and roots did not differ. NSN increased C:N in soil and leaves. Overall, both superabsorbents mitigated water-stress effects on rhizosphere bacterial structure and tended to enhance functional potential, although their impacts diverged. COM more strongly stabilized community structure and the soil signal of recent carbon, while NSN consistently shifted stoichiometry (higher C:N). These results support context-specific, goal-oriented selection of superabsorbents that

balances microbial structure, recent-carbon retention, and stoichiometric adjustment in the soil–plant–microbiome system.

Keywords: rhizosphere microbiome, water stress, 16S metabarcoding, superabsorbents, 13C stable isotopes
Acknowledgments: This work was supported by ANID through the Doctorado Nacional scholarship and the Beneficio Complementario Pasantía Doctoral en el Extranjero, and by Campus France Chile.

STUDYING THE EFFECT OF THE CARBON SOURCE IN *PYROCOCCUS FURIOUS* CULTURES ON THE SPECIFIC ACTIVITY OF GAPOR IN CELL EXTRACTS

Diego San Martin Figueroa[1], Diego Hidrobo Albornoz[1], Ana-Paula Reyes Reynuaba[1], Felipe Gonzalez[1], Lucía Mellado Acuña[1], Ricardo Cabrera[1]

(1) Universidad de Chile, Departamento Biología, Facultad de Ciencias, Laboratorio de Bioquímica y Biología Molecular, Grupo de Origen de la Vida y Astrobiología, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

Transition metals play a crucial role in the metabolic processes of all living organisms, where they typically serve as electron carriers. Being the heaviest and rarest among all the living organisms, the Tungsten (W). The main superfamily of enzymes involved in W-based catalysis is the Aldehyde Ferredoxin-Oxidoreductases (AOR) that play a role in carbon metabolism, specifically in the interconversion between aldehydes and carboxylic acids. In the hyperthermophilic anaerobic archaeum *Pyrococcus furiosus* AOR enzymes are critically involved in the catabolism of amino acids and carbohydrates. In particular, the gliceraldehyde-3-phosphate ferredoxin oxidoreductase (GAPOR) functions as the primary glycolytic enzyme instead of the more common GAPDH found in other organisms. Although the growth of *P. furiosus* has been characterized in the presence of various carbohydrates as the carbon source, the effect of different carbohydrates on the specific activity of GAPOR in cell extracts has not been studied. The present work describes the effect of the carbon source on the specific activity of GAPOR in cell extracts of *P. furiosus*. We evaluated anaerobic batch cultures (in triplicate) at 90 °C of the anaerobic archaeum using polymeric (starch and pectin), disaccharides (maltose and sucrose), and monosaccharide (glucose) carbon sources. To evaluate differences in the growth rate and GAPOR specific activity, we used the disaccharide maltose (40mM) as a control carbon source. To study the effect of these multiple carbon sources on the growth rate of the archaeum, we assessed the growth curves through absorbance (600nm) and pH change every 6 hours over 30 hours. We measured GAPOR specific activity in crude extracts through the benzyl-viologen (1mM) assay at pH 8,4 with EPPS buffer (50mM) at 65°C using D-gliceraldehyde-3-phosphate (250uM) as substrate, and following the reaction using absorbance (580nm). We used data from the first 30 seconds after substrate addition to measure the initial velocity, to avoid potential noise from P. furiosus hydrogenases. We observed differences in growth rate and GAPOR specific activity between the carbon sources, suggesting that the selection of different carbon sources can lead to an easy way to enhance the production of this enzyme by *P. furiosus.*

Keywords: Tungsten, AOR-Enzymes, *Pyrococcus furiosus*
Financing: Financial support: Fondecyt 1221936.

RELEVAMIENTO DE CULTIVOS MICROBIANOS ANTÁRTICOS COMO POTENCIALES PRODUCTORES DE ÁCIDOS ORGÁNICOS

Agustina Sanders[1], Laura Camesasca[1], María Eugenia Vila[1], Mairan Guigou[1], Claudia Lareo[1]

(1) Departamento de Ingeniería Bioquímica y Bioprocesos, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

Los ambientes extremos ofrecen la posibilidad para el desarrollo de microorganismos con diferentes estrategias metabólicas que le permiten sobrevivir a dichas condiciones. Por lo tanto, son nichos atractivos para la búsqueda de microorganismos novedosos que puedan sintetizar bioproductos con potencial interés biotecnológico. Existe poca información sobre la capacidad de producir ácidos orgánicos por bacterias provenientes de ambientes fríos. La misma estaría vinculada a la solubilización de fosfatos del suelo para convertirlo en formas biodisponibles de fósforo, también puede relacionarse a estrategias de competencia microbiana por un sustrato o incluso algunos estudios sugieren que podría brindarle algunas ventajas adaptativas para tolerar las bajas temperaturas. En este trabajo, se aislaron y evaluaron bacterias provenientes de muestra de suelo y materia orgánica de la Isla Rey Jorge según su capacidad de producir diferentes bioproductos de interés, entre ellos ácidos orgánicos. Se realizó un screening de 129 cultivos bacterianos en medio de cultivo con indicador de pH. Aquellos que lograron una acidificación del medio fueron identificados mediante secuenciación del ARNr 16S. Dentro de los géneros hallados se encuentran: Priestia, Bacillus, Latilactobacillus, Companilactobacillus y Pediococcus. Con el objetivo de evaluar las condiciones de pH y temperatura que permiten el mayor desarrollo celular y producción de los compuestos de interés se utilizó como herramienta estadística el análisis de superficie de respuesta, el cual utiliza diseños factoriales que permiten investigar todas las posibles combinaciones de los niveles de los factores de cada experimento. En este caso se utilizó un diseño compuesto central. De las cepas estudiadas, se obtuvieron los niveles más altos de producción de ácidos orgánicos con la cepa aislada de materia orgánica Companilactobacillus suantsaicola, a pH 9 y 30 °C para el ácido láctico y a pH 5 tanto a 22 como 30 °C para el ácido acético, y la cepa aislada de suelo Priestia megaterium, a pH 7 y 22 °C para ambos ácidos.

Si bien restan muchos estudios por llevar a cabo aún, los cultivos microbianos de origen antártico demostraron tener potencial biotecnológico para la producción de ácidos orgánicos a bajas temperaturas.

Keywords: bacterias antárticas, acidos orgánicos, diseño estadístico

AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE HONGOS Y BACTERIAS MIGRATORIAS EN SUELOS DEL BOSQUE LLUVIOSO VALDIVIANO

Belén Sandoval Espinoza[1,4], Oscar Martínez Viveros[1], Milko Jorquera Tapia[3], Anael Videla Delaigüe[2], Benjamin Diaz[2]

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Av. Rector Eduardo Morales MIranda, Valdivia, Chile
(2) Universidad Austral de Chile, Instituto Ingeniería Agraria y Suelos, Agrarias y Alimentarias, Av. Rector Eduardo Morales Miranda, Valvidia, Chile
(3) Universidad de la Frontera, Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada, Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Temuco, Chile
(4) Programa Magister en Ciencias Mención Microbiología, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile

Se recolectaron muestras de suelo (0–20 cm) en tres zonas representativas del bosque valdiviano. El aislamiento microbiano se efectuó mediante columnas o dispositivos de "carreteras fúngicas", diseñados para favorecer la migración y captura de microorganismos asociados a hifas. Paralelamente, se aplicaron diluciones seriadas para la obtención de cultivos puros. Las bacterias se cultivaron en medios Agar Nutriente, R2A y TSA, mientras que los hongos se desarrollaron en Agar Papa Dextrosa (PDA). La caracterización incluyó la evaluación de rasgos morfológicos y pruebas bioquímicas básicas. La identificación taxonómica se realizó mediante la amplificación y análisis de las regiones ITS para hongos y 16S rRNA para bacterias. Para evaluar el potencial de biocontrol, se implementaron ensayos de confrontación dual in vitro, enfrentando cada aislamiento fúngico y bacteriano contra *Botrytis cinerea*, la cual fue adquirida desde el Banco de Recursos Genéticos Microbiano. Se cuantificó la inhibición radial del crecimiento del fitopatógeno, determinando la capacidad antagonista de cada cepa. Como resultado, se recuperaron hongos filamentosos pertenecientes a los géneros *Trichoderma, Penicillium y Aspergillus*, junto con bacterias de los filos Proteobacteria, Actinobacteria y Firmicutes, lo que refleja adaptaciones a las propiedades fisicoquímicas de los andisoles. Se observó una notable variabilidad en la respuesta antifúngica frente a B. cinerea, destacando cepas con elevada actividad antagonista y perfiles funcionales promisorios. La identificación molecular confirmó la diversidad y singularidad de los aislados, fortaleciendo la evidencia del potencial biotecnológico de la microbiota presente en estos suelos. En conjunto, los resultados permitieron priorizar consorcios hongo–bacteria con capacidades de biocontrol y bioestimulación, aportando fundamentos sólidos para su futura validación en plantas y su eventual transferencia a sistemas productivos locales. Asimismo, el estudio destacó el valor de las carreteras fúngicas in situ como herramienta de bioprospección que integra la ecología microbiana con la agricultura sostenible en un ecosistema de alta biodiversidad.

Keywords: Carreteras fúngicas, suelos volcánicos, bosque lluvioso valdiviano, biocontrol.
Financing: Proyecto FONDECYT N° CÓDIGO: 1240602 titulado "Chilean winter fall-Valdivian forest: an unexplored biodiversity hotspot for the secure agricultural production by using

hitherto-uncultured bacteria"

Acknowledgments: Laboratorio de Micología y Bacteriología Ambiental, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Universidad Austral de Chile. y al Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Universidad de la Frontera.

ESTRUCTURA DE LA RED DE INFECCIÓN ENTRE BACTERIAS FITOPATÓGENAS DE CEREZO DEL GÉNERO *PSEUDOMONAS* Y BACTERIÓFAGOS

Daniela Santic[1], Mauricio Núñez[1], Ninoska Rojas[1], Jorge Araya[1], Uriel Chulak[1], Paulina Pimentel[1], Catalina Méndez[1], Carolina Yáñez[1], Roberto Bastías[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile

El cancro bacteriano es una enfermedad que afecta al cerezo (*Prunus avium*), estudios sugieren que está asociado a un consorcio de bacterias del complejo *Pseudomonas syringae.* Diversos factores ambientales, como la presencia de bacteriófagos, pueden modular la composición y abundancia de estas poblaciones bacterianas. Los fagos forman redes de infección con sus hospederos que pueden adoptar diferentes arquitecturas. Este estudio tiene como objetivo caracterizar la red de interacción entre bacterias del género *Pseudomonas* asociadas a cerezos en la zona centro-sur de Chile y sus fagos. Se construyó una matriz de infección cruzada entre 50 aislados bacterianos, identificados como *Pseudomonas syringae* pv. syringae (Pss), *Pseudomonas syringae* pv. morsprunorum (Psm) y *Pseudomonas viridiflava* (Pv), y 115 fagos, utilizando ensayos de microgota en sobrecapa registrando presencia o ausencia de lisis. La red fue analizada mediante métricas ecológicas: anidamiento (índice NODF), modularidad (índice Q) y conectancia. La red resultante fue altamente anidada (NODF = 68,76) y débilmente modular (Q = 0,184), lo que sugiere la coexistencia de fagos generalistas, capaces de infectar múltiples aislados, y fagos especialistas, con infección restringida a su hospedero original. Además, el patrón de infección se vio influido por la cepa utilizada para aislar el fago: bacterias Pss y Psm fueron infectadas más frecuentemente por fagos aislados en la misma especie bacteriana. Estos resultados serán complementados con análisis filogenéticos de los genomas de bacterias y fagos, lo que permitirá evaluar si la cercanía evolutiva contribuye a las interacciones observadas. Estos hallazgos contribuyen a comprender la ecología de Pseudomonas en agroecosistemas, donde la coexistencia de fagos generalistas y especialistas promueve la estabilidad del consorcio bacteriano en el ambiente. La arquitectura obtenidas en las redes es un primer acercamiento a una estrategia de fagoterapia, la cual no debe basarse en fagos únicos. Por el contrario, se requerirá el diseño de "cócteles de fagos" que aseguren un control amplio (fagos generalistas) y a la vez específico (fagos especialistas) sobre la diversidad de cepas patógenas de Pseudomonaspresentes en el cerezo.

Keywords: *Pseudomonas syringae*, Bacteriófagos, Redes de infección, Anidamiento
Financing: Proyecto FONDEF ID24I10127
Acknowledgments: Proyecto FONDEF ID24I10127PUCVAgroadvance

EVALUACIÓN DE LA DISTRIBUCIÓN SUBCELULAR DE LAS GTPASAS MONOMÉRICAS RAB32 DE *DICTYOSTELIUM DISCOIDEUM*

Andrea Avilés Thom[1], Daniel Escobar Araya[1,2], Fernando Amaya Inzunza[1], Martín Gallardo Mancilla[1], Alonso Ávalos Escalona[1], Sergio Álvarez[1], Esteban Paredes Osses[3], Carlos Santiviago[1]

(1) Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile
(2) Subdepartamento de Investigación e Innovación, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile
(3) Sección de Microbiología de Alimentos, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile

En mamíferos, la GTPasa monomérica Rab32 participa en la biogénesis de distintos compartimientos membranosos intracelulares. Además, se ha reportado que Rab32 es reclutada a la membrana de la vacuola contenedora de distintas bacterias patógenas intracelulares, restringiendo su supervivencia en macrófagos. La ameba *Dictyostelium discoideum* posee 4 proteínas homólogas a Rab32, denominadas Rab32A, Rab32B, Rab32C y Rab32D. Mediante análisis proteómicos se determinó que estas 4 variantes están vinculadas al proceso de macropinocitosis en la ameba. Además, Rab32A se encuentra asociada a fagosomas y a la vacuola contenedora de *Legionella*. Por su parte, observaciones de nuestro grupo permitieron determinar que Rab32A se localiza en la superficie de compartimientos membranosos de tamaño variable al interior de *D. discoideum*. Estos compartimientos incluyen a la vacuola contráctil, responsable de mantener el equilibrio osmótico de este organismo. En este estudio, nos propusimos determinar la distribución subcelular de las demás variantes de Rab32 de D. discoideum. Para esto, se amplificó mediante PCR el ORF de *rab32C y rab32D* a partir de DNA genómico o de una librería de cDNA de *D. discoideum,* respectivamente. En paralelo, se amplificó mediante PCR el ORF de rab32B a partir de un plasmidio comercial que contenía clonada dicha secuencia codificante. Los productos de PCR obtenidos se clonaron individualmente en el vector de expresión pDM334 para generar fusiones al reportero fluorescente GFP en el extremo N-terminal de cada variante de Rab32. Los plasmidios recombinantes generados se transformaron en D. discoideum para analizar la localización intracelular de las proteínas de fusión mediante microscopia confocal. Nuestros resultados mostraron que GFP-Rab32C se localiza asociada a la superficie de compartimientos membranosos de tamaño pequeño en la ameba. A diferencia de Rab32A, no se detectó a GFP-Rab32C asociada a la superficie de la vacuola contráctil. Por otra parte, observamos que GFP-Rab32D se localiza en el citoplasma de la ameba, formando un patrón puntiforme homogéneo. En conjunto, los resultados obtenidos hasta la fecha indican que las variantes de Rab32 de *D. discoideum* presentan distintos patrones de distribución subcelular en esta ameba. Actualmente, estamos generando la cepa transformante de *D. discoideum* que expresa la proteína GFP-Rab32B para completar nuestros análisis.

Keywords: Rab32, GTPasas monoméricas, *Dictyostelium*
Financing: Este trabajo fue financiado por el proyecto FONDECYT 1212075 y las becas CONICYT/ANID 21230807 y 21191925.

EXPRESIÓN HETERÓLOGA Y SECRECIÓN DE PROTEÍNAS DULCES RECOMBINANTES EN *BACILLUS SUBTILIS* MEDIANTE SELECCIÓN IN VITRO DE PÉPTIDOS SEÑAL

Camila Santos[1], Felipe Arenas Salinas[1]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Santiago, Chile

El aumento sostenido de la prevalencia de enfermedades metabólicas asociadas al consumo excesivo de azúcares ha impulsado la búsqueda y desarrollo de edulcorantes alternativos. Actualmente, se comercializan diversos edulcorantes artificiales como aspartamo, acesulfamo de potasio y sucralosa; sin embargo, su inocuidad a largo plazo no está plenamente garantizada, y estudios recientes han reportado una posible asociación entre su consumo y un mayor riesgo de eventos cardiovasculares y enfermedad coronaria. En contraste, las proteínas dulces de origen vegetal, como brazzeína y taumatina, presentan una carga calórica despreciable y un poder edulcorante hasta dos mil veces superior al de la sacarosa, lo que las posiciona como alternativas más seguras, especialmente para personas con patologías como diabetes. No obstante, la obtención directa de estas proteínas a partir de sus plantas nativas de África Occidental es limitada debido a los bajos rendimientos y a las dificultades de cultivo. Para superar estas limitaciones, se ha explorado su producción en sistemas de expresión heteróloga como levaduras, plantas transgénicas, roedores y bacterias; sin embargo, persisten desafíos en la secreción eficiente al medio extracelular y en la escalabilidad industrial del proceso. En este estudio, se optimizó una cepa de Bacillus subtilis, organismo GRAS ampliamente caracterizado y utilizado en la producción de proteínas recombinantes, gracias a la disponibilidad de diversas herramientas de ingeniería genética. En el marco del proyecto, se construyeron vectores de expresión basados en pBE-S con las secuencias de brazzeína y taumatina adaptadas a *B. subtilis*, y se evaluó una biblioteca de 173 péptidos señal. La expresión y secreción de los clones obtenidos se analizó mediante SDS-PAGE, Western blot y ELISA, seleccionándose los 10 más eficientes. Los plásmidos correspondientes fueron secuenciados mediante tecnología Oxford Nanopore Technologies (ONT), identificando la naturaleza de los péptidos señal más efectivos. Este enfoque constituye un avance hacia el desarrollo de una plataforma biotecnológica viable para la producción de edulcorantes proteicos naturales, con potencial aplicación industrial en la formulación de alimentos más saludables.

Keywords: *Bacillus subtilis*, Proteínas dulces, Péptidos señal, Brazzeína, Taumatina
Financing: FONDECYT Regular 1230724

CARACTERIZACIÓN DE *ARTHROBACTER* C9 COMO FUENTE DE BIOMOLÉCULAS DE USO BIOTECNOLÓGICO.

CHARACTERIZATION OF ARTHROBACTER SP C9 AS A SOURCE OF BIOMOLECULES FOR BIOTECHNOLOGICAL USE

Barbara Seguel[1], Rosmary Duhalde[1], Nicolás Riveros[1], Natalia Valdes[3], Nicolás Fernández[2], Nancy Calisto[2], Carla Bittner[1], Alex Gonzalez[1]

(1) Universidad de los Lagos, de Salud, Programa de Investigación en Biomedicina y Biotecnología, Avda Fuchslocher 1305, Osorno, Chile
(2) Universidad de Magallanes, Ingenieria Quimica, Avda Bulnes 01855, Punta Arenas, Chile
(3) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ingeniería Biomédica, Facultad de Ingeniería, Avda B. Ohiggins 3363, Santiago, Chile

La región subantártica de Chile presenta condiciones ambientales extremas como bajas temperaturas y alta radiación UV, lo cual atrae el interés científico debido a las adaptaciones biológicas allí presentes. El objetivo del estudio fue caracterizar molecular y enzimáticamente la cepa bacteriana pigmentada C9, obtenida de una muestra de suelo adyacente a Laguna Amarga, Región de Magallanes. La caracterización microscópica reveló un bacilo Gram positivo. La cepa fue cultivada en aerobiosis a 25°C en agar marino modificado, evidenciando biosintesis de pigmento rojo. Posteriormente se realizó una extracción orgánica y mediante un barrido de espectro UV-Vis, se observaron tres longitudes de onda de máxima absorción 460, 490 y 520 nm, características de pigmentos del tipo carotenoides. Para la caracterización taxonómica se extrajo DNA y se secuencio el gen 16S utilizando los partidores 27F, 1492R, 515F Y 800R, obteniendo una secuencia consenso, la cual indicó un 97,42% de identidad con el género *Arthrobacter*. Para la caracterización de actividad enzimática y metabólica, se realizó un screening en con medios diferenciales (Almidón, Celulosa, Gelatina, Urea, Fosfato, Lipasa). En ellos se observó que Arthrobacter sp C9 evidencia una actividad enzimática de tipo proteasa, lipasa y lecitinasa. Finalmente, se evaluó su susceptibilidad a un set de 18 antibióticos, 9 betalactámicos, 4 aminoglucósidos, 4 quinolonas, 2 tetraciclinas, 1 fenicol y 1 macrólido, mediante método Kirby-Bauer. Se observó resistencia a 7 de los antibióticos betalactámicos (77,8%), 1 de los aminoglucósidos (25%), 1 de tetraciclinas (25%); no se detectó resistencia a quinolonas, fenicoles ni macrólidos. Los resultados obtenidos sugieren que *Arthrobacter* sp. constituye una fuente innovadora de pigmentos, posiblemente del tipo carotenoides. Adicionalmente su pleiotropia le permitiría la síntesis y exportación de diversas enzimas extracelulares que sugieren una ventaja competitiva de adaptación frente a comunidades microbianas en ambientes extremos. Desde la perspectiva biotecnológica, los extremófilos, particularmente la cepa C9, evidencia un potencial de aplicación industrial basada en la síntesis de biomoléculas activas de origen natural.
Keywords: Arthrobacter, subantártico, Chile, Biotecnología

Acknowledgments: RTI21-22 DI-Ulagos “Desarrollo biotecnológico de valorización de residuos de la industria láctea mediante el uso de microorganismos extremófilos patagónicos”.

ANTIFUNGAL ACTIVITY OF CHILEAN AQUEOUS EXTRACTS OF *CAPSICUM* SPP. AGAINST PLANT PHYTOPATHOGEN AND AGRIFOOD SPOILAGE FUNGIAND THEIR TOXICITY IN BIOLOGICAL MODELS

Marcela Sepulveda[1,2], Yasna Cayún[3], Victor Gallardo[1,4], Marcia von Zeska Kress[5], Michel Abanto[3], Vania Vicente[2], Cledir Santos[3,4]

(1) Doctoral Program in Science of Natural Resources, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile
(2) Postgraduate Program in Microbiology, Parasitology and Pathology, Federal University of Paraná, Curitiba, Brazil
(3) BIOREN-UFRO Scientific and Technological Bioresource Nucleus, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile
(4) Postgraduate Program in Biotechnology, Federal University of Technology-Paraná, Ponta Grossa, Brazil
(5) Department of Clinical Analysis, Toxicology and Food Sciences, School of Pharmaceutical Sciences of Ribeirão Preto, University of São Paulo, Ribeirão Preto, São Paulo, Brazil

The increase in fungal resistance to synthetic antifungals used in agrifood production has brought the need to develop new technologies based on an eco-friendly approach. The main aim of this work was to evaluate the antifungal potential of Chilean *Capsicum* spp. extracts against plant phytopathogen and spoilage fungi found in agrifood production and evaluate the in vivo ecotoxicological impact in biological models. Five different varieties of Chilean *Capsicum* spp. were obtained from both farmers and local markets in the city of Temuco, Chile. Pepper species and varieties were confirmed by a Botanist at the Universidad de La Frontera (Chile). (Cacho-de-Cabra, Bell pepper, Hungarian Wax and Cristal varieties). Aqueous extracts were obtained by blending the freeze-dried puree with 300 mL distilled water and incubated at 90 °C for 20 minutes in a water bath. The determination of capsaicinoid content and total polyphenols were performed on a HPLC system. The antioxidant activity was carried out in a microplate reader using the DPPH and CUPRAC method. Reference fungal strains were subjected to susceptibility tests against different concentrations of each pepper pod extract. Pure capsaicinoids and amphotericin B were used as standard. The toxicity of pepper varieties was evaluated using the biological models *Galleria mellonella* and Tenebriomolitor larvae. Significant differences in the concentration of capsaicinoids were observed among the different varieties of the same Capsicum species. The aqueous extracts affected the macro- and micro-morphological features of the analysed filamentous fungal strains. After treatments, fungal strains belonging to the genera *Alternaria, Aspergillus, Fusarium, Penicillium and Rhizopus* produced mycelium with thinning, fragile and easily-break structure. In addition, their conidiophores became fragile presenting easily- break structures. For Alternaria genera, the main alteration was the conidiogenesis inhibition. These results suggest the fungistatic potential of aqueous extracts. Besides, the concentrations tested did not present toxicity when evaluated in vivo using *Galleria mellonella* and Tenebrio molitor larvae as a study model. Results suggest pepper extracts could not kill non-target fungal biodiversity but could control the growth and reproduction of some fungal plant

phytopathogen. Additional work is being developed in the field to validate the in vitro results.

Keywords: Capsaicinoids, food safety, secondary metabolites, antifungal resistance
Financing: This work was funded by ANID (Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo, Chile) through the project ANID/FONDECYT/1221024.
Acknowledgments: M.S. thanks to ANID (Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo, Chile) for the 5633/2024 PhD. Grant and to the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES for the 88881.996304/2024-01 PhD. Grant.

AISLAMIENTO Y CULTIVO ANAERÓBICO DE BACTERIAS RESISTENTES A METAL(OID)ES PESADOS PROVENIENTES DE RELAVES MINEROS ABANDONADOS EN PETORCA, CHILE

Maria jose Sepulveda Garrido[1], Roberto Orellana[1]

(1) Universidad de Playa Ancha, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Valparaíso, Chile

Background:

Chile posee un total de 795 depósitos de residuos mineros, de los cuales un 82% se encuentran abandonados o inactivos. Estos relaves representan una fuente persistente de contaminación ambiental al liberar metales pesados, generando riesgos para la salud humana y ecosistémica. La comuna de Petorca presenta una alta densidad de relaves próximos a zonas pobladas, configurando un punto crítico de exposición ambiental. Esta situación involucra no solo la dispersión química de metales, sino también comunidades microbianas asociadas a partículas metálicas, con un posible rol en la resistencia, transformación o inmovilización de contaminantes.

Methods:
En febrero de 2025 se recolectó material particulado del relave minero "Petronila Díaz", caracterizado por altas concentraciones de arsénico. A partir de estas muestras se obtuvieron aislados bacterianos mediante técnicas de cultivo en condiciones controladas. Los cultivos se mantuvieron en medios TSA y TSB, con transferencias sucesivas y diluciones seriadas para lograr cultivos puros. Posteriormente, se incubaron en cámara anaeróbica con el fin de favorecer el crecimiento de cepas adaptadas a ambientes sin disponibilidad de oxígeno. La resistencia se evaluó en medios con concentraciones crecientes de arsénico, y la cuantificación celular se realizó mediante espectrofotometría y tinción con naranja de acridina en el equipo Cytation 5.

Results:
Se obtuvieron aislados bacterianos capaces de crecer de manera estable en condiciones anaeróbicas. Los cultivos iniciales sugieren la presencia de comunidades microbianas facultativas con potencial resistencia a metales pesados, manteniéndose metabólicamente activas en condiciones derivadas del relave. Estos resultados preliminares serán complementados con ensayos que permitan elucidar la capacidad de dichos aislados de llevar a cabo procesos de oxidoreducción relacionados con As.

Conclusion:
El aislamiento y cultivo de bacterias provenientes de relaves mineros permite identificar microorganismos con potencial de resistencia y adaptación frente a ambientes altamente contaminados. Estos hallazgos iniciales constituyen una base para futuros estudios de caracterización molecular y funcional, con miras a aplicaciones en biorremediación y monitoreo ambiental, especialmente en relaves abandonados o inactivos cercanos a zonas densamente pobladas.

LA ACTIVIDAD METANOTRÓFICA DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS MARINAS CONTRIBUYE A LA MITIGACIÓN DE LA EMISIÓN DE METANO HACIA LA ATMÓSFERA EN EL OCÉANO ÁRTICO

Nayla Serey Suil[1,2], Julieta Orlando[1,2], Elie Poulin[1,2], Léa Cabrol[2,3,4]

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile
(2) Instituto Milenio de Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile
(3) Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Santiago, Chile
(4) Instituto Mediterráneo de Oceanografía (MIO), Marsella, Francia

Los océanos son una de las fuentes naturales de emisión atmosférica de metano (CH4), un potente gas de efecto invernadero. La producción biótica de CH4 se atribuye principalmente a la actividad microbiana anaeróbica metanogénica que degrada la materia orgánica en los sedimentos, luego el CH4 migra a través de la columna de agua hacia la superficie donde se acumula. Por otro lado, a lo largo de la columna de agua, bacterias metanotróficas consumen el CH4 como fuente de carbono, regulando su concentración. El océano Ártico, considerado tanto fuente como sumidero de CH4 dependiendo de las zonas, es una región fuertemente impactada por el cambio climático. El aumento de temperaturas altera tanto el flujo de CH4 entre el océano y la atmósfera, como también la estructura y actividad de las comunidades microbianas. Comprender cómo estas comunidades contribuyen al ciclo del CH4 en esta región es clave para evaluar su papel en la dinámica global de gases de efecto invernadero. Se realizaron dos expediciones en el océano Ártico durante julio de 2024 y junio de 2025 a bordo del rompehielos Le Commandant Charcot, donde se recolectaron 86 muestras de agua de mar a diferentes profundidades y de hielo marino. Se midieron los parámetros fisicoquímicos con un sistema FerryBox/CTD y la concentración de CH4 disuelto in situ con el analizador LI-COR LI-7810 Trace Gas Analyzer. Además, las muestras se incubaron en microcosmos a 4 °C durante 14-30 días para determinar la actividad de metanotrofía. La concentración de CH4 disuelto en el mar superficial fue mayor a los niveles atmosféricos, cuya concentración se correlaciona inversamente con la temperatura y varía según la presencia de hielo, la profundidad y/o la distancia hacia la costa. Por otra parte, la actividad metanotrófica mostró distinta velocidad de consumo según la temperatura y el origen de la muestra. Las mediciones indican que existe una mitigación de metano en el océano Ártico. Estos ensayos evidencian el rol de las comunidades microbianas como reguladoras del CH4 en zonas emisoras de este gas en el océano Ártico.

Keywords: Metano, Metanotrofía, Océano Ártico, Cambio climático
Financing: FONDECYT 1211672 – ICN2021_002 – Ponant Cie.

SEARCHING FOR TUNGSTEN-DEPENDENT ENZYMES IN MICROBIAL MATS OF INTERTIDAL HYDROTHERMAL SPRINGS.

Manuel Silva Gaete[1], Patricio Arros Muñoz[2], Camilo Berrios Pasten[2], Matias Gálvez Silva[3], Andres Marcoleta Caldera[2], Ricardo Cabrera Paucar[1]

(1) Universidad de Chile, Laboratorio de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, 7800003 Ñuñoa, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Facultad de Ciencias, Pje. Las Encinas 3350-3370, 7800020 Ñuñoa, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(3) PhageLab, Vicuña Mackenna 4860, Macul, Región Metropolitana., Santiago, Chile

Hot springs have been proposed as a model for the study of the early Earth and the evolution of the abiotic molecular components necessary for life; they also represent the main supply of tungsten (W) in the environment. This metal ion is carried from deep within the Earth's crust to the surface by rising hot hydrothermal fluids. Importantly, it is the only transition metal of the third series with a known biological function. The main superfamily of enzymes involved in W-based catalysis is the Aldehyde Ferredoxin Oxidoreductase (AOR) superfamily.

Initially, publications related to this superfamily identified their presence only in anaerobic hyperthermophilic Archaea, but recent phylogenetic studies have shown a wide distribution of these enzymes in the Bacteria domain. Environmental studies have come only from environments with euxinic conditions (high sulfur and low O2), such as hot springs. However, intertidal hot springs, which show variable geochemical composition due to the interaction between hot and cold water masses produced by daily and seasonal tidal changes, have not been studied for the presence of these enzymes. These changes increase the concentration of bioavailable oxygen for the microbial communities present. The objective of this study is to identify the presence of AOR enzymes and W transporters in these intertidal hot springs, where the variable oxygen concentration could affect the bioavailability of this metal.

In this research, we studied the presence of genes encoding AOR and W transporters in three samples of environmental microorganisms from intertidal hot springs in Aysen Fjord and General Carrera Lake, both under the influence of the Triple Junction of Chile. Using metagenomic approaches, 106 nearly-complete and medium- to high-quality MAGs were reconstructed. Detection of W utilization genes was carried out by using hidden Markov model (HMM) profiles against the recovered genomes. Ten MAGs were found to encode AOR enzymes and W transporters, distributed across 9 genera of aerobic, facultative anaerobic, and strict anaerobic organisms. These results support the idea that W utilization in microorganisms is not limited to euxinic environments, enabling a wider understanding of their environmental distribution in ecological niches little-explored for these genes.

Keywords: hotsprings, tungsten, oxidoreductase, metagenomics, bioinformatics
Financing: Funded by FONDECYT 1221936 and FONDECYT 1221193

EL EFECTOR CANDIDATO SED_RS06235 CODIFICADO EN EL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO VI DE LA ISLA SPI-19 DE SALMONELLA DUBLIN EJERCE ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA

Victoria Soriano[1], Ayleen Parra Calisto[2], Carlos J. Blondel[3], Fernando A. Amaya[4], Carlos A. Santiviago[4], David Pezoa[1]

(1) Universidad de las Américas, Laboratorio de Investigación, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Department of Chemical Engineering, Biotechnology and Materials, Centre for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB), Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Beauchef 851, Santiago, Chile
(3) Universidad Andrés Bello, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina y Facultad de Ciencias de la Vida, Echaurren 183, Santiago, Chile
(4) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile

Los Sistemas de Secreción Tipo VI (T6SS), ampliamente distribuidos en bacterias Gram-negativo, contribuyen en competencia interbacteriana y patogénesis. Los T6SS son sistemas contráctiles que inyectan proteínas efectoras hacia células blanco procariontes y/o eucariontes. En Salmonella, existen cinco clusters de genes T6SS codificados en las islas SPI-6, SPI-19, SPI-20, SPI-21 y SPI-22, distribuidas diferencialmente entre distintos serotipos. Salmonella enterica serotipo Dublin (S. Dublin) es un patógeno adaptado a bovinos que posee tanto el T6SSSPI-6 como T6SSSPI-19, que contribuyen a competencia interbacteriana y colonización. Sin embargo, el repertorio de efectores de estos sistemas es motivo de estudio actualmente. Mediante análisis bioinformáticos y genómicos comparativos identificamos en SPI-19, entre otros, al módulo SED_RS06235/SED_RS06230 que codifica un efector antibacteriano con actividad peptidoglicano hidrolasa putativa junto a su proteína de inmunidad. Para determinar si SED_RS06235 posee actividad antibacteriana, se realizaron ensayos de competencia interbacteriana usando diferentes combinaciones de cepas atacantes y presas. La supervivencia de una mutante que carece del efector, manteniendo intacto el gen de su proteína de inmunidad (SED_RS06230), no fue afectada luego de la incubación con la cepa silvestre. Por el contrario, la supervivencia de la mutante que carece del módulo SED_RS06235/SED_RS06230 se redujo al coincubarse con la cepa silvestre. La viabilidad de mutantes que carecen del efector o del módulo E/I completo no se afectó cuando se coincubaron. Para confirmar estos resultados, se realizaron ensayos de expresión heteróloga. En efecto, cultivos overnight de *E. coli* BL21 que coexpresan tanto el efector SED_RS06235 clonado en el vector pRSFDuet1, como el gen SED_RS06230 inserto en el plasmidio pBAD33.1, fueron diluidos seriadamente en caldo LB (1:4) y alícuotas de 5 uL fueron sembradas en placas de agar LB suplementadas con Kanamicina, Cloranfenicol, 0,1 mM de IPTG y 0,4% de L-arabinosa para inducir el efector y su proteína de inmunidad, respectivamente. Las placas se incubaron a 37°C por 24 horas y la inhibición del crecimiento bacteriano se determinó por ensayos de plaqueo selectivo. La expresión de SED_RS06235 provocó una marcada inhibición

del crecimiento, mientras que su coexpresión con SED_RS06230 restauró completamente el crecimiento de *E. coli*, evidenciando protección frente a la toxicidad de SED_RS06325

Keywords: Salmonella, T6SS, efector, proteína de inmunidad, antibacteriano
Financing: FONTAGRO ATN/RF-18136-RG, FONDECYT 11240160, 1212075, 1241637, ECOS-ANID ECOS200037 and HHMI-Gulbenkian International Research Scholar Grant #55008749.

HACIA LA RESTAURACIÓN FORESTAL SOSTENIBLE: PERSPECTIVAS MICROBIANAS DE *NOTHOFAGUS ALPINA*

Javier Coronil[1,2], Marcela Bustamante[2], Eduardo Cartes[3], Katherine Sossa[1,2]

(1) Universidad de Concepción, Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Centro de Biotecnología, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Forestales, Concepción, Chile
(3) Centro Tecnológico de la Planta Forestal, INFOR,, Chile

Chile se ha comprometido a restaurar más de 500.000 hectáreas de ecosistemas y bosques nativos al año 2030, en el marco de acuerdos internacionales como el Acuerdo de París (COP21), promoviendo el uso de plantas nativas producidas localmente. Sin embargo, la propagación de muchas especies nativas sigue siendo limitada, especialmente por las características de sus semillas, que dificultan su producción a gran escala. Las especies del género Nothofagus, particularmente *Nothofagus alpina* (raulí), presentan baja viabilidad y germinación, lo que representa un desafío crítico para los programas de restauración. Esto resalta la necesidad de estrategias innovadoras que mejoren la calidad y rendimiento de las plántulas.

En los últimos años, los enfoques biotecnológicos han explorado el uso de microorganismos benéficos —bacterias y hongos— para promover la germinación y el vigor inicial de las plantas. Este estudio tuvo como objetivo identificar y caracterizar microorganismos rizosféricos y endófitos asociados a semillas de Nothofagus recolectadas en distintas regiones de Chile, y evaluar su efecto sobre la germinación de *N. alpina.*

Las semillas fueron caracterizadas según las directrices de ISTA (2016) para determinar su calidad y viabilidad. Posteriormente, se aislaron y describieron fenotípica y molecularmente los microorganismos asociados, identificando mecanismos funcionales vinculados a la promoción del crecimiento vegetal, como producción de auxinas y giberelinas, solubilización de fosfato y actividad de ACC desaminasa. Se aislaron alrededor de 38 bacterias, de los cuales dieciséis aislados produjeron ácido indolacético (AIA), tres giberelinas, trece solubilizaron fosfato y una mostró actividad de ACC desaminasa.

Con base en estas propiedades, se seleccionaron cepas para ensayos de germinación con semillas de N. alpina en viveros del Instituto Forestal (INFOR). Los resultados mostraron que las semillas provenientes de Quilleco respondieron mejor a la inoculación, con incrementos de germinación de hasta un 50%, y tres inóculos promovieron significativamente el crecimiento inicial de las plántulas.

Estos hallazgos aportan evidencia sobre el potencial de los microorganismos nativos como promotores del crecimiento vegetal, proponiendo una estrategia ecológica y rentable para mejorar la productividad en viveros y fortalecer los programas de restauración forestal sostenible en Chile.

Financing: Financiado por: Proyecto FIBN 017-2022

RECONFIGURACIÓN INICIAL DEL MICROBIOMA RIZOSFÉRICO DE TRIGO TRAS DONACIÓN DE MICROBIOTA DE SUELO ANTÁRTICO: EL ESTRÉS ABIÓTICO COMO PRINCIPAL DETERMINANTE

Constanza Soto[1,2], Benjamín Jorquera[3], Evelyn Briones[3], Paola Durán[4,5], Patricio Javier Barra[3], Julieta Orlando[1,2]

(1) Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile
(2) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile
(3) Centro de Interacciones Planta-Suelo y Biotecnología de Recursos Naturales, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO), Universidad de la Frontera, Temuco, Chile
(4) Laboratorio de Investigación en Biocontrol, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO), Universidad de La Frontera, Temuco, Chile
(5) Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Departamento de Producción Agropecuaria, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

La sequía y deficiencia de fósforo limitan fuertemente la producción de cultivos esenciales como el trigo, más aún cuando se presentan de forma simultánea. No obstante, el microbioma rizosférico cumple un rol determinante en la respuesta de la planta frente a condiciones adversas. En este contexto, la transferencia de microbiota de suelo antártico representa una estrategia prometedora, al aportar comunidades microbianas naturalmente adaptadas a ambientes con baja disponibilidad de agua y nutrientes. Dichas comunidades, con rasgos clave, podrían potenciar la tolerancia de los cultivos frente a estreses abióticos múltiples, cada vez más frecuentes bajo escenarios de cambio climático.

Para evaluar esta hipótesis, se implementó un experimento multifactorial en condiciones controladas, con ciclos sucesivos de cultivo de trigo sometidos a déficit hídrico y/o de fósforo, con y sin donación de suelo antártico. En este trabajo se presentan los resultados del primer ciclo de cultivo, enfocado en la caracterización de las comunidades bacterianas de los suelos donante (Bahía Fildes, Antártica) y receptor (Cunco, Araucanía), y de los suelos rizosféricos tras la transferencia de microbiota. Para esto, se extrajo el DNA del suelo rizosférico y se secuenció la región V3-V4 del gen 16S rRNA, seguido del análisis de la composición y diversidad microbiana.

Los resultados mostraron diferencias claras entre los suelos iniciales. Ambos estuvieron dominados por Actinomycetota, Acidobacteriota, Pseudomonadota y Chloroflexota, aunque con variaciones relevantes a nivel de género. El suelo antártico presentó menor diversidad alfa, y el análisis de diversidad beta evidenció comunidades bien diferenciadas entre ambos orígenes. Tras el primer ciclo de cultivo, el microbioma rizosférico se reestructuró respecto a los suelos iniciales, siendo el estrés abiótico más determinante que la transferencia de microbiota antártica. En particular, los tratamientos con estrés combinado mostraron la mayor divergencia frente a los controles.

En conclusión, la reestructuración del microbioma rizosférico ocurre rápidamente tras el cultivo de trigo, siendo el estrés abiótico el principal determinante de su configuración inicial. Aunque la transferencia de microbiota antártica no mostró un efecto predominante, el seguimiento de ciclos posteriores permitirá evaluar su contribución a la persistencia de taxones adaptados y a la tolerancia del trigo en escenarios agrícolas adversos.

Keywords: Microbioma rizosférico, Estrés abiótico, Trigo, Donación de microbiota, Antártica
Financing: ANID – Programa Iniciativa Científica Milenio – ICN2021_002, ANID - Proyecto Anillo ATE220038, ANID - Proyecto Fondecyt Regular 1241293.

NOVEL INSIGHTS INTO THE ULTRASTRUCTURE OF EXTRACELLULAR DNA TRAPS IN *DICTYOSTELIUM DISCOIDEUM*

Tabata Soto[1], Paulina Aguilera[2], Diego Rojas[1], Francisco P. Chávez[1], Andrés E. Marcoleta[2]

(1) Systems Microbiology Laboratory, Faculty of Sciences, University of Chile., Santiago, Chile. (2) Integrative Microbiology Group, Structural and Molecular Biology Laboratory, Faculty of Sciences, University of Chile., Santiago, Chile.

Dictyostelium discoideum is a social amoeba widely used as a model organism in biological research, recognized as a professional phagocyte and distinguished by a life cycle encompassing both unicellular and multicellular stages. This organism shares several features with cells of the mammalian immune system, where differentiated cells from the multicellular stage, called S cells, have been shown to form extracellular DNA traps (ETs), a process first described in neutrophils and termed ETosis. Our group recently found that ET formation in *D. discoideum* is not limited to S cells, as vegetative cells can also undergo ETosis when exposed to bacteria or their lipopolysaccharide (LPS). Nevertheless, the ultrastructural characteristics of ETs produced by *D. discoideum* remain unknown.

To address this, various experiments were performed using advanced microscopy techniques to characterize these structures. First, fluorescence confocal microscopy was used to evaluate ET formation by stimulating *D. discoideum* cells with the hypervirulent strain *Klebsiella pneumoniae* SGH10, both live and heat-killed. The SYTOX Green probe, which primarily binds extracellular DNA, was used, revealing the formation of net-like structures under all tested conditions, with higher ET production in the heat-killed bacterial treatment. To date, no other studies have reported the use of scanning electron microscopy (SEM) to visualize ETs produced by *D. discoideum*. Therefore, we standardized an SEM protocol using different chemical fixatives, including glyoxal and osmium tetroxide, at varying times. Using this approach, we observed filamentous structures associated with D. discoideum cells stimulated with *K. pneumoniae* LPS, closely resembling the ultrastructure of ETs described in neutrophils. This study constitutes the first report of the ultrastructure of ETs released by *D. discoideum* using SEM, establishing a methodological framework that can be applied to the ultrastructural analysis of ETs in other cell types and further studies on immune-like responses in this amoeba.

Keywords: ETosis, Extracellular DNA Traps, *Dictyostelium discoideum, Klebsiella pneumoniae*
Financing: FONDECYT 1221193 y FONDECYT Postdoctorado 3240534.

PROSPECTING THE RHIZOSPHERE MICROBIOME OF *EMBOTHRIUM COCCINEUM* IN EXTREME CHILEAN ENVIRONMENTS: A BIOENGINEERING STRATEGY TO CONFER COLD TOLERANCE IN *SOLANUM LYCOPERSICUM*

Silvia Struve Villalobos[1,2], Benjamín Jorquera[2], Evelyn Briones[2,3], Paola Durán[2,3,4], Giovanni Larama[2,3], María de la Luz Mora[2], Mabel Delgado[2], Patricio Barra[2,3]

(1) Universidad de La Frontera, Doctorate Program in Natural Resource Sciences, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile
(2) Universidad de La Frontera, Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources 10 Biotechnology, Scientific and Technological Bioresource Nucleus, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile
(3) Universidad de La Frontera, Scientific and Technological Bioresource Nucleus, 12 Biocontrol Laboratory, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile
(4) Universidad de La Frontera, Department of Agricultural Sciences and Production, Faculty of Agricultural and Environmental Sciences, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile

Plants thriving in extreme environments, such as the Andean and Patagonian ecosystems of Chile, have developed physiological adaptations and coevolved with functional microbiomes that are key to their survival. *Embothrium coccineum* (Proteaceae), a native species adapted to acidic, oligotrophic soils and low temperatures, represents an ideal model for prospecting microbial consortia with biotechnological potential. This study aimed to characterize the rhizosphere microbiome of *E. coccineum* across an edaphoclimatic gradient and evaluate its potential to improve cold-stress tolerance in tomato (*Solanum lycopersicum*) through soil transplantation.

Rhizosphere samples of *E. coccineum* were collected from four ecologically contrasting sites: Villarrica Volcano, Osorno Volcano, Torres del Paine National Park, and a commercial nursery (Los Troncos). Bacterial communities were profiled using 16S rRNA gene sequencing with PacBio HiFi. Subsequently, a growth chamber assay was conducted where an Andisol (from Cholchol) was inoculated with 10% rhizosphere soil from Osorno (CHVO) and Torres del Paine (CHTP). Tomato plants grown in these substrates were subjected to cold stress, and physiological parameters (gas exchange, chlorophyll fluorescence), biomass, and oxidative damage (MDA) were evaluated.

The rhizosphere microbiome of *E. coccineum* was consistently dominated by the phyla Proteobacteria, Acidobacteriota, and, in some sites, Actinobacteriota. Despite edaphic differences, a conserved core of 157 OTUs shared among all sites was identified, suggesting a strong host selection effect. Genera with key functional traits such as *Bradyrhizobium, Burkholderia, and Granulicella* were consistently abundant.

In the greenhouse assay, tomato plants grown in amended soils displayed only modest improvements under cold stress, although the plants tended to maintain slightly higher photosynthetic rates, water-use efficiency, and biomass, as well as lower MDA accumulation

compared to the unamended control. Notably, Torres del Paine inoculum showed a marginal advantage over Osorno in biomass retention and MDA reduction.

Our findings highlight that *E. coccineum* recruits rhizosphere microbiomes functionally adapted to the acidic and cold soils of southern Chile. While effects in the first generation were modest, potential cumulative or intergenerational benefits underscore the promise of microbiome engineering through native consortium transfer as a strategy to enhance crop resilience under climate stress.

Keywords: *Embothrium coccineum*, Rhizosphere microbiome, Cold stress, Microbiome engineering
Financing: DiUFRO Nexer DNX22-0009, FONDECYT Regular Projects 1241293 and 1210684.
Acknowledgments: BIOREN-UFRO, Laboratorio de Investigación en Biocontrol (liblab.cl), and the Soil and Plant Laboratory at Universidad de La Frontera.

GENETIC DIVERSITY AND GEOGRAPHICAL DISTRIBUTION OF ATYPICAL *AEROMONAS SALMONICIDA* IN FARMED ATLANTIC SALMON (*SALMO SALAR*) FROM CHILE.

Karina Kusch[2], Juan Pablo Pontigo[1], Diego Caro[2], Rudy Suarez[2,3], Isabel Fuenzalida[2], Claudio Miranda[3], Marcos Godoy[1,2], Fred Kibenge[4], Molly Kibenge[4]

(1) Universidad San Sebastian, Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias de la Naturaleza, Lago Panguipulli 1390, Puerto Montt, Chile
(2) Centro de Investigaciones Biológicas Aplicadas (CIBA), Lago Panguipulli 1390, Puerto Montt, Chile
(3) Universidad Católica del Norte - Programa Cooperativo de Doctorado en Acuicultura, Departamento de Acuicultura, Facultad de Ciencias del Mar, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile
(4) University of Prince Edward Island, Department of Pathology and Microbiology, Atlantic Veterinary College (AVC), 550 University Ave, Charlottetown, Canadá

Introduction
Bacteria of the genus *Aeromonas* are Gram-negative, facultative anaerobic bacilli widely distributed in aquatic environments (Ajmi et al., 2025; Majeed et al., 2023). Among them, Aeromonas salmonicida is recognized as the etiological agent of furunculosis, a systemic disease that primarily affects salmonids (Godoy et al., 2024). This species exhibits marked phenotypic and genotypic variability, leading to its classification into typical and atypical strains based on pigment production on solid media, and into mesophilic or psychrophilic strains according to thermal tolerance. In Chile, furunculosis was first diagnosed in 1995 in Atlantic salmon (*Salmo salar*), rapidly spreading through freshwater and estuarine systems. The inclusion of *A. salmonicida* antigens in multivalent vaccines from 2002 successfully controlled the disease, limiting outbreaks to freshwater hatcheries. However, since 2022, new clinical cases associated with atypical strains have been reported. The objective of this study was to determine the genetic variability of atypical A. salmonicida isolates obtained from recent outbreaks in farmed Atlantic salmon in Chile.

Methodology
Pathological, histological, and epidemiological data from 41 clinical outbreaks recorded between 2022 and 2025 were analyzed. Strains were characterized through whole-genome sequencing (WGS). Whole-genome single nucleotide polymorphisms (wg-SNPs) were identified using Snippy and evaluated with ModelTest-NG to select the optimal nucleotide substitution model. Phylogenetic trees were constructed using the Maximum Likelihood method in IQ-TREE. Recombination events were corrected with ClonalFrame/ClonalFrameML, and clonal relationships were visualized in iTOL. Core genome analysis was performed with Panaroo, complemented by Average Nucleotide Identity (FastANI) and pairwise SNP distance matrices. Additionally, an MLST analysis based on seven conserved genes (atpD, dnaJ, dnaX, gyrA, gyrB, recD, and rpoD) was conducted, aligned with MAFFT, and inferred with IQ-TREE using ultrafast bootstrap.

Results and Conclusion

Chilean isolates exhibited high genomic similarity (ANI 97–99%), with notable variation in virulence and antimicrobial resistance genes. These findings reveal substantial genetic diversity, phenotypic plasticity, and adaptive potential among atypical A. salmonicida strains, suggesting recent evolutionary processes driven by environmental conditions and antimicrobial pressure in local aquaculture.

Keywords: Epidemiología molecular, salmón, Furunculosis atípica, *Aeromonas salmonicida* atípicas
Financing: Centro de Investigaciones Biológicas Aplicadas SpA (CIBA).
Acknowledgments: Centro de Investigaciones Biológicas Aplicadas SpA (CIBA).Fondecyt de Iniciación en Investigación 2025 - Nº 11251070.

AISLAMIENTO DE CEPAS DE *ESCHERICHA COLI* MULTIRRESISTENTES A ANTIBIÓTICOS EN MOSCAS CAPTURADAS DESDE UNA LOCALIDAD DE LA REGIÓN METROPOLITANA

CECILIA SHIRLEY TORO UGALDE[1], Juan Carlos Salazar[1], Francisco Silva[2], Mauricio Canals[3], Fabián Duarte[4], Vanessa Méndez[5], Dalton Millán[6], Daniela Canales[7], Gabriel Joo[7], Salvador Zúñiga[8]

(1) Universidad de Chile, Núcleo Interdisciplinario de Microbiología, ICBM, Facultad de Medicina, Independencia 10127, Independencia, Santiago, Chile
(2) Hospital Clínico Universidad de Chile, Servicio de Laboratorio Clínico, Laboratorio de Microbiología, Dr. Carlos Lorca Tobar 999, Independencia, Santiago, Chile
(3) Universidad de Chile, Programa de Salud Ambiental, Instituto de Salud Poblacional, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Independencia, Santiago, Chile
(4) Universidad de Chile, Estudiante del Magíster en Microbiología, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Independencia, Santiago, Chile
(5) Universidad de Chile, Estudiante del Magíster en Parasitología, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Independencia, Santiago, Chile
(6) Universidad de Chile, Estudiante de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Independencia, Santiago, Chile
(7) Universidad de Chile, Estudiante de Bioquímica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Independencia, Santiago, Chile
(8) Universidad de Concepción, Estudiante de Biología Marina, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Barrio Universitario, Concepción, Concepción, Chile

La diseminación de bacterias multirresistentes a los antibióticos genera un grave problema para la salud pública, proyectando para el año 2050 que éstas serán la causa de muerte más frecuente del ser humano. En la búsqueda de estrategias que permitan enfrentar este problema globalmente, surge la mirada "One Health", que congrega esfuerzos desde la medicina humana, veterinaria y su relación con el ecosistema. Debido a la continua descarga de antimicrobianos al medio ambiente, se seleccionan microorganismos resistentes. Los insectos sinantrópicos, en particular las moscas, desempeñan un papel importante en la diseminación bacteriana y también participarían en la diseminación de determinantes de resistencia a los antibióticos. Sin embargo, este aspecto no se ha estudiado en Chile. Nuestro objetivo es caracterizar y comparar el patrón de susceptibilidad a antibióticos de bacterias aisladas de moscas desde ambientes peridomiciliarios y perihospitalarios. Para ello, capturamos moscas en las cercanías de la Plaza de Armas y del Hospital El Carmen de Maipú; las identificamos de acuerdo a género y especie, y luego aislamos las bacterias que transportan, las identificamos mediante MALDITOF, determinamos la susceptibilidad a ampicilina, amoxicilina/ácido clavulánico, cefotaxima, cloranfenicol, tetraciclina, gentamicina, estreptomicina, amikacina, trimetoprim, cotrimoxazol, ciprofloxacino, imipenem, ertapenem y meropenem, por el método de difusión según los criterios CLSI 2024. De 65 moscas analizadas, se aislaron bacterias que normalmente se encuentran en el medio ambiente y en el tracto intestinal de humanos y mamíferos. A partir de éstas, enfocamos el estudio en la caracterización de *E. coli* aisladas de 22 moscas. De las 36 cepas de *E. coli* analizadas,

el 58% (n=21) es sensible a los 14 antibióticos estudiados, 17 de ellas aisladas en el entorno hospitalario. Solo cinco cepas presentaron resistencia a tres o más antibióticos, con patrones de resistencia diversos, incluyendo la mayoría resistencia a ampicilina y trimetoprim; cuatro de estas cepas provienen del ambiente peridomiciliario y una del ambiente perihospitalario. En conclusión, en este trabajo no se observa mayor portación de bacterias resistentes en moscas aisladas de ambientes perihospitalarios, lo que refuerza la necesidad de ampliar el estudio para determinar si estos insectos participan como vectores de la resistencia a los antibióticos.

Keywords: multirresistencia a antibióticos, One Health, moscas
Financing: Proyecto FIIS 2023, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

REGULACIÓN DE LOS NIVELES INTRACELULARES DE C-DI-GMP DURANTE LA INFECCIÓN POR *VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS*

Ignacio Tapia[1], Carlos Blondel[1]

(1) Universidad Andres Bello, Instituto de Ciencias Biomedicas, Facultad de Medicina y Faculta de Ciencias de la Vida, Echaurren 183, Santiago, Chile

Vibrio parahaemolyticus es la principal causa de gastroenteritis por consumo de mariscos crudos a nivel mundial. El clon pandémico O3:K6 se destaca por poseer una isla de patogenicidad (VpaI-7) la cual codifica para un Sistema de Secreción de Proteínas del Tipo III (T3SS2), principal factor de virulencia de la bacteria. Los T3SS son complejas nanomáquinas que median la entrega de proteínas efectoras al citosol de células infectadas para tomar control de diversos procesos celulares durante la infección. Recientemente se ha reportado una nueva proteína efectora codificada en el ORF VPA1324 (conocida también como VopY) con actividad fosfodiesterasa de c-di-GMP. Otros grupos han postulado que esta proteína reduciría los niveles de c-di-GMP en la célula eucarionte infectada por V. parahaemolyticus. Sin embargo, estudios realizados en nuestro laboratorio han determinado que VopY es capaz de regular los niveles intracelulares de c-di-GMP al interior de dicha bacteria y plantean la posibilidad de que regule los niveles de c-di-GMP durante la infección. En este trabajo se propuso determinar la contribución de VopY a la modulación de niveles de c-di-GMP durante la infección. En primer lugar, se construyó un vector que permitiera estudiar los niveles de c-di-GMP de V. parahaemolyticus durante la infección mediante microscopía de fluorescencia. Para esto se modificó un plásmido reportero de última generación recientemente descrito basado en la proteína cdGreen2. Este plásmido permite expresar el reportero cdGreen2 desde un promotor constitutivo en un operón con el gen que codifica la proteína mScarlet-I con control interno de fluorescencia. En este contexto, se modificó el plásmido pConRef-2H12.D11 para reemplazar el cassette que genera resistencia a ampicilina por el cassette de resistencia a kanamicina para poder utilizarlo en Vibrio (que posee resistencia inherente a ampicilina). Este nuevo plásmido fue transformado exitosamente en distintos fondos genéticos de V. parahaemolyticus que difieren en su capacidad de utilizar el T3SS2 y de expresar VopY, validando además su utilidad para el estudio de la regulación de c-di-GMP en Vibrio. Actualmente estamos evaluando los cambios en los niveles de c-di-GMP que ocurren en distintas etapas de la infección de células HeLa y como VopY contribuye a estos procesos.

Keywords: Vibrio, c-di-gmp, T3SS
Financing: FONDECYT REGULAR 1241637

ENFOQUE BASADO EN RASGOS PARA COMPRENDER LA BIOLOGÍA Y ECOLOGÍA DE ACIDITHIOBACILLIA

Estefanía Tisalema-Guanopatín[1,2], Fernando Díaz Gonzalez[1,3], Celia Larrea Duharte[1,3], Sofia Reyes Impellizzeri[1,3], Camila Rojas Villalobos[1,4], Ana Moya Beltrán[5], Raquel Quatrini[1,6]

(1) CCTE Ciencia y Vida, Fundación Ciencia y Vida, Santiago, Chile.
(2) Programa de Doctorado en Inmunología y Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile.
(3) Programa de Doctorado en Biotecnología y Bioemprendimiento, Facultad de Medicina, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile
(4) Programa de Doctorado en Biología Computacional, Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Diseño, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile
(5) Universidad Tecnológica Metropolitana, Departamento de Informática y Computación, Facultad de Ingeniería, Santiago, Chile.
(6) Universidad San Sebastián, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile.

Los rasgos funcionales (traits) son características fisiológicas y genéticas que determinan el desempeño y la respuesta ambiental de los microorganismos, así como su papel en los ecosistemas. Su estudio permite comprender, además de la biología, las interacciones microbianas, y los flujos de materia y energía. En ecología microbiana, los enfoques basados en rasgos, constituyen marcos conceptuales potentes para evaluar procesos comunitarios como el ensamblaje, la estabilidad y la resiliencia. En microorganismos acidófilos, estudios genómicos y funcionales han revelado adaptaciones clave, y en algunos casos plasticidad fenotípica. Sin embargo, la mayor parte del conocimiento al respecto deriva de predicciones genómicas o ensayos en cultivo, existiendo una comprensión limitada sobre la expresión y regulación de estos traits en condiciones naturales, su papel en procesos de ensamblaje comunitario y su relación con la historia evolutiva de los acidófilos. Con el fin de acortar estas brechas, realizamos un análisis sistemático de información bibliográfica y bases de datos públicas sobre rasgos funcionales de acidófilos de la clase Acidithiobacillia, evaluando su importancia biológica, ecológica y aplicada. Para ello se recopilaron datos ambientales, microbiológicos, bioquímicos y genómicos de cepas de la clase, organizados en matrices comparativas (trait/cepa/linaje). Los traits incluyeron parámetros de crecimiento en medios sólidos y líquidos bajo variaciones en fuentes de energía, nutrientes y cofactores (C, N, elementos traza), minerales sulfurados, pH, temperatura, potencial redox y conductividad. Se registraron perfiles de tolerancia a estresores (NaCl, metales) y concentraciones mínimas inhibitorias, así como rasgos complejos como motilidad, producción de exopolisacáridos, adhesión a sustratos y otros comportamientos sociales. Cuando disponible, se incorporó información sobre localización geográfica y características ambientales de los sitios de aislamiento. El análisis estadístico multivariado de los rasgos ecofisiológicos reveló patrones de partición de nicho entre linajes y la influencia de filtros ambientales clave, como pH, disponibilidad de hierro, salinidad y temperatura. Estos resultados proporcionan un marco conceptual para comprender la dinámica de ensamblaje de comunidades dominadas por Acidithiobacillia y sientan las bases para predecir su contribución ecológica y biotecnológica

bajo condiciones ambientales cambiantes.

Keywords: rasgos funcionales, traits, acidófilos, Acidithiobacillia
Financing: ANID/Fondecyt 1221035; ANID/BASAL/FB210008; ANID/BECAS/DOCTORADO NACIONAL (C.L-D. 21242380 / S.R-I. 21241350 / C.R-V. 21241467); VRID/USS/ BECAS/DOCTORADO (E. T-G. / F.D-G. 10202955), DINV-LPR23-09-UTEM

ESTUDIO Y ANÁLISIS DE LA UNIÓN DE LAS PROTEÍNAS DEL SISTEMA TOXINA-ANTITOXINA HICAB AL PROMOTOR Y SU REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL

Diego Troncoso Alarcon[1], Valeria Pérez Villalobos[1], Paula Bustamante Ara[1]

(1) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de ciencias biomédicas, Ciencias de la Salud, Avenida del Valle 534, Santiago, Chile

La transferencia horizontal de genes de resistencia a antibióticos es mediada principalmente por plásmidos conjugativos, que suelen encontrarse en bajas cantidades dentro de las células y requieren de mecanismos específicos para mantenerse en la población bacteriana. Entre estos destacan los sistemas toxina-antitoxina (TA) de tipo II, reconocidos por su rol en la mantención plasmidial. Estos consisten en una toxina y su correspondiente antitoxina, la cual neutraliza la acción tóxica mediante la formación de un complejo proteico inofensivo. Además, las antitoxinas o los complejos TA pueden unirse al ADN y regular la transcripción de su propio operón. Aunque estos sistemas plasmidiales están ampliamente distribuidos, aún son poco explorados y escasamente caracterizados en comparación con sus contrapartes cromosomales.

Este trabajo se enfoca en el sistema TA HicAB, codificado por el plásmido de resistencia pJIE143 presente en un aislado clínico de Escherichia coli ST131. El objetivo fue caracterizar la capacidad de unión al ADN de la antitoxina HicB, la toxina HicA y del complejo HicAB, e investigar cómo esta unión regula la expresión del operón. Los genes hicB, hicA y hicAB se clonaron en el vector de expresión pRSFDuet-1, se expresaron como proteínas nativas o fusionadas a His-tag, y se purificaron por IMAC. Su pureza se evaluó por Tricina-SDS-PAGE y su interacción con fragmentos promotores de hicAB (PAB1, PAB2 y PAB1-2) mediante EMSA. Asimismo, se realizaron fusiones transcripcionales a lacZ y gfp para analizar la actividad promotora con o sin expresión de HicAB.

Se observó que His6-HicA y His6-HicB no pudieron unirse por sí solas a los promotores de hicAB. En cambio, el complejo His6-HicA/HicB sí mostró afinidad por los promotores PAB2 y PAB1-2 y su expresión alteró la actividad promotora del operón. Estos hallazgos indican que la regulación transcripcional del sistema depende de la formación del complejo TA. Lo anterior sugiere que la interacción HicA–HicB genera un reordenamiento conformacional que expone el dominio de unión al ADN de HicB, permitiendo la regulación de la expresión. Este hallazgo resulta relevante para comprender cómo los sistemas TA plasmidiales, conservados y ampliamente distribuidos, contribuyen a la mantención de plásmidos de resistencia a antibióticos en poblaciones bacterianas.

Keywords: Sistema toxina-antitoxina, Sistemas Plasmidiales, Toxina, Antitoxina
Financing: Proyecto Fondecyt 11230634

INTERFERING WITH PROTEIN ELASTICITY AND ADHESION VIA PEPTIDES BASED ON THE ADHESIN CLFB OF *STAPHYLOCCUS AUREUS*.

Benjamin Ulloa Sarmiento[1,2], Jaime Andrés Rivas Pardo[1]

(1) Centro de Genómica y Bioinformática, Universidad Mayor, Santiago, Chile.
(2) Escuela de Biotecnología, Universidad Mayor, Santiago, Metropolitana, Chile.

Introduction: Bacterial adhesion to surfaces is a strategy developed to thrive in a vast range of niches using specific structures such as fimbriae. These extracellular appendixes are composed of several proteins that allow bacteria to overcome dislodging forces and establish in a certain spot. Staphylococcus aureus uses a series of adhesive proteins to achieve this goal, where ClfB stands out as a key factor involved in attachment to surfaces and establishment of biofilms. Peptides, due to their broad biological effects, high specificity and high affinity, have become valuable tools to study the mechanical properties of proteins. This allows the development of a novel platform to achieve strategies to overcome bacterial mechanisms of antibiotics resistance. Here, we implemented a series of assays to interfere with the refolding phenomenon of bacterial adhesins measured with magnetic tweezers (MT), and biofilm formation over time after treating the surface of culture wells with ClfB ligand derived peptides challenging with *S. aureus* cultures.

Materials and Methods: ClfB fusion protein was obtained by cloning the adhesin DNA sequence into a pFN18a HaloTag® vector, incorporating a series of molecular tags for purification and MT manipulation. For protein immobilization, flow chambers functionalized with APTES and crosslinked with glutaraldehyde finally conjugated with HaloTag® Amine O4 ligand. The ClfB protein's HaloTag® domain binds its ligand, immobilizing the whole protein to the flow chamber. Finally, Dynabeads™ M-270 coated with streptavidin are bound to the fusion protein via streptavidin-biotin link, allowing single molecule spectroscopy experiments. Alpha fibrinogen derived peptides were used to study fusion protein mechanics with MT. These peptides were also used to coat surfaces and biofilm formation over time.

Results: The MT experiments showed that these peptides interfere with the refolding mechanism after unfolding the domains of ClfB. Also, biofilm formation kinetics show significant differences when coating with peptides.

Discussion: Our results suggest that peptides could ease the bacterial dislodgment process, block the adhesion phenomena and overall slow the biofilm formation in the early stages. Moreover, further experimentation could lead to an alternative to traditional antibiotics.

Keywords: *Staphylococcus aureus,* Adhesion, Biofilm, Peptides
Financing: Acknowledgment: FONDECYT 1221064
Acknowledgments: I would like to acknowledge the Microbe Genomics Laboratory at the Center for Genomics and Bioinformatics, Universidad Mayor, and project FONDECYT 1221064.

PERSISTENCIA ESPACIO TEMPORAL Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE *ARCOBACTER BUTZLERI* EN AGUAS DE RIEGO AGRÍCOLA DE LA REGIÓN DEL MAULE, CHILE

Carolina Unamuno[1], Arturo Levicán Asenjo[1,2], Magaly Toro Ibaceta[3]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Av. Universidad 330, Valparaíso, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Laboratorio de Investigación, Escuela de Tecnología Médica, Av. Universidad 330, Valparaíso, Chile
(3) University of Maryland, Joint Institute for Food Safety and Applied Nutrition., 5825 University Research Court, Suite 1400, College Park, MD, Estados Unidos

La calidad microbiológica del agua de riego es un desafío creciente para Chile, donde cerca del 25% de las exportaciones hortofrutícolas van a mercados con estrictas exigencias sanitarias. Por ello, resulta fundamental evaluar patógenos emergentes presentes en entornos acuáticos asociados a la actividad humana y capaces de persistir frente a variaciones ambientales. Entre ellos, *Arcobacter butzleri* destaca por su amplia distribución en ecosistemas de agua dulce, su capacidad de adaptarse a distintas condiciones y su potencial patogénico, convirtiéndolo en un modelo idóneo para estudios de ecología microbiana en sistemas de riego. El objetivo del estudio es analizar la asociación entre factores ambientales y/o antropogénicos y la aparición de genotipos de *A. butzleri* en aguas superficiales con potencial uso para riego agrícola, en el tiempo y en distintos puntos de los ríos estudiados. En el proyecto Microbiology Survey in Surface Waters in Latin America, entre abril de 2019 y febrero de 2020 se recolectaron 540 muestras de agua en 30 puntos de muestreo a lo largo de los ríos Lontué y Claro. El aislamiento de A. butzleri se realizó mediante enriquecimiento selectivo en caldo BHI + CAT y cultivo con filtración en agar sangre, seguido de confirmación molecular a nivel de género y especie por PCR. De estos análisis se obtuvieron 199 aislados del género Arcobacter (119 de Lontué y 80 de Claro), de los cuales 269 se asignaron a la especie *A. Butzleri* (142 de Lontué y 127 de Claro). La genotipificación se llevó a cabo mediante ERIC-PCR, y 108 genotipos representativos (≥ 80 % de similitud) fueron seleccionados para secuenciación genómica completa. En cada muestreo se registraron datos ambientales y antropogénicos. Resultados preliminares indican una distribución de los genotipos de A. butzleri en todos los ríos muestreados, con coexistencia en un mismo sitio en distintos tiempos. Se prevé identificar clústeres genéticos vinculados a condiciones ambientales específicas. En conclusión, este estudio constituye el primero en Chile que caracteriza la distribución espaciotemporal y diversidad genética de *A. butzleri* en aguas de riego, aportando evidencia para su inclusión en marcos de monitoreo microbiológico agrícola y para estudios ecológicos a mayor escala.

Keywords: *Arcobacter butzleri*, Factores ambientales y antropogénicos, Agua de riego agrícola, Secuenciación de genoma completo
Financing: Proyecto DI PUCV 039.710/2025 2025 : "Caracterización de persistencia y diseminación de aislados de Arcobacter butzleri a lo largo de dos ríos de la región del Maule, Chile"
Acknowledgments: Al proyecto DI PUCV 039.710/2025, a la Dra. Magaly Toro, Directora del

laboratorio de Inocuidad de Alimentos de JIFSAN de la Universidad de Maryland, y al Programa de apoyo a la internacionalización de los Magister de la PUCV

EFECTO DEL ESTRÉS OSMÓTICO Y ACUMULACIÓN DE C-DI-GMP ASOCIADOS A LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS EN SALMONELLA INFANTIS AISLADAS DE UNA LÍNEA DE PRODUCCIÓN AVÍCOLA.

Francisca Urbina Arce[1], Nicolás Áviles[1], Ana Oviedo[1], Gabriel Krüger[1], Sofía Quintana[1], Catalina Kusch[1], Diego Rojas[1], Coral Pardo-Esté[1,3], Juan Castro-Severyn[1], Alejandro Hidalgo[2], Claudia Saavedra[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Chile
(2) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Microbiología, Facultad de Medicina, Chile
(3) Universidad Católica del Norte, Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada, Departamento de Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Ciencias, Antofagasta, Chile

Introducción. La desecación y osmolaridad de los entornos industriales favorecen la formación de biopelículas bacterianas aumentando la persistencia y comprometiendo la seguridad alimentaria. Salmonella enterica serovar Infantis (S. Infantis), patógeno emergente, usualmente multirresistente y común en la industria avícola, presenta alta capacidad para formar biopelículas. El segundo mensajero c-di-GMP modula la transición del estado planctónico a sésil, mientras que los mecanismos moleculares implicados en cepas resistentes aisladas desde líneas de producción avícola permanecen poco descritos. Previamente, hemos demostrado que el estrés osmótico induce el gen dgcQ, que codifica una diguanilato ciclasa putativa que podría incrementar el c-di-GMP. En este contexto, planteamos como objetivo evaluar el efecto del estrés osmótico sobre la formación de biopelículas, el c-di-GMP intracelular y la expresión de dgcQ en una cepa S. Infantis resistente, bajo condiciones estáticas y flow cell. Métodos. Se realizaron ensayos de formación de biopelículas durante 24h en medio mínimo MgM con y sin 15% de sacarosa, bajo condiciones estáticas y de flow cell. Paralelamente, se cuantificaron los niveles intracelulares de c-di-GMP en fases planctónica y sésil de cultivos estáticos, así como en fase sésil en flow cell, empleando un método basado en un biosensor (Lucerna). Además, se analizó la expresión de dgcQ en biopelículas formadas en flow cell a las 24h mediante RT-qPCR, para calcular la expresión relativa utilizando el rRNA16s como gen de referencia.

Resultados. El estrés osmótico incrementó la formación de biopelículas y los niveles de c-di-GMP respecto a la condición control. En cultivo estático, la biomasa de biopelícula fue un 40% superior al control, mientras que en flow cell se redujo un 10%, con un aumento de c-di-GMP. El análisis por RT-qPCR en flow cell evidenció un aumento en la expresión de dgcQ en la condición osmótica, indicando un rol en la regulación de c-di-GMP y en la persistencia del fenotipo de biopelícula bajo flow cell.

Conclusión. Estos resultados indican que el estrés osmótico favorece el aumento de c-di-GMP y modula la formación de biopelículas en S. Infantis, mediado por el gen dgcQ.

Keywords: Salmonella, Biopelícula, c-di-GMP, Estrés osmótico

Financing: Fondecyt Regular 1250419
Acknowledgments: Fondecyt Regular 1250419Anillo ATE220007

EL SISTEMA DE SECRECIÓN DE TIPO III (T3SS2) DE *VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS* INDUCE DISFUNCIÓN MITOCONDRIAL POR APERTURA DEL MPTP Y ESTRÉS OXIDATIVO EN CÉLULAS INTESTINALES HUMANAS

Sebastián Hinojosa[1], Nicolás Orellana[1], Martina Escobar[1], Felipe Moraga[1], Contanza Griffiths[1], Diliana Pérez-Reytor[1], Nicolás Plaza[1], Katherine García[1], **Ítalo M. Urrutia**[1]

(1) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Av. Del Valle 534, Huechuraba, Santiago, Chile

Vibrio parahaemolyticus es un importante patógeno humano que actualmente es la principal causa de gastroenteritis transmitida por mariscos en el mundo. Particularmente, la cepa pandémica tiene la capacidad de generar citotoxicidad y enterotoxicidad por medio de su Sistema de Secreción de Tipo 3 (T3SS2). El T3SS2 entrega distintas proteínas efectoras en el citosol de las células infectadas, lo que conduce a una muerte celular masiva, sin embargo, no ha sido del todo descritas las perturbaciones intracelulares generadas por este sistema para generar muerte celular. En este trabajo, evaluamos como el estrés oxidativo dependiente de la apertura del poro de transición de permeabilidad mitocondrial (mPTP) es crucial en la generación de estrés mitocondrial por el T3SS2 de *V. parahaemolyticus* en células Caco-2. Para esto, se construyó la cepa mutante *Δvscn1* que puede usar solamente el T3SS2 (T3SS1-T3SS2+) y la cepa control *Δvscn1Δvscn2* que no puede usar ninguno de los T3SSs (T3SS1-T3SS2-). Posteriormente, se llevaron a cabo ensayos de infección usando una multiplicidad de infección de ~10 bacterias/célula por 3,5h de infección a 37°C en 5% de CO2, donde se evaluó la viabilidad celular por exclusión con azul de tripán, cuantificación del ROS celular por fluorescencia, cuantificación de ATP celular por bioluminiscencia y apertura del poro de transición mitocondrial por fluorescencia. Nuestros resultados mostraron que la cepa mutante *Δvscn1* (T3SS2+) genera mayor acumulación de ROS celular dependiente de la apertura del mPTP a las 3,5 horas de infección. Además, genera una disminución significativa en los niveles de ATP celular y una masiva muerte celular. Por su parte, la cepa control *Δvscn1Δvscn2* que no puede usar los T3SSs no mostró diferencias significativas en la generación de ROS, producción de ATP o apertura del mPTP comparado a las células sin infectar. Nuestros resultados sugieren que el T3SS2 de *V. parahaemolyticus* contribuiría en generar estrés mitocondrial y estrés oxidativo, llevando a la muerte celular de las células intestinales humanas Caco-2. Sin embargo, todavía no es clara la contribución de las distintas proteínas efectoras durante la infección

Keywords: estrés, mitocondria, sistema de secreción, *Vibrio parahaemolyticus*, ROS
Financing: Financiamiento: Proyecto FONDECYT 11231192 y proyecto interno DIUA 313-2025 de la VRID-UA

EVALUACIÓN DE LA PRESENCIA DE *E. COLI* Y COLIFORMES TOTALES EN AGUAS DE REGADÍO DE HORTALIZAS DE LA REGIÓN DE O'HIGGINS

Fernanda Valdebenito Rojas[1], Claudia Foerster[1], Catherine Monsalves[1], Viviana Sandoval[1]

(1) Universidad de O'Higgins, Laboratorio de Inocuidad Alimentaria, Ciencias veterinarias, Ruta I-50 S/N, San Fernando, O'Higgins, San fernando, Chile

En la Región de O'Higgins la producción de hortalizas es fundamental para la economía y la alimentación, pero el uso de aguas de regadío plantea riesgos para la inocuidad alimentaria. La contaminación microbiológica por Coliformes y *Escherichia coli*, puede afectar la salud de las personas y comprometer la calidad de los productos agrícolas. Persisten interrogantes sobre la calidad real del agua de regadío utilizada por pequeños productores en la Región durante el proceso de cultivo de hortalizas.

Esta investigación busca evaluar la presencia de *E. coli* (E.c), Coliformes totales (CT) y Fecales (CF) en aguas de riego usadas en la horticultura de O'Higgins, con el fin de aportar datos que permitan mejorar las prácticas de manejo de agua, fortalecer la inocuidad de los alimentos y contribuir al control de enfermedades de transmisión alimentaria (ETAS). Se muestrearon 24 muestras de agua de 8 comunas de la región de O'Higgins, y se analizaron mediante la metodología de filtración por Membrana de celulosa en el Laboratorio Inocuidad Alimentaria (LIA). Los resultados mostraron presencia de CT: 92%, CF: 50% y E.c: 21%. La mayor prevalencia es en la provincia del Cachapoal, específicamente San Vicente de TT, Rengo y Quinta de Tilcoco.

La investigación permitió evidenciar la existencia de puntos críticos donde la calidad microbiológica del agua puede comprometer la inocuidad alimentaria, destacando la importancia de fortalecer el monitoreo y las buenas prácticas agrícolas en pequeños productores. Asimismo, los resultados obtenidos constituyen una base para desarrollar actividades de capacitación dirigidas a la comunidad agrícola y consumidores, con el fin de reducir los riesgos asociados al uso de aguas de riego contaminadas.

En conclusión, este estudio contribuye a generar evidencia local sobre la calidad del agua de regadío en la región de O'Higgins y su relación directa con la inocuidad alimentaria, constituyéndose en un aporte relevante para las políticas sectoriales de control y prevención.
Keywords: *E. coli*, Coliformes Totales, Coliformes Fecales, hortalizas, O'Higgins

Financing: Esta investigación fue financiada por el proyecto FIC IDI 40059063-0 y Laboratorio Inocuidad Alimentaria (LIA).
Acknowledgments: Agradecimiento a docentes encargadas de apoyo en la investigación

GENOMIC SURVEILLANCE OF BENTHIC MICROBIOMES IN SOUTHERN CHILE AROUND SALMON AQUACULTURE OPERATIONS

Guillermo Valdivia[1], Camila Solari[1], Carolina Curiqueo[1], Johana Ojeda[2], Juan A. Ugalde[1], Derie E. Fuentes[3], Jorge H. Valdes[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Ciencias de la Vida, Republica 330, Santiago, Chile
(2) Instituto de Fomento Pesquero, Valparaíso, Chile
(3) Berking Biotechnology, Valdivia, Chile

Genomic surveillance offers a powerful framework for monitoring marine ecosystems under anthropogenic pressure. In Chile, salmon aquaculture is both a cornerstone of the national economy and a source of environmental concern, particularly for its effects on benthic microbiomes that mediate key sedimentary processes. This study integrates two work packages examining benthic microbiomes in southern Chile, specifically in areas surrounding salmon farming operations in Quellón (Los Lagos) and Magallanes. In Quellón and Magallanes, sediment samples were collected from 12 sites with long-term physicochemical records (sulfides, redox potential, and organic matter). Environmental sediments' DNA from aquaculture areas was used for metataxonomic analysis using 16S amplicon sequencing analysis using Oxford Nanopore technology. Microbial diversity was assessed for all samples, and community profiles were compared with publicly available datasets to place local patterns in a broader aquaculture context. The analyses revealed microbial signatures consistently associated with anaerobic and sulfur-rich conditions, including Anaerohalosphaera lusitana, Woeseia oceani, and Desulfosarcina alkanivorans. Integrating taxonomic composition, metabolic potential, and physicochemical parameters enabled the identification of microbial biomarkers linked to aquaculture-driven impacts. Overall, these findings highlight genomic surveillance of benthic microbiomes in proximity to salmon farming operations as a cost-effective and scalable approach to assess ecosystem responses, providing actionable evidence for environmental management and the sustainable development of the industry in Chile.

Keywords: Genomic surveillance; Benthic microbiomes; Salmon aquaculture; Environmental monitoring
Financing: Funded by FONDEF IDeA23I10402.

EXPLORACIÓN METAGENÓMICA DE COMUNIDADES MICROBIANAS TERMÓFILAS DEL CAMPO GEOTERMAL EL TATIO, PARA LA BIOPROSPECCIÓN DE TERMOZIMAS DE INTERÉS BIOTECNOLÓGICO E INDUSTRIAL.

Bernardita Valenzuela Guerrero[1,5], Mayra Cayo[2,5], Ignacio Navarrete[3,5], Francisco Solis[4,5], Pedro Zamorano[4,5]

(1) Universidad de Antofagasta, Departamento de Educación, Facultad de Educación, Angamos 601, Antofagasta, Chile
(2) Universidad de Antofagasta, Doctorado en Ciencias Aplicadas, Mención Sistemas Acuáticos., Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Angamos 601, Antofagasta, Chile
(3) Universidad de Antofagasta, Carrera Bioquímica, Facultad de Ciencias de la Salud, Angamos 601, Antofagasta, Chile
(4) Universidad de Antofagasta, Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias de la Salud, Angamos 601, Antofagasta, Chile
(5) Universidad de Antofagasta, Laboratorio de Microrganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta, Abgamos 601, Antofagasta, Chile

El campo geotermal El Tatio, ubicado en la Región de Antofagasta a 4.300 m s.n.m., constituye un ecosistema extremo caracterizado por altas temperaturas, lo que lo convierte en un entorno idóneo para la bioprospección de enzimas termoestables con aplicaciones en biotecnología. Si bien el aislamiento de microorganismos termofílicos ha permitido avances en la caracterización de nuevas actividades enzimáticas, gran parte de la diversidad microbiana en estos ambientes permanece inaccesible debido a las limitaciones del cultivo tradicional. Frente a este desafío, la metagenómica ofrece una herramienta clave para explorar el potencial genético y metabólico de comunidades microbianas complejas, revelando genes con funciones de interés biotecnológico.

El objetivo es identificar y caracterizar genes de hidrolasas termoestables en sedimentos utilizando herramientas metagenómicas y de ensamblaje genómico, para contribuir a la bioprospección de nuevas enzimas. Para ello, se recolectaron muestras de sedimentos geotermales con temperaturas entre 70–85 °C, a partir de las cuales se extrajo ADN ambiental y se realizó secuenciación metagenómica Shotgun en la plataforma Illumina NovaSeqX. El análisis taxonómico se llevó a cabo con Kraken2 y el ensamblaje de lecturas con MEGAHIT. Los genes predichos fueron obtenidos mediante Prodigal y la identificación de enzimas tipo hidrolasas se realizó con Diamond contra una base de datos personalizada enfocada a enzimas presentes en procesos de degradación de polímeros. Se efectuó la reconstrucción de genomas a partir de metagenomas (MAGs) utilizando metaWRAP, con el fin de vincular la información taxonómica y funcional.

El análisis taxonómico muestra la presencia de Archaea de los filos Methanobacteriota, Nitrososphaerota y Thermoproteota, así como Bacteria de los filos Pseudomonadota, Deinococcota, Cyanobacteriota y Actinomycetota, incluyendo organismos anaerobios y extremófilos adaptados a altas temperaturas. A partir del ensamblaje metagenómico se

predijeron cientos de miles de secuencias proteicas, identificándose más de 600 candidatas a enzimas hidrolíticas termoestables, entre ellas esterasas, proteasas, lipasas y pectinasas, con potencial aplicación en la degradación de polímeros, producción de biocombustibles y formulaciones farmacéuticas.

Estos resultados permitirán ampliar el conocimiento sobre la diversidad microbiana de ambientes geotermales y contribuirán a la identificación de nuevas enzimas con potencial aplicación en biotecnología industrial y procesos sostenibles.

Keywords: Metagenoma, Termófilos, El Tatio, Enzimas
Financing: "FONDO PARA EL DESARROLLO EN INVESTIGACIÓN: EN ARTES, CIENTÍFICA Y/O TECNOLÓGICA PARA ACTIVIDADES DE TITULACIÓN DE PREGRADO" año 2024.
Acknowledgments: DGI, Universidad de Antofagasta.Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta

EFECTOS DE LA SIMBIOSIS DE HONGOS ENDÓFITOS DEL DESIERTO DE ATACAMA CON PLANTAS DE TOMATE SOMETIDAS A ESTRÉS SALINO SOBRE EL FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN JUNGBRUNNEN1 (JUB1)

Antonia Valenzuela Herrera[1], Sebastian Flores[1], Patricio Ramos Campos[1]

(1) Universidad de Talca, Laboratorio de interacción planta microorganismos, Instituto de ciencias biológicas, Avenida Lircay s/n, Talca, Chile

El estrés salino es un factor ambiental crítico que afecta el crecimiento y productividad de las plantas provocando alteraciones morfológicas y fisiológicas, dificultando la fotosíntesis y aumentando el daño oxidativo en ellas. El factor de transcripción JUNGBRUNNEN1 (JUB1), conocido por su rol en la respuesta al estrés abiótico y su participación en la tolerancia a la salinidad, podría representar un nodo clave de regulación de mecanismos de defensa inducidos por interacciones planta-microorganismo. En este sentido, una alternativa descrita para mitigar los efectos del cambio climático y en particular las consecuencias del aumento de la salinidad en los suelos agrícolas, es el uso de hongos endófitos extremófilos. Estudios proponen que, al asociarse con estos endófitos fúngicos de raíces adaptados a ambientes hostiles, las plantas podrían mejorar su productividad bajo condiciones adversas. Estos microorganismos contribuyen a la tolerancia al estrés abiótico mediante la modulación de indicadores en el hospedador, como la producción de antioxidantes, osmolítos compatibles, activación de enzimas antioxidantes y compuestos bioactivos que mejoran su capacidad de adaptación a condiciones adversas y la participación de JUB1. El presente estudio evaluó el efecto de la inoculación con hongos endófitos aislados de quinoa del desierto de Atacama, *Talaromyces minioluteus y Penicillium murcianum*, aplicados individualmente y en consorcio, sobre plantas de *Solanum lycopersicum* sometido a 300 mM de NaCl. La simbiosis con los endófitos incrementó significativamente la acumulación de prolina, destacando *P. murcianum* por su mayor efecto. Asimismo, ambos hongos redujeron los niveles de malondialdehído, siendo *T. minioluteus* el más eficaz. Mediante microscopía confocal en raíz utilizando SodiumGreen como indicador fluorescente para medir las concentraciones de sodio dentro de la célula y micro fluorescencia de rayos X tanto en hojas como raíz para cuantificar elementos químicos, se observó que *T. minioluteus* disminuyó la acumulación de sodio y cloro en ambos tejidos, al tiempo que incrementó el contenido de potasio en comparación con plantas no inoculadas tratadas con NaCl. Se observó un incremento de la expresión de JUB1 en presencia de aquellos endófitos. Estos resultados evidencian el potencial biotecnológico de los endófitos adaptados a ambientes extremos para mejorar la tolerancia a la salinidad en tomate.

Keywords: *Solanum lycopersicum*, Estrés salino, Hongos endófitos, Factor de transcripción
Financing: Fondecyt regular 1240771, ANILLO ATE220014

GENOMIC PROFILING OF MICROORGANISMS WITH POTENTIAL TO DEGRADE ANTHROPOGENIC POLLUTANTS IN ANTARCTIC PENGUIN-IMPACTED SOILS

Claudio Valenzuela Reyes[1,2], Alexander Marín[1,2], Katerin Almendras[1,2], Léa Cabrol[1,3], Julieta Orlando[1,2]

(1) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Santiago, Chile.
(2) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile.
(3) Aix Marseille University, CNRS, IRD, Mediterranean Institute of Oceanography (MIO), Marseille, Francia.

Anthropogenic pollutants, such as oil-derived hydrocarbons, microplastics, and persistent organic pollutants (POPs), have been detected in Antarctica. These contaminants are associated with local human activities, such as wastewater disposal and accidental oil spills, as well as long-range transport from other continents via oceanic currents. Pollutants accumulate in ecosystems and organisms such as penguins, which can ingest them through prey or directly from the environment. Consequently, microplastics and POPs have been found in penguin tissues and feces. Penguins also significantly impact the soil microbiota in their colonies, suggesting that microorganisms in these soils may metabolize such pollutants. While microbial mechanisms for pollutant degradation have been studied, little is known about their role in soils impacted by penguins.

Here, we assess the genetic potential of microorganisms from these soils to degrade a range of anthropogenic pollutants. Soil samples from colonies of different Pygoscelis species were collected on the Antarctic Peninsula and surrounding islands and analyzed using metagenomics. We focused on genes encoding enzymes involved in the degradation of four microplastics: polyethylene terephthalate (PET), polyurethane (PUR), polystyrene (PS), and polyethylene (PE); and two POPs: naphthalene (NPT) and polychlorinated biphenyls (PCBs). A specific database was created to detect genes encoding these enzymes within the metagenomes. The sequences were searched directly in metagenomic reads using ARGs-OAP and in contigs using HMMER. Integrating both approaches and applying the indicspecies package allowed us to identify soil samples with higher potential to degrade NPT, PE, PET, and PS.

Beyond pollutant degradation, high-quality MAGs recovered from these soils also revealed enzymes involved in nutrient cycling, including those related to the nitrogen cycle (except fixation), thiosulfate oxidation, sulfur assimilation, and utilization of phosphonate, phosphate, and polyphosphate. This dual role further highlights the ecological importance of these microorganisms within Antarctic ecosystems. Importantly, the identification of microbial lineages with genes for degrading plastics and POPs provides a baseline for understanding how Antarctic microbiota may respond to the increasing pressure of global pollution and climate change. By revealing penguin-impacted soils as reservoirs of microorganisms with key functional traits, this study advances ecological knowledge and offers new perspectives

for sustainable bioremediation in impacted environments.

Keywords: Antartica, Biodegradación, Contaminación, Pingüineras, Metagenomica
Financing: ANID - FONDECYT 1241787, ANID – Programa Iniciativa Científica Milenio – ICN2021_002, ANID - Subdirección de Capital Humano/Doctorado Nacional/2022-21221205.

EVALUACIÓN DEL EFECTO DE ACEITE ESENCIAL DE *MENTHA SUAVEOLENS* L. COSECHADA EN PRIMAVERA SOBRE BIOPELÍCULAS DE *CANDIDA ALBICANS* DE PACIENTES CON ESTOMATITIS PROTÉSICA.

Thomas Vallejos Alburquenque[1], Daniela Muñoz[2], Rocio Bustos[3], Daniela Adorno[4], Jose Jara[5], Mario Diaz[5], Alfredo Molina Berrios[5]

(1) Universidad de Chile, Estudiante de Pregrado, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(2) Universidad de Chile, Estudiante de Pregrado, Facultad de Odontologia, Olivos 943, Independencia., Santiago, Chile
(3) Universidad de Chile, Estudiante de Magister, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Región Metropolitana, Santiago, Chile
(4) Universidad de Chile, Departamento de Patología y Medicina Oral, Facultad de Odontologia, Olivos 943, Independencia., Santiago, Chile
(5) Universidad de Chile, Instituto de Investigación en Ciencias Odontológicas, Facultad de Odontologia, Olivos 943, Independencia., Santiago, Chile

Las biopelículas de *Candida albicans* en la mucosa oral y prótesis dentales se asocian con el desarrollo, cronicidad y severidad de la estomatitis protésica, una condición altamente prevalente en adultos mayores. Estas biopelículas promueven la virulencia de *C. albicans,* otorgándole resistencia a antifúngicos, lo que dificulta su tratamiento. En este contexto, es importante evaluar nuevas alternativas terapéuticas, tales como los aceites esenciales, productos naturales con reconocida actividad antimicrobiana. El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antibiopelícula del aceite esencial de *Mentha suaveolens* sobre la adhesión, viabilidad y arquitectura de biopelículas de *C. albicans.*

El aceite esencial fue obtenido por hidrodestilación a partir de las partes aéreas del material vegetal cosechado en octubre de 2024 (Lampa, Chile). Su composición fue determinada por cromatografía de gases acoplada a espectrómetro de masas (GC-MS/MS). Se utilizaron cepas de referencia (ATCC) y aislados clínicos de pacientes con estomatitis protésica en la facultad de Odontología de la Universidad de Chile (CEC2024/30). El efecto del aceite esencial sobre la adhesión de *C. albicans* fue evaluado mediante tinción con cristal violeta, la actividad antibiopelícula fue determinada mediante el ensayo de reducción de MTT. Finalmente se evaluó la arquitectura de las biopelículas a través de microscopía electrónica de barrido. Los datos fueron analizados mediante ANOVA y los gráficos fueron realizados con GraphPad Prism-8.

El análisis GC–MS/MS del aceite esencial identifico 35 compuestos, entre los que destacan: (-)-carvona (68,56 %), D-limoneno (5,58 %), y germacreno D (4,09 %). El tratamiento con aceite esencial de menta disminuyó de forma significativa ($p<0,001$) el porcentaje de adhesión y la viabilidad de *C. albicans* en todas las cepas respecto al control. Con respecto a la arquitectura de las biopelículas, se observó una disminución en la densidad y menor presencia de formas filamentosas.

En conclusión, el aceite esencial de *M. suaveolens* presenta una potente actividad antibiopelícula frente a *C. albicans*, sugiriendo su potencial uso como alternativa terapéutica natural complementaria en el manejo de la estomatitis protésica. Su aplicación podría contribuir a prevenir la colonización fúngica en prótesis y reducir la recurrencia de estomatitis, favoreciendo tratamientos más seguros y sostenibles en pacientes vulnerables.

Keywords: *Candida albicans*, antimicrobiano, Aceite esencial, biopelícula
Financing: FONDECYT regular 1241130 (ANID)

DIVERSIDAD Y COMPOSICIÓN DEL MICROBIOMA BACTERIANO DE PAROCHLUS *STEINENII*

Karla Veas Mattheos[1,2], Tamara Contador[1,3], Julieta Orlando[1,2], Guillaume Schwob[1,2]

(1) Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE), Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago 7800003, Chile
(2) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago 7800003, Chile
(3) Centro Internacional Cabo de Hornos (CHIC), Puerto Williams 6350000, Chile

El microbioma bacteriano desempeña un papel fundamental en la biología y los rasgos de vida de los insectos, modulando la plasticidad fenotípica del hospedero y, en consecuencia, su resiliencia y capacidad de colonización, incluso en ambientes extremos o perturbados. En la península Antártica las perturbaciones ambientales han aumentado, amenazando a sus poblaciones. Entre ellas, *Parochlus steinenii*, el único mosquito alado endémico de la región es considerado un centinela del cambio climático gracias a su amplia tolerancia térmica, alto rendimiento reproductivo y gran potencial de dispersión, siendo clave para el monitoreo de ecosistemas antárticos.

En este contexto, sugerimos que la comunidad bacteriana de *P. steinenii* podría conferirle plasticidad frente a perturbaciones ambientales. Sin embargo, el estudio del modelo es reciente y aún se desconoce la existencia de una microbiota propia y su rol en el hospedero. En este trabajo se caracterizó la comunidad bacteriana asociada a una población de P. steinenii colectada en Isla Decepción, mediante secuenciación masiva de la región V3-V4 del gen 16S. Se analizaron muestras de larvas y adultos, y comunidades bacterianas del ambiente (agua, sedimento y suelo circundante al lago).

Se encontraron diferencias significativas en riqueza (diversidad alfa) y composición bacteriana (diversidad beta) entre hospederos y ambientes. Las parejas larva-agua y mosquito-suelo presentaron la mayor similitud en riqueza de especies, reflejando la relación entre la etapa de vida y su hábitat, siendo la primera la de menor diversidad. En términos de composición, larvas y adultos resultaron más semejantes entre sí y se diferenciaron de las comunidades ambientales. En particular, *P. steinenii* presentó mayor abundancia de ASVs de Actinomycetota, mientras que en sedimento y suelo predominaron Verrucomicrobiota, Pseudomonadota y Cyanobacteria, y en agua Actinomycetota y Bacteroidota. Además, se observó la presencia preferencial de Paracoccus y Porphyromonas en larvas y adultos y de Leucobacter en larvas, géneros reportados previamente en otros mosquitos.

Este estudio constituye la primera caracterización del microbioma bacteriano de *P. steinenii* y evidencia que el insecto alberga comunidades diferenciadas de su ambiente, sugiriendo un filtro ecológico modulado por las características del hospedero a lo largo de su ciclo de vida.

Keywords: Mosquito, Antártica, Endémico, Microbioma bacteriano, Larva

Financing: INACH RG_15_24, Programa ICM-ANID. ICN2021_002. ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL 21241468.
Acknowledgments: INACH RG_15_24, Programa ICM-ANID. ICN2021_002. ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL 21241468. Laboratorio de Ecología Microbiana, Universidad de Chile. Laboratorio de Ecología Molecular, Universidad de Chile.

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS AISLADAS EN ESPECÍMENES DE TORTUGA VERDE (*CHELONIA MYDAS*) PROVENIENTES DE RAPA NUI EXPUESTAS A ALTA CONTAMINACIÓN DE ORIGEN ANTRÓPICO

Lucas Bastian Velasco Roa[1], Rocio Álvarez[2], Jorge Olivares Pacheco[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo de Resistencia a los Antimicrobianos en Bacterias Patógenas y Ambientales, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile
(2) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Curauma, Valparaíso, Valparaíso, Chile

La resistencia a los antibióticos representa una amenaza creciente para la salud humana, animal y ambiental. En este contexto, Rapa Nui enfrenta una presión antropogénica significativa derivada del turismo masivo, el crecimiento poblacional y la deficiente gestión de residuos, factores que podrían favorecer la diseminación de bacterias resistentes a antibióticos. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar bacterias resistentes a antibióticos aisladas desde muestras cloacales de tortuga verde (*Chelonia mydas*), especie marina de amplia distribución que habita frecuentemente en zonas costeras de Rapa Nui para su alimentación en sus periodos no reproductivos, siendo su hábitat por periodos prolongados de tiempo. Al ser una especie longeva con una permanencia prolongada en la isla, su estudio ha permitido evaluar los niveles de contaminación por diversos factores, tales como, micro plásticos, metales pesados y la actividad antrópica. Se recolectaron 20 muestras cloacales en la Bahía de Hanga Roa, las cuales fueron procesadas mediante cultivos selectivos con Ceftazidima y Ciprofloxacino en medio MacConkey. A partir de estos, se aislaron 89 cepas bacterianas con resistencia a ceftazidima y/o ciprofloxacino. La identificación taxonómica se realizó por secuenciación del gen ADNr 16S, mientras que el perfil de susceptibilidad a antibióticos se evaluó mediante pruebas de difusión en agar con 17 antibióticos de distintas clases. Se identificaron tres especies predominantes: *Pseudomonas juntendi, Rheinheimera aquimaris y Citrobacter feundii.* De 25 cepas seleccionadas para antibiogramas, 22 fueron clasificadas como multirresistentes (MDR) y una como panresistente (PDR). Se observó una frecuencia de resistencia a carbapenémicos del 20%, mientras que a cefalosporinas de tercera y cuarta generación fue del 64%, antibióticos considerados críticos en medicina humana, lo cual resalta la urgencia de abordar la contaminación ambiental en la isla. La tortuga verde, al ser una especie longeva y de amplia distribución, se podría proponer como un bioindicador que refleja el impacto de la actividad humana, sugiriendo que la contaminación por antibióticos y bacterias resistentes no es un problema aislado, sino una amenaza real que requiere la implementación de estrategias de mitigación y gestión de residuos para salvaguardar tanto los ecosistemas marinos como la salud pública.

Keywords: *Chelonia mydas*, Contaminación marina, Bacterias multirresistentes, Rapa nui, Bacterias multirresistentes

HYPOXIA-BASED STRESSOSTAT: HARNESSING BIOREACTOR HETEROGENEITY TO IMPROVE RECOMBINANT PROTEIN PRODUCTION IN *KOMAGATAELLA PHAFFII*

Edgar Velastegui[1], Johan Quezada[1], Karlo Guerrero[1], Juan Andrés Martínez[2], Claudia Altamirano[1], Patrick Fickers[2], Julio Berríos[1], Stephanie Braun-Galleani[1,3]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, School of Biochemical Engineering, Valparaíso, Chile
(2) University of Liège, TERRA Teaching and Research Centre, Gembloux, Belgium
(3) Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Santiago, Chile

The yeast *Komagataella phaffii* (syn. *Pichia pastoris*) is a widely used platform for recombinant protein (rProt) production. However, large-scale bioreactors impose heterogeneous environments due to a reduction in mixing quality, leading to the emergence of gradients of methanol and dissolved oxygen concentration. As cells face fluctuating conditions, this profoundly affect metabolism, growth, and protein folding, thereby hindering process efficiency. We investigated the impact of these a priori unfavorable conditions (high methanol concentration/hypoxia) using a two-compartment STR-STR scale-down system with an eGFP-producing K. phaffii strain under the control of the AOX1 promoter. Residence times of the cells in an a priori unfavorable condition considering the mixing times in industrial bioreactors (tens to hundreds of cubic meters) were reproduced. The results obtained demonstrated that prolonged exposure to fluctuating stress conditions increased methanol and oxygen uptake rates while impairing biomass formation and promoting cell flocculation. Interestingly, gene expression under pAOX1 and specific eGFP fluorescence were enhanced under these unfavourable conditions, suggesting a positive effect of hypoxia–methanol oscillations on rProt productivity.

Building on these findings, a novel hypoxia-based "stressostat" system is proposed to direct adaptive laboratory evolution (ALE) of *K. phaffii*. Continuous cultures will be maintained under controlled hypoxic fluctuating conditions (Hypoxia-Based stressostat) to select for evolved strains with improved growth and productivity (μ, qrProt). With this approach we aim to generate robust strains capable of maintaining high rProt yields in large-scale environments. This investigation highlights both the challenges and opportunities of large-scale bioprocess heterogeneity. By exploiting evolutionary adaptation under stress, the stressostat strategy represents a promising avenue for improving protein production.

Keywords: *komagataella phaffii*, eGFP, flow cytometry, hypoxia, scale-down
Financing: ANID-InES Género INGE220007; ANID-Fondecyt Postdoctorado 3250078

VECTORES CRISPR/CASX INDUCIBLES POR COBRE PARA LA MANIPULACIÓN DE MICROBIOMAS ACÍDICOS

Gabriel Vergara Meza[1], Catalina López-Keim[1,2], Simon Beard[1,2], Raquel Quatrini[1,2]

(1) Fundacion Ciencia & Vida, Av. del Valle Nte. 725, 8580704 Huechuraba, Región Metropolitana, Huechuraba, Chile
(2) Universidad San Sebastian, Medicina y Ciencia, Providencia, Chile

Las bacterias quimiolitóautotrofas acidófilas desempeñan un rol central en la oxidación de compuestos reducidos de azufre y hierro, contribuyendo tanto a procesos de biolixiviación de minerales en contextos industriales, como a la generación de drenajes ácidos altamente contaminantes en dichos contextos o en ciertos ambientes volcánicos. Los miembros de la clase Acidithiobacillia constituyen uno de los linajes más abundantes y ecológicamente relevantes en estas comunidades. La manipulación molecular de dichas comunidades, por ejemplo mediante la depleción selectiva de ciertos taxa en beneficio de otros, se perfila como una estrategia prometedora para mejorar la eficiencia de los procesos de biolixiviación y/o para limitar la generación de drenajes ácidos. Sin embargo, las herramientas moleculares para lograr tales objetivos deben ser desarrolladas.

En este trabajo se diseñaron y construyeron vectores basados en la arquitectura modular pSEVA (Standard European Vector Architecture), portadores de un sistema CRISPR/CasX regulado por promotores inducibles por cobre, con el objetivo de modular de manera dirigida la expresión de la tijera molecular CasX de Deltaproteobacterium (DpbCasX). Para evaluar el efecto de CasX sobre la viabilidad celular se incorporaron distintos RNA guías (gRNA) dirigidos a secuencias genómicas específicas de copia única, de copia múltiple o aleatorizadas (control). Un control de construcción evaluado en Escherichia coli C3019H mostró la expresión inducible por cobre (dosis dependiente) del gen reportero GFP bajo el control del promotor del gen EcCopA de *E. coli* , a diferencia del constructo portador del promotor nativo del gen *AfCopA* de *A. ferrooxidans* (ATCC23270T). El sistema CRISPR/CasX controlado por cobre evidenció toxicidad celular dependiente del gRNA en *E. coli*, tanto en el caso de las guías dirigidas contra genes esenciales como contra múltiples sitios por genoma. En conjunto, los vectores construidos y caracterizados en este trabajo constituyen una prueba de principio y un avance hacia el desarrollo de herramientas genéticas aplicables a la clase Acidithiobacillia, con potencial para modular racionalmente poblaciones en microbiomas acídicos de interés biotecnológico y ambiental.

Financing: Financiamiento: ANID/Exploración 13220230, ANID/Fondecyt 1221035; ANID/BASAL/FB210008

COMUNIDADES BACTERIANAS EN EL ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ Y SUS POTENCIALES APLICACIONES BIOTECNOLÓGICAS

Cristina Vergara-Riffo[3], Mauricio González[1], Daniel Palma[1], Jaime Figueroa[4], Karla Pozo[2], Mariett Torres[2], Patricia Águila-Torres[3], María Almonacid[5]

(1) INTA-Universidad de Chile, Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, Santiago, Chile
(2) Universidad San Sebastián, Concepción, Chile
(3) Universidad Austral de Chile, Laboratorio de Microbiología Molecular, Puerto Montt, Chile
(4) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Valdivia, Chile
(5) Sin Afiliación

Los ecosistemas marinos representan una de las reservas biológicas más vastas y poco exploradas del planeta, particularmente en lo que respecta a su microbioma. El Archipiélago Juan Fernández está conformado por las islas Robinson Crusoe, Santa Clara y Alejandro Selkirk. Ubicado a unos 670 km al oeste de la costa central de Chile, en el océano Pacífico Sur, este conjunto insular ha captado el interés de la comunidad científica debido a su notorio aislamiento geográfico, altos niveles de endemismo y condiciones oceanográficas únicas. A pesar de la creciente atención científica que ha recibido el Archipiélago Juan Fernández por su biodiversidad terrestre y marina visible, el conocimiento sobre su diversidad microbiana sigue siendo muy limitado. La mayoría de los estudios previos se han enfocado en organismos macroscópicos, dejando un vacío importante respecto a la biodiversidad microbiana ambiental. Este estudio abordó conocer la diversidad y estructura de la comunidad microbiana en aguas oceánicas superficiales del Archipiélago Juan Fernández, y explorar su potencial biotecnológico, particularmente en relación con bacterias asociadas a la degradación de plásticos. La metodología contempló la recolección de muestras de aguas marinas superficiales en cuatro zonas del archipiélago (islas Robinson Crusoe y Santa Clara), mediante filtración seriada para capturar el contenido microbiano. El ADN extraído fue secuenciado (regiones V3–V4 del gen 16S rRNA, tecnología Illumina NovaSeq PE250), y se realizaron análisis bioinformáticos. Se identificó la composición taxonómica y se estimaron funciones ecológicas relevantes. Los sitios estudiados estuvieron dominados por los filos Pseudomonadota, Cyanobacteria y Bacteroidetes. Además, se obtuvieron consorcios degradadores de bioplásticos (PHB). Esta información es clave para establecer una línea base microbiana en un ecosistema insular oceánico, poco explorado y con alto valor ecológico y biotecnológico.

Keywords: Comunidades bacterianas, Archipielago Juan Fernandez, Aguas oceánicas, Bacterias marinas

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DEL PANSECRETOMA DE AKKERMANSIA Y SU POSIBLE IMPLICACIÓN EN LA RESPUESTA INMUNE ASOCIADA A LA DIABETES TIPO 2

Boris Vidal-Veuthey[1], Lorena Melet[1,2], Nathan R. Johnson[1,2], Elena A. Vidal[1,2], Felipe Villanelo[3,4], Juan P. Cárdenas[1,5]

(1) Universidad Mayor, Centro de Genómica y Bioinformática, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Santiago, Chile
(2) Millennium Science Initiative - Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Santiago, Chile
(3) Fundación Ciencia y Vida, Santiago, Chile
(4) Universidad San Sebastián, Escuela de Ingeniería, Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Diseño, Santiago, Chile
(5) Universidad Mayor, Escuela de Biotecnología, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Santiago, Chile

Introducción: La diabetes tipo 2 (DT2) es una enfermedad caracterizada por alteraciones en la regulación de la glucosa sanguínea y está estrechamente relacionada con un desequilibrio en la composición de la microbiota intestinal. Uno de los cambios más frecuentes en este contexto es la variación en la abundancia del género bacteriano *Akkermansia*, conocido por sus efectos positivos en la salud metabólica. En particular, se ha demostrado que Akkermansia muciniphila, mejora la sensibilidad a la insulina y algunas proteínas secretadas cumplen funciones importantes en la integridad de la barrera intestinal, metabolismo del hospedero e inmunorregulación. Está última función podría estar relacionada con su capacidad para interactuar con células presentadoras de antígenos, que procesan y exponen péptidos a linfocitos T $CD4^+$, mediante el complejo mayor de histocompatibilidad clase II (MHCII). Por lo tanto, este estudio analizó el pansecretoma intestinal de A. muciniphila en metagenomas de individuos con DT2, comparándolos con sujetos sanos, para identificar diferencias en diversidad genética, funcionalidad e interacción inmunogénica.

Métodos: Utilizando la base de datos NCBI fueron recopilados 337 metagenomas, cuyos reads fueron clasificados con Kraken2, posteriormente se extrajeron las secuencias correspondientes a *Akkermansia*. Estas secuencias se ensamblaron mediante MetaSPAdes y con MetaWRAP se reconstruyeron MAGs. Para identificar MAGs de A. muciniphila se utilizó GTDB-Tk y CheckM2. El ORFeoma de estos MAGs fue anotado con Prokka y EggNOG-mapper, mientras que la localización subcelular se predijo con PSORTm. Las regiones transmembrana y péptidos señal con Phobius y SignalP. Proteínas clasificadas como "no citoplasmáticas" fueron análisis mediante NetMHCIIpan (HLA-DRB1*07:01), filtrándose péptidos potencialmente tóxicos (ToxinPred) o alergénicos (AllergenFP). Finalmente, los complejos MHCII-péptido se modelaron con LocalColabFold y su interacción fue evaluada con AutoDock-Vina.

Resultados: Se detectaron proteínas de *A. muciniphila* cuyos péptidos tienen alta afinidad al MHCII. Las categorías COG predominantes fueron funciones desconocidas, metabolismo de compuestos inorgánicos y señalización. Los péptidos mostraron métricas de acoplamiento

que respaldan su interacción con el MHCII.

Conclusión: Péptidos del pansecretoma de *A. muciniphila* podrían unirse al MHCII, lo que sugiere un posible rol inmunomodulador en la DT2. Estos hallazgos permiten considerar su validación experimental en el contexto de la enfermedad.

Keywords: *Akkermansia* spp., microbiota intestinal, proteínas secretadas, probióticos, diabetes tipo 2
Financing: ANID Doctorado Nacional/2021-21211564 (Boris Vidal-Veuthey).

EFECTO DEL GRADIENTE ALTITUDINAL SOBRE LA DIVERSIDAD DE HONGOS Y BACTERIAS EN SEMILLAS DE ACAENA *MACROCEPHALA POEPP*.

María José Villarroel-Contreras[1], Cristiane Sagredo-Sáez[1], Tedy Sanhueza[1], Javiera Cid[1], Héctor Herrera[1]

(1) Universidad de La Frontera, Departamento de Ciencias Agronómicas y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

La zona cordillerana de Chile presenta condiciones extremas para el crecimiento de las especies vegetales que la habitan. El estrés abiótico ha generado que las plantas adaptadas a estos ecosistemas desarrollen diversas estrategias de supervivencia. Una de ellas corresponde a la interacción con microorganismos simbióticos de etapa temprana, muchos de los cuales son transmitidos a través de transferencia vertical en las semillas. Estos microorganismos poseen características funcionales benéficas que contribuyen a la adaptación en ambientes severos. En este contexto, el presente estudio analizó la diversidad de hongos y bacterias asociados a semillas de la planta de alta montaña *Acaena macrocephala* Poepp. en distintos rangos altitudinales. Para ello, se evaluó la diversidad microbiana en semillas colectadas en tres alturas cordilleranas de la Región de La Araucanía: 1390, 1715 y 1934 m s.n.m. Se aplicó un ensayo de metabarcoding dirigido al gen 16S rRNA para bacterias y a la región ITS del gen 18S rRNA para hongos. Los resultados mostraron una mayor diversidad bacteriana a 1934 m s.n.m., tanto a nivel de familia como de género. En cambio, a 1715 y 1390 m s.n.m. se detectó únicamente la presencia del género Sodalis y de las familias *Pectobacteriaceae y Morganellaceae* como dominantes. Respecto a los hongos, se observó una menor diversidad relativa, aunque con predominancia de los géneros *Eremothecium, Holleya y Cladosporium* en las diferentes altitudes, y de la familia Saccharomyceteaceae. La mayor diversidad de bacterias observada en la altitud más extrema podría representar una estrategia adaptativa, ya que otorgaría a la planta ventajas funcionales para sobrevivir en estos ambientes. Estos resultados aportan información clave sobre microorganismos potencialmente benéficos para el crecimiento de especies vegetales en ecosistemas de alta montaña.

Financing: FONDEF ID23I103003

COLONIZACIÓN DE BACILOS GRAM NEGATIVOS RESISTENTES A CEFALOSPORINAS DE 3° GENERACIÓN (C3GR) EN CANINOS DOMÉSTICOS SANOS: ESTUDIO DE PREVALENCIA Y FACTORES DE RIESGO EN LA ARAUCANÍA

Marcela Villegas[1,2], Michel Abanto[1], Mónica Pavez[1]

(1) Universidad de La Fontera, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, CEMT-BIOREN, Universidad de La Frontera., Facultad de Medicina, Avenida Alemania 0458, Temuco, Chile
(2) Universidad de La Frontera, Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Av. Las Encinas 895, Temuco, Chile

La resistencia a antimicrobianos (RAM) es una amenaza creciente para la salud pública. Bacilos G (-) productores de β-lactamasas de espectro extendido (BLEE) son prioritarias por su alta prevalencia y resistencia a cefalosporinas de tercera generación (C3GR), que limita opciones terapéuticas. Los animales domésticos pueden actuar como reservorios y vectores, pero la vigilancia veterinaria en Chile es escasa. Este estudio evaluó la prevalencia y factores asociados a la colonización de bacterias C3GR en caninos de la Región de La Araucanía.
Se realizó un estudio transversal (marzo-julio 2025) en caninos de Lautaro, Temuco, Padre Las Casas y Nueva Imperial. Se aplicó una encuesta a tutores sobre características del hogar, hábitos y entorno de la mascota. Las muestras (hisopado rectal) se enriquecieron y se sembraron en agar MacConkey + cefotaxima (2 µg/mL). La identificación bacteriana se efectuó mediante MALDI-TOF y las asociaciones se analizaron con χ^2 y odds ratio (OR, IC95%), considerando $p<0,05$.

De 495 muestras recolectadas, la prevalencia global de bacterias C3GR (*E. coli, K. pneumoniae, P. aeruginosa, Salmonella sp., Enterobacter* spp.) fue 19,5%, con mayores tasas en Nueva Imperial (27,5%) y Temuco (22,3%). Factores que aumentaron la probabilidad de colonzación incluyeron: Familiar que trabaja en salud (OR=2,65; IC95%: 1,83–4,4), origen desconocido de la mascota (OR=2,04; IC95%: 1,30–3,22) y edad >2 años (OR=2,46; IC95%: 1,44–4,22). Factores protectores fueron residencia al interior de la vivienda (OR=0,27; IC95%: 0,17–0,44), interacción estrecha con tutores (OR=0,51; IC95%: 0,32–0,76), contacto con otros animales (OR=0,59; IC95%: 0,37–0,94) y esterilización (OR=0,56; IC95%: 0,33–1,95).

Los caninos domésticos sanos estudiados portan enterobacterias C3GR con prevalencias comparables a las reportadas internacionalmente (10–40%). La interfaz humana adquiere relevancia en el contacto con personal sanitario. En contraste, la vida en interiores, el contacto estrecho con los tutores y el contacto con otros animales actúan como factores protectores. En consecuencia, la interfaz ambiental pudiese jugar un rol preponderante como fuente de colonización de mascotas en la Región.

Los caninos portadores de bacterias C3GR son un riesgo para la salud pública, exigiendo un enfoque One Health que integre humanos, animales y medio ambiente para prevenir y controlar la RAM.

Keywords: caninos, mascotas, tutores, resistencia antimicrobiana
Financing: DI24-0078 (DIUFRO, 2024)Programa de Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada de la Universidad de La Frontera.
Acknowledgments: Equipo del Laboratorio de Investigación en Microbiología Clínica (LIMC-CEMT-UFRO)Equipo del Laboratorio de Bioanálisis y Diagnóstico Molecular (LBDM-CEMT-UFRO)

DIVERSIDAD MICROBIANA Y GENES DE RESISTENCIA A METALES PESADOS EN LAS LAGUNAS DE AMUYO, DESIERTO DE ATACAMA

Claudia Vilo[1,3], Francisca Fábrega[2,3], Benito Gómez-Silva[2,3]

(1) Universidad del Alba, Tecnología Médica, Ciencias de la Salud, Avenida Cuatro Esquinas Nº 60, La Serena, Chile
(2) Universidad de Antofagasta, Departamento Biomédico, Facultad Ciencias de la Salud, Av. Angamos 601, Antofagasta, Chile.
(3) Centro de Biotecnología y Bioingeniería CeBiB, Universidad de Antofagasta, NA, Av. Angamos 601, Antofagasta, Chile

Introducción: Las Lagunas de Amuyo (LAM) son lagunas andinas de origen geotermal del norte de Chile, a 3.700 metros de altitud, de color rojo, amarillo y verde. Sus aguas presentan un alto contenido de arsénico y boro, además de otros metales pesados propios del Desierto de Atacama, que se descargan en la Cuenca del Río Camarones. LAM es un sistema acuático andino poco explorado y expuesto a condiciones ambientales adversas para la vida.

Metodología: Se realizó un análisis metagenómico de la microbiota presente en los sedimentos de LAM, mediante la secuenciación del gen 16S del ARN ribosomal, junto con una secuenciación masiva de genomas completos utilizando la tecnología Illumina MiSeq. Análisis bioinformáticos de identificación taxonómica incluyeron software Mothur sobre la base de datos SILVA. Para el análisis de genes de resistencia y tolerancia a metales pesados se utilizó la plataforma MG-RAST junto con alineamientos usando BLAST sobre base de datos personalizadas. Además, se realizó ensamblaje de genomas completos usando software MEGAHIT y plataforma PATRIC para la reconstrucción final. Además, se realizaron cultivo y aislamiento de cepas bacterianas de los sedimentos LAM.

Resultados: El microbioma de LAM incluye microorganismos pertenecientes a los dominios Archaea, Bacteria, y Eukarya, genes putativos asociados a capacidades funcionales de defensa, virulencia y biosíntesis de metabolitos secundarios. Además, se observaron genes y rutas específicas que confieren resistencia a metales pesados. Entre los clústeres conocidos, se detectó evidencia del operón de resistencia al cobre (*cop*), necesario para la homeostasis del cobre. También se observó un sistema de resistencia al arsénico (*ars*) en todas las muestras, que incluía el gen de arsenato reductasa (*arsC*), encargado de reducir el arsenato. Además, se identificó el operón de resistencia a cobalto-zinc-cadmio (*czc*), que codifica el complejo de expulsión de metales pesados necesario para la desintoxicación. Methanosarcina (Euryarcheota) es el más abundante en sedimentos LAM. Nuestra colección de cepas cultivables incluye bacterias, hongos y cianobacterias aisladas de aguas y sedimentos LAM. Treinta y cinco bacterias de los géneros *Pseudomonas, Aeromonas, Pannonibacter, Zobellella, Vibrio, Neobacillus, y Enterobacteria* han sido identificadas por secuenciación del gen rRNA 16S y se demuestran capacidad de sintetizar exopolisacáridos.

Keywords: Lagunas de Amuyo, Microbioma, metagenomica, resistencia arsenico

Financing: Proyecto Basal CeBiB FB0001.
Acknowledgments: Al equipo de trabajo del Laboratorio de Bioquímica de la Universidad de Antofagasta.

METAGENOMIC ANALYSIS OF THE HUMAN GUT MICROBIOME: CARBAPENEM RESISTANCE GENES AND THEIR MOBILIZATION POTENTIAL

Erika Vivanco Castillo[1], Francisco Fuentes-Santander[1], Juan Ugalde[1]

(1) Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile

The global rise of carbapenem-resistant bacteria represents a critical threat to public health, driven largely by the dissemination of carbapenemase genes via mobile genetic elements (MGEs). While clinical isolates have been extensively studied, the ecological and genomic contexts in which these resistance determinants interact in highly dynamic environments, such as the gut microbiome, remain poorly understood. This study examines the diversity, genomic context, and mobilization potential of antibiotic resistance genes (ARGs) associated with carbapenem resistance in metagenomic samples from patients colonized with antibiotic-resistant bacteria. We analysed short-read metagenomic datasets from a cohort of colonized and uncolonized individuals, focusing on the detection of carbapenem ARGs. Using bioinformatics analysis, we identified ARGs in the complete dataset and characterized the alpha and beta diversity of the samples based on ARG profiles, as well as the taxonomic profile of potential hosts at the genus level. To explore the mobilization potential of carbapenem ARGs, we applied genomic context prediction, including co-localization analyses with MGE-associated signatures (e.g., transposases, integrases, and plasmid markers). Preliminary analyses revealed a diverse repertoire of carbapenem ARGs, including clinically relevant carbapenemase families, with heterogeneous distribution across samples. Genera commonly associated with multidrug resistance, such as Klebsiella and Enterobacter, were found in samples with higher ARG abundance and diversity, suggesting that specific taxa may act as key reservoirs in colonized patients. These preliminary findings suggest that a subset of carbapenem ARGs occurs in genomic environments indicative of horizontal gene transfer, providing a foundation for subsequent functional characterization. Overall, this work provides an initial step for linking carbapenem ARGs with their genomic contexts in the human gut microbiome. Ongoing analyses will expand to reconstruct ARG-MGE co-localization networks and evaluate the mobilization potential of MGEs and associated carbapenem ARGs.

Keywords: antibiotics, microbiome, mobile genetic elements, carbapenems
Financing: Fondecyt Regular 1221209, Beca ANID 21242040

EVALUACIÓN DE FLAVONOIDES SINTÉTICOS COMO INHIBIDORES DE LA PROTEASA CASEINOLÍTICA P (CLPP) DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* RESISTENTE A LA METICILINA COMO POTENCIALES AGENTES ANTIVIRULENCIA.

Yesseny Vásquez-Martínez[1,2], Javiera Canelo[2], Marcelo Cortez-San Martín[2], Martina Meneses[2], Mauricio Osorio[3], Tomas Cáceres[4], Carolina Mascayano[4]

(1) Universidad de Santiago de Chile, Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias Médicas, Alameda 3363, Santiago, Chile
(2) Universidad de Santiago de Chile, Laboratorio de Virología Molecular y Control de Patógenos, Departamento de Biologia, Facultad de Química y Biologia, Alameda 3363, Santiago, Chile
(3) Universidad Autónoma de Chile, Laboratorio de equipos avanzados, Instituto de Ciencias Aplicadas e Innovación, Santiago, Chile
(4) Universidad de Santiago de Chile, Laboratorio de Simulacion y Diseño Racional de Fármacos, Departamento de Ciencias del Ambiente, Facultad de Química y Biologia, Alameda 3363, Santiago, Chile

Una de las características importantes de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) es su capacidad para secretar toxinas que dañan las membranas de las células del huésped, como la α-hemolisina y la leucocidina PVL (leucocidina de Panton-Valentine). Diversos intentos por disminuir la virulencia de SARM se han centrado en una parte específica del sistema Agr: el regulador génico accesorio (agr). Sin embargo, dado que la expresión de la virulencia es un proceso complejo, coordinado y modulado por varios reguladores conocidos o aún por descubrir, la inhibición de una vía relacionada con la virulencia puede tener consecuencias que afecten la expresión de otros factores de virulencia.

La proteasa caseinolitica (ClpP) es altamente conservada en diversas especies bacterianas; es esencial para la patogenicidad de SARM y puede regular la transcripción de numerosos factores de virulencia. Diversos estudios han demostrado que la inhibición de esta peptidasa afecta distintos aspectos de la patogénesis bacteriana, lo que ha generado gran interés y la ha consolidado como una nueva diana farmacológica potencialmente viable.

Este trabajo presenta la evaluación de flavonoides sintéticos como inhibidores de la ClpP de MRSA. Se encontró que algunas características importantes para la inhibición de esta proteasa son los sustituyentes hidroxilo en las posiciones 3 y 7 del anillo A, hidroxilos catecólicos en 3' y 4' y un sustituyente prenilo en el anillo B del flavonoide.

Los mejores inhibidores mostraron valores de IC50 entre 70 y 120 µM y un tipo de inhibición competitivo-mixto, imitando a un tipo competitivo. El acoplamiento molecular reveló que Asp172, Gly128 e His142 eran sitios de unión potenciales para la interacción de los flavonoides con ClpP. Mediante q-PCR cuantitativo en tiempo real, se observó que los inhibidores más eficaces de ClpP redujeron la expresión de genes relacionados con factores de virulencia, como hla y pvl, lo cual se corroboró mediante Western blot.

En este estudio también se evaluó la capacidad de los flavonoides sintéticos para disminuir la formación de biofilm, encontrándose que, a diferencia de lo esperado, los mejores inhibidores de la formación de biofilm presentaron baja inhibición de ClpP.

Keywords: inhibidores de ClpP, MRSA, virulencia, flavonoides
Financing: Fondecyt regular 1240399
Acknowledgments: Agradecimientos a Fondecyt regular 1240399

CARBAPENEM- AND CEPHALOSPORIN-RESISTANT ENTEROBACTERIACEAE IN SURFACE WATERS OF CENTRAL CHILE: ENVIRONMENTAL AND SEASONAL PREDICTORS OF MULTIDRUG-RESISTANCE PHENOTYPES

Alejandro Zelaya[1], Sebastian Wolter-Salas[1], Natalia Pino[1], Fernando Dueñas[2], Isabel Huentemilla[1], Ingrid Mercado[1], Stefan Steiniger[3], Aiko D. Adell[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Av. Republica 330, Santiago, Chile
(2) Universidad Bernardo O'Higgins, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Médicas, Placer 1384, Santiago, Chile
(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería de Construcción y Transporte, Av. Brasil 2147, Valparaíso, Chile

Antimicrobial-resistant bacteria represent a rising public health threat, especially in environmental reservoirs such as surface waters. These bodies receive contaminants from human activity and may serve as vehicles for the spread of antimicrobial-resistant microorganisms. This study investigated the presence of antibiotic-resistant enterobacteria (AMR-E) in surface waters of central Chile, focusing on the Mapocho and Maipo river basins.

A total of 240 water samples (1 L each) were collected quarterly across both basins during 2023–2024, covering all seasons. Land use classification was conducted using QGIS and the CONAF 2017 land use layer. Enterobacteria were isolated on two MacConkey agar supplemented with ciprofloxacin (CIP) and ceftazidime (CAZ). Colonies were selected based on typical morphology and identified by MALDI-TOFF as *Escherichia coli, Klebsiella or Enterobacter* spp. Antimicrobial susceptibility was assessed using the Kirby-Bauer method, following CLSI and EUCAST standards.

Of all samples, 7.92% (19/240) showed growth of AMR-E isolates. Growth was more frequent in Mapocho (25/44) than in Maipo. Urban sites also showed greater recovery of AMR-E (27/44) compared to other land types. *Escherichia coli* was the most frequent species (35/44), followed by *Enterobacter* spp (5) and *Klebsiella pneumoniae* (3).

Resistance to third- or fourth-generation cephalosporins was found in 52.27% (23/44) of isolates, and carbapenem resistance in 10 isolates—predominantly from Mapocho and urban areas. Multidrug resistance (MDR) was identified in 70.45% (31/44) of isolates—20 from the Mapocho and 11 from Maipo. Urban land use had the highest MDR detection (18/31) compared to other land types.

Preliminary random forest analysis identified total dissolved solids (TDS), proximity to human settlements, and seasonality as key predictors of MDR enterobacteria, with 85.26% accuracy. Fisher's exact test preliminary showed significant associations between MDR and human settlements ($p < 0.05$).

The detection of MDR and last generation cephalosporin- and carbapenem-resistant enterobacteria in irrigation waters is alarming, as these antibiotics are last-resort treatments in clinical settings. These findings underscore the need to incorporate environmental indicators into AMR surveillance and improve control strategies in water used for agriculture.

Keywords: Extended-spectrum β-lactamases, Irrigation water, Environmental risk factors, Land use, Random Forest
Financing: ANID FONDECYT Regular grant 1221536.
Acknowledgments: We thank Verónica, Javier, Ignacio and Priscilla for their support in lab activities, and Diego and Camilo for their assistance with land use classification, all of whom contributed to the successful development of this study.

CHARACTERIZATION OF SINGLE DOMAIN ANTIBODIES BINDING TO DIFFERENT CONFORMATIONS OF ANDES VIRUS GN/GC GLYCOPROTEINS IN CELLS AND ASSEMBLED ONTO VIRUS-LIKE PARTICLES

Benjamín Zamorano[1], Ronald Jara[2], Naphak Modhiran[3,4], Gianina Arata[1], Nicolás A. Muena[1], Fabián Figueroa[1], Daniel Watterson[3,4], Alejandro Rojas-Fernández[2], Nicole D. Tischler[1,5]

(1) Laboratorio de Virología Molecular, Centro Científico Tecnológico de Excelencia Ciencia & Vida, Fundación Ciencia & Vida, Santiago, Chile
(2) Institute of Medicine, Faculty of Medicine, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile
(3) School of Chemistry and Molecular Biosciences, The University of Queensland, Brisbane, Queensland, Australia
(4) Australian Infectious Disease Research Centre, Global Virus Network Centre of Excellence, Brisbane, Queensland, Australia
(5) Escuela de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile
Background

Andes virus (ANDV) is the only known hantavirus transmitted from person-to-person, and hence poses a major public health concern. Its surface glycoproteins, Gn and Gc, assemble into spikes on the viral envelope and mediate cell entry through conformational changes associated with membrane fusion. Camelid-derived single-domain antibodies (VHHs), due to their small size and stability, provide advantages over conventional IgG in recognizing hidden epitopes and discriminating structural states critical for the viral replication cycle.

Methods and Results
ANDV virus-like particles (VLPs) were generated in HEK293FT cells through Gn/Gc expression. VHH fused to human Fc were titrated against VLPs using flow virometry, and in transfected Vero E6 cells by fluorescence microscopy, to determine optimal working concentrations. Subsequently, VHH binding was assessed under conditions that induce specific Gn/Gc conformations on VLPs, including variations in temperature and pH. Titration allowed the determination of optimal VHH concentrations capable of generating specific and stable signals in both VLPs and cells. In preliminary assays, VHHs showed differences in affinity for Gn/Gc under conditions mimicking pre- and post-fusion states. Fluorescence microscopy experiments are currently in progress, with the aim of visualizing the recognition of specific conformations during the viral replication cycle.

Conclusion
These preliminary results support the hypothesis that VHHs targeting ANDV Gn/Gc can discriminate structural conformations relevant during viral replication, both in particles and in cells. This approach not only contributes to understanding the mechanisms and structural characterization on the ANDV Gn/Gc Spikes during the viral life cycle but also positions VHHs as promising tools for the development of therapeutic strategies.

Financing: ANID fondos FONDECYT 1221811, FONDEF IDeA TA24I10051 and Basal FB210008.

RHIZOSPHERE MICROBIOMES OF NATIVE DESERT PLANTS FROM PAPOSO, CHILE: A METAGENOMIC APPROACH.

Pedro Zamorano[1,2], André R. Soares[3,4], Alex R. Probst[3,4], Mayra Cayo[1], Francisco Solís[1,2], Andrés Santos[6,7,8], Bernardita Valenzuela[1,5]

(1) Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Chile
(2) Universidad de Antofagasta,, Departamento Biomédico,, Facultad de Ciencias de la Salud, Antofagasta, Chile.
(3) University of Duisburg-Essen, Environmental Metagenomics, Research Center One Health Ruhr, University Alliance Ruhr,, Faculty of Chemistry, Essen, Germany
(4) Centre for Water and Environmental Research (ZWU), University of Duisburg-Essen, Essen, Germany.
(5) Departamento de Educación, Facultad de Educación, Universidad de Antofagasta, Chile.
(6) Laboratorio de Bioinformática y Microbiología Aplicada, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.
(7) Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.
(8) Centro de Informática Biomédica, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.

Background

The rhizosphere is a key microenvironment in plant–microbe interactions, where plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) contribute to plant tolerance against abiotic stresses such as drought. Native plants from the coastal desert of Antofagasta represent unique systems to explore rhizosphere microbiomes adapted to hyper-arid conditions. Here, we analyzed rhizosphere metagenomes from two plant species previously studied by the REMC project to uncover metabolic traits associated with PGPR microbiomes.

Methods

Rhizosphere samples were collected from three individuals each of Croton chilensis and Nicotiana solanifolia between Quebrada El Médano and Paposo (northern Chile). DNA was extracted and sequenced using shotgun metagenomics on the Illumina NovaSeq6000 platform. Reads were assembled with MetaSPAdes, and metagenome-assembled genomes (MAGs) were recovered using multiple binning tools (MetaBAT2, MaxBin2, SemiBin2) followed by integration with DASTool. Bins were manually curated with uBin,dereplicated with Galah, checked for quality with CheckM2 and taxonomically classified GTDB-tk. Gene prediction was performed with Prodigal, functional annotation with DIAMOND, and metabolic profiling with METABOLIC. Downstream statistical and diversity analyses were conducted in RStudio.

Results

A total of thirty MAGs were recovered with ≥70% completeness and ≤10% contamination, and ten MAGs exceeded 90% completeness with ≤3% contamination. The dominant phyla were Actinomycetota and Pseudomonadota, along with other taxa typically associated with

desert environments. A differential distribution of several genera was observed between the two host plants, suggesting host-specific microbial recruitment. Metabolic reconstruction revealed the widespread presence of sulfur metabolism pathways across MAGs, highlighting the central role of sulfur cycling in desert soil microbiomes and its potential contribution to PGPR-mediated drought resistance.

Conclusion
These findings demonstrate that the rhizosphere microbiomes of native desert plants harbor diverse and functionally rich bacterial consortia, with sulfur metabolism as a core adaptive trait. This underscores the potential of desert rhizosphere microbiota as a source of PGPR for biotechnological applications in improving drought resilience in agriculture.

Keywords: Rhizosphere microbiome, PGPR, MAGs, Drought, REMC
Financing: Proyecto FRPD-2024 Cod. BIP 40067702-0 “Biodegradación de plásticos con bacterias extremófilas para la economía circular”Proyecto ANID FSEQ210003 Rhizosphere Extreme Microbiome Consortium (REMC) Fondo de Investigación Estratégica en Sequía

EVALUACIÓN DEL RANGO DE HOSPEDERO DE LOS BACTERIÓFAGOS PACCP1 Y PACCP2 EN CEPAS CLINICAS DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA.*

Dylan Zapata Contreras[1,2], Boris Parra Verdugo[1,2,3], Andrés Opazo Capurro[1,2], Maximiliano Sandoval Carrasco[1,2], Gerardo Gonzáles Rocha[1,2]

(1) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción 4070409, Chile
(2) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción 4070409, Chile
(3) Universidad de las Américas, Instituto de Ciencias Naturales, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Av. Jorge Alessandri 1160, Campus El Boldal, Concepción 4070409, Chile

Introducción:
Recientemente, la resistencia antimicrobiana (RAM) ha sido clasificada como una amenaza para la salud pública. El uso inapropiado de antibióticos ha acelerado su expansión a nivel mundial. En este contexto, *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos (CRPA) es catalogada como patógeno de "alta prioridad" por la Organización Mundial de la Salud debido a su elevada resistencia, virulencia y la limitada disponibilidad de nuevos antibióticos. Como alternativa terapéutica, los bacteriófagos líticos —virus capaces de lisar bacterias específicas— han resurgido como una alternativa prometedora. El objetivo de este estudio fue caracterizar el rango de hospedero y la eficiencia de plaqueo (EOP) de los bacteriófagos PaCCP1 y PaCCP2 con capacidad infectiva a *P. aeruginosa*, frente a cepas de CRPA de origen clínico humano.

Metodología:
Se determinó el rango de hospedero y la EOP de los bacteriófagos a través de ensayos de agar de doble capa en medio LB a 37 °C frente a 100 cepas CRPA provenientes de distintos centros hospitalarios del país. Para esto, se utilizaron suspensiones fágicas de ambos a 10^{10} PFU/mL obtenidas tras propagación y precipitación con polietilenglicol 8000, a una multiplicidad de infección (MOI) 1. Asimismo, la EOP para las cepas CRPA con infección positiva se determinó mediante diluciones seriadas en buffer SM tanto de PaCCP1 como de PaCCP2.

Resultados:
De las 100 cepas analizadas, 25 mostraron infección positiva; 4 fueron infectadas sólo por PaCCP1, 20 sólo por PaCCP2 y 1 por ambos fagos. En cuanto a la EOP, en presencia de PaCCP1 la cepa "P143" presentó el mayor valor con 5.1 x 107 PFU/mL, mientras que en presencia de PaCCP2 la cepa "Psa117" presentó el mayor valor con 1.78 x 109 PFU/mL.

Conclusión:
Ambos fagos demostraron una actividad lítica efectiva frente a múltiples cepas de CRPA, destacando su potencial aplicación en estrategias de terapia fágica para el control de

dicho patógeno crítico y el combate de la RAM. A su vez, se establece que los fagos PaCCP1 y PaCCP2 son candidatos para futuros ensayos preclínicos en infecciones causadas por CRPA.
Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, Resistencia a cabapenémicos, PaCCP1, PaCCP2, Terapia fágica

Financing: Proyecto Postdoctoral N°2023000003P, aprobado en el concurso de la VRID de la Universidad de Concepción por el periodo 2023-2025, titulado "Plasmid-dependent Bacteriophages to fight Antimicrobial Resistance", cuyo investigador responsable es el Dr. Boris Parra.
Acknowledgments: Quiero agradecer a mi supervisor, Dr. Boris Parra, por su guía experta y apoyo constante. Al laboratorio LIAA por brindarme los medios para llevar a cabo esta investigación. A mi familia, amigos y novia por su apoyo incondicional y paciencia.

PRIMERA DETECCIÓN EN ANTÁRTICA Y CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE *ESCHERICHIA COLI* ST69 MULTIRRESISTENTE Y POTENCIALMENTE PATÓGENA

Javiera Zapata Torres[1], Franco Ilabaca Carrasco[1], Andrés Opazo Capurro[1,2], Helia Bello Toledo[1,2], Gerardo González Rocha[1,2], Maximiliano Matus Kohler[1]

(1) Universidad de Concepción, Laboratorio de Investigación de Agentes Antibacterianos (LIAA), Departamento de Microbiología, Concepción, Chile
(2) Universidad de Concepción, Programa Especial de Ciencia Antártica y Subantártica (PCAS), Concepción, Chile

La detección de bacterias multirresistentes en regiones polares plantea interrogantes sobre la magnitud del impacto humano en ecosistemas previamente considerados prístinos. En este estudio se caracterizó genómicamente la cepa *Escherichia coli* S2 R1-15 (9), aislada de una muestra de suelo de la Isla Livingston, Antártica, con el objetivo de evaluar su potencial relación con fuentes antropogénicas de contaminación, resistencia a los antibióticos y virulencia.

La secuenciación del genoma completo se realizó en la plataforma Illumina NovaSeq X Plus. La tipificación genómica por Multi-Locus Sequence Typing (MLST) utilizando PubMLST y Enterobase, reveló que la cepa S2 R1-15 (9) pertenece al secuenciotipo 69 (ST69).

La cepa S2 R1-15 (9) presentó un ANI de 97,4 % respecto a la cepa tipo *E. coli* (GCF_000005845.2) y >99,6 % ANI con cepas clínicas humanas, evidenciando una potencial relación con fuentes antropogénicas. Se identificaron dos plásmidos (IncFIB y Col156) mediante PlasmidFinder, comúnmente asociados a la diseminación de genes de resistencia a antibióticos (GRAs). El análisis de resistoma, determinado con Staramr y ABRIcate, reveló nueve GRAs: blaTEM-1, aac(3)-IIe, tet(A), sul1, mph(A), aadA5 y dfrA17, que confieren resistencia a β-lactámicos, aminoglucósidos, tetraciclinas, sulfonamidas, macrólidos y trimetoprim, respectivamente. Adicionalmente, se detectaron integrones clase 1 con Integron Finder, junto con genes asociados a sistemas de secreción tipo II (T2SS) y III (T3SS), sideróforos (yersiniabactina, enterobactina) y proteínas de adhesión mediante Virulence Factor Database (VFDB) y AntiSMASH, indicando un elevado potencial patogénico. El análisis filogenómico de cepas globales de E. coli ST69 basado en SNPs del "core genoma" reveló que S2 R1-15 (9) se agrupa filogenéticamente con una cepa de origen humano descrita en el Reino Unido, sugiriendo un posible vínculo con la diseminación de bacterias patógenas asociado a actividades antropogénicas.

Estos hallazgos constituyen la primera descripción de *E. coli* ST69 en la Antártica, una cepa multirresistente a los antibióticos y potencialmente patógena en un ambiente remoto, lo que refuerza la hipótesis de la Antártica como un reservorio emergente de bacterias con características patogénicas, probablemente influenciado por actividades humanas. Este trabajo subraya la necesidad de vigilancia genómica en ambientes extremos bajo el enfoque "Una Salud".

Acknowledgments: Agradecimientos a MSc. Camila Cigarroa y a Dra. Angélica Casanova.

ANÁLISIS GENÓMICO Y FILOGENÉTICO DE *SALMONELLA SPP*. EN AGUAS SUPERFICIALES DE LA REGIÓN DE O'HIGGINS, CHILE

Alejandro Zelaya-Menjívar[1], Sebastian Wolter-Salas[1], Natalia Pino[1], Fernando Dueñas[2], Isabel Huentemilla[1], María Angelica Fellemberg[4], María Consuelo Arias[3], Carla Vera[4], Macarena Fernandez[4], Aiko Adell Nakashima[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Escuela de Medicina Veterinara, Facultad de Ciencias de la Vida, Av. Republica 330, Cleveland, Chile
(2) Universidad Bernardo O'Higgins, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Médicas, Placer 1384, Cleveland, Chile
(3) Universidad de Chile, Instituto de Nutrición y tecnología de los alimentos, Santiago, Chile
(4) Pontifica Universidad Católica de Chile, Ciencias animales, Facultad de Agronomía, Santiago, Chile

Antecedentes
Salmonella spp. es un agente etiológico relevante de enfermedades transmitidas por alimentos. Su presencia en agua superficial usada para riego y la resistencia a antimicrobianos (RAM) en cepas ambientales son preocupaciones crecientes. Este estudio caracterizó perfiles de RAM y relaciones filogenéticas de cepas de *Salmonella* obtenidas desde agua superficial.

Métodos
Se recolectaron 180 muestras en 36 sitios de la región de O'Higgins (octubre 2022–marzo 2023). Las muestras (15 Litros) se procesaron con filtros Moore swab y posteriormente se obtuvieron los aislados en agar xilosa-lisina-desoxicolato (XLD). Las cepas se confirmaron por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) del gen invA y se serotipificaron según Kauffmann-White-Le Minor. Los genomas se ensamblaron (SPAdes) y anotaron (Bakta). Se identificaron genes de resistencia (AMRFinderPlus) y se realizó tipificación multilocus (MLST). El pangenoma se analizó con Panaroo; el alineamiento múltiple con MAFFT; el árbol filogenético se infirió con IQ-TREE y se visualizó en iTOL.

Resultados
Se recuperaron 98 aislados de *Salmonella spp*., distribuidos en al menos 12 serovares clínicamente relevantes. Entre los más frecuentes se encontraron Enteritidis, Typhimurium e Infantis, seguidos de Miami, Montevideo, Derby, Panama, Agona, Schwarzengrund, Edinburgh y Newport, reflejando una alta diversidad. Los análisis genómicos confirmaron la presencia universal de los genes de resistencia cromosómica mdsA y mdsB, junto con determinantes asociados a múltiples clases de antimicrobianos, como aadA1, aadA2, blaTEM-1, blaCTX-M-65, sul1, tet(A), tet(B) y mutaciones en gyrA. La proporción de aislados con perfiles multirresistentes (MDR, definidos como resistencia a ≥3 clases de antimicrobianos) alcanzó el 76%, con una mayor frecuencia en los serovares Enteritidis, Typhimurium e Infantis. El análisis de pangenoma reveló un repertorio génico compartido consistente entre los serovares principales, mientras que el alineamiento y la inferencia filogenética mostraron agrupamientos bien definidos, destacando la separación de los serovares Miami y Enteritidis respecto de *Typhimurium* e

Infantis

Conclusión
En agua superficial de O'Higgins se observó una alta diversidad de serovares y una elevada frecuencia de MDR (76%) en Salmonella spp., lo que documenta un reservorio ambiental de RAM y respalda la necesidad de vigilancia integrada en usos agrícolas del agua.

Keywords: *Salmonella* spp, Resistencia a Antimicrobianos, Análisis filogenético, Patógenos transmitidos por el agua
Financing: Esta investigación fue llevada a cabo en el marco del proyecto FIC 2020 (40027684-0) y el Fondecyt Regular (1221536).
Acknowledgments: Agradecemos a prodesales, INDAP, agricultores (VI Región), y estudiantes de la PUC que participaronen los talleres del proyecto.

DEL RÍO AL LABORATORIO: CARACTERIZACIÓN Y PREDICCIÓN DE ENTEROBACTERIAS (*E. COLI, KLEBSIELLA SPP. Y ENTEROBACTER SPP.*) MULTIRRESISTENTES EN AGUAS AGRÍCOLAS DEL CENTRO DE CHILE

Alejandro Zelaya-Menjívar[1], Isabel Huentemilla[1], Natalia Pino[1], Ingrid Mercado[1], Fernando Dueñas[2], Aiko Adell Nakashima[1]

(1) Universidad Andrés Bello, Escuela de Medicina Veterinaria, Ciencias de la vida, Av. Republica 330, Santiago, Chile
(2) Universidad Bernardo O'Higgins, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Médicas, Placer 1384, Santiago, Chile

Background: La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye una de las mayores amenazas para la salud pública global, asociada a 1,27 millones de muertes directas en 2019 y clasificada por la OMS como un desafío crítico. Un componente clave en su diseminación son las aguas superficiales, donde se han detectado enterobacterias resistentes en diversos ríos de Chile, incluyendo Escherichia coli y Klebsiella pneumoniae portadoras de genes BLEE y mcr-1. Esta situación refleja la importancia de los ecosistemas acuáticos como reservorios y vehículos de transmisión hacia humanos, a través del riego agrícola, el consumo de agua insuficientemente tratada y actividades recreativas.

Methods: Se realizaron 6 muestreos entre agosto del 2023 y 2025 en 60 sitios de las cuencas de los ríos Maipo y Mapocho. Las muestras fueron filtradas y cultivadas en placas de agar MacConkey sin suplemento, otra con adición de ciprofloxacino (2 µg/ml) y otra con ceftazidima (2 µg/ml). Los aislados recuperados fueron identificados por MALDI-TOF y caracterizados fenotípicamente mediante el método de Kirby-Bauer, siguiendo las recomendaciones internacionales de CLSI y EUCAST.

De forma complementaria, en cada sitio de muestreo se recopilaron datos ambientales, geográficos, temporales y antropogénicos, los cuales se integrarán en un modelo de Random Forest Classifier. Este modelo fue utilizado para realizar un análisis de predicción de la presencia de enterobacterias (E. coli, Klebsiella spp., Enterobacter spp.) resistentes a antimicrobianos (ERAM) en la muestra.

Results: Se recopilaron un total de 360 muestras, de las cuales se aislaron 1.162 aislados, de estas 741 presentaron el fenotipo de interés (fermentadores de lactosa). Entre estos, se lograron aislar 402 *E. coli, 32 Klebsiella spp. y 6 Enterobacter spp*. Que representan los aislados de interés para esta investigación. De los aislados obtenidos, un 76% correspondieron a cepas multirresistentes (MDR). El análisis realizado mediante Machine Learning arrojó métricas de rendimiento satisfactorias, con un F1 Score de 83%, destacando que las características fisicoquímicas del agua fueron las variables más influyentes en la predicción del modelo, junto con la presencia y tipo de basura en los sitios de muestreo.

Conclusion: El modelo de predicción identificó factores fisicoquímicos y ambientales clave

asociados a ERAM en agua.

Keywords: Random Forest, Factores de riesgo, Resistencia a Antimicrobianos, Agua superficial
Financing: Agradecemos al proyecto FONDECYT Regular #1221536, ya que esta investigación se realizó en el marco de este proyecto.
Acknowledgments: Agradecemos a Verónica, Javier, Ignacio y Priscilla por su apoyo en las actividades de laboratorio.

REDUCCIÓN DE SO_2 EN VINIFICACIÓN MEDIANTE FERMENTACIONES SECUENCIALES CON *METSCHNIKOWIA PULCHERRIMA*

María Ignacia Zúñiga Hidalgo[1], Daniela Catrileo[1], Liliana Godoy Olivares[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Fruticultura y Enología, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Vicuña Mackena 4860, Santiago, Chile

El anhidrido sulfuroso (SO2) es un gas ampliamente utilizado en la industria vitivinícola debido a su acción antioxidante y antimicrobiana durante todo el proceso de la elaboración del vino, sin embargo, su ingesta excesiva puede provocar malestares en los consumidores y afectar las propiedades organolépticas del producto final. En este contexto, *Metschnikowia pulcherrima* corresponde a una levadura del género No-saccharomyces surge como una alternativa de bioprotección debido a dos importantes acciones; la quelación de hierro mediante la producción de pulcherremina, y la capacidad de respirar, en lugar de fermentar, el azúcar del medio. Estas estrategias permiten disminuir la disponibilidad de nutrientes microorganismos contaminantes y así evitar la excesiva adición de sulfuroso.

El objetivo de este estudio fue evaluar el potencial bioprotector de *M. pulcherrima* como sustituto total o parcial del uso de sulfuroso en vinos blancos. Para esto se realizaron 4 tratamientos: S. cerevisiae con adición de SO2 (Sc+SO2), M. pulcherrima con inoculación secuencial de S. cerevisiae sin adición de SO2 (Mp+Sc), M. pulcherrima con inoculación secuencial de S. cerevisiae con adición de SO2 Mp+Sc+SO2 y S. cerevisiae sin adición de SO2 (Sc).

El desarrollo de la fermentación fue monitoreado mediante la producción de CO2 a través del registro de peso diario. Una vez finalizada, se analizaron las muestras por HPLC para determinar las concentraciones de ácidos, azucares y etanol final. Asimismo, se evaluó la capacidad antioxidante mediante fenoles totales, ORAC, DPPH, ABTS y FRAC. Finalmente, se realizó un análisis sensorial enfocado en el perfil aromático.

Todos los tratamientos finalizaron su fermentación alrededor de las 315 horas, con un promedio de 9.7° GLy 5 g/L de azucares residuales, categorizándose como vinos semisecos y de baja graduación alcohólica.

Los resultados evidencian que los tratamientos de *M. pulcherrima* + 40 ppm de SO2 redujeron la sensación de picazón o avinagramiento asociadas a la acidez volátil, y potenciaron lo aromas cítricos vinculados a la presencia de 3-mercaptoexilacetato.

Este estudio justifica el uso de *M. pulcherrima* en fermentaciones secuenciales para reducir a dosis menores de sulfuroso, sin comprometer la estabilidad microbiológica y entregando nuevos atributos aromáticos diferenciadores, además de proteger a los consumidores.

Keywords: Metschnikowia pulcherrima, Bioprotección, Anhidrido sulfuroso, Fermentación secuencial, Vinos blancos
Financing: Proyecto CORFO 23CVC-245655

DIVERSIDAD BACTERIANA CULTIVABLE Y RESISTOMA DE SALARES DEL NORTE DE CHILE

Juan Zúñiga Lucero[1,2], Matías Gálvez[1], Antonia Ondarza[1,2], Amparo Saavedra[1,2], Maximiliano Carreño[1,2], Tomás Ovalle[1], Camilo Berrios[1], Andrés Marcoleta[1,2]

(1) Grupo de Microbiología Integrativa, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile
(2) Anillo Talackutur Lithium Bio-R

Background
A lo largo del Altiplano Chileno, se encuentran diversos salares con características únicas, dadas las condiciones ambientales y fisicoquímicas que los catalogan como ecosistemas poliextremos, con amplias variaciones de temperatura, altas concentraciones de metales y metaloides tóxicos, y una elevada exposición a luz ultravioleta. Estudios metagenómicos en salares del norte de Chile han identificado genes de resistencia ya documentados en la literatura, aportando información valiosa sobre los mecanismos de adaptación presentes en estos ecosistemas. Sin embargo, aún es necesario determinar la funcionalidad de estos genes, además de evaluar si podrían estar relacionados con la resistencia a antibióticos, un aspecto crucial ante la creciente amenaza de la resistencia a antimicrobianos. Evaluar el resistoma de estas bacterias es fundamental, dado su potencial biotecnológico, especialmente en la recuperación de elementos críticos provenientes de desechos electrónicos, un sector donde la necesidad de soluciones ecológicas es cada vez más urgente.

Methods
En este estudio, se analizó la resistencia de aislados de muestras ambientales del Salar de Ascotán y el Salar de Huasco, a distintos metales y metaloides (Cobre, Arsénico, Cadmio, Níquel y Cobalto) por medio del método micro dilución en caldo para estimar la concentración mínima inhibitoria (CMI). Como control, utilizamos la cepa control Escherichia coli DH5alpha. Además, evaluamos la susceptibilidad a 35 antibióticos de uso clínico en bacterias, con la ayuda de discos de difusión en placa con medio Müller-Hinton(MH).

Results
Encontramos una tendencia marcada en la resistencia a arsénico (MIC > 10mM) dentro de los aislados bacterianos que pusimos a prueba, a diferencia con lo que pudimos observar en otros metales donde hallamos un menor numero de cepas resistentes. En general, se observó una resistencia a antibióticos limitada en los aislados de salares ensayados.

Conclusion
Se encontró resistencia a metales y metaloides entre los aislados del Salar de Ascotán y el Salar de Huasco, principalmente arsénico, la cual no se correlacionó de manera evidente con la resistencia a antibióticos de uso clínico, a diferencia de lo encontrado en otros ambientes extremos. Hubo una resistencia limitada a antibióticos en los aislados aquí trabajados. Aquí estudiamos tan solo una parte cultivable de la muestra ambiental.

Keywords: Extremófilos, Resistencia, Metales, Antimicrobianos, Salares Altiplánicos
Financing: Agradecemos al proyecto Anillo ATE240012: TALACKUTUR LITHIUM BIO-R: USO INTEGRADO DE RESERVORIOS MICROBIANOS DE MATERIA OSCURA PARA EL BIO-RECICLAJE DE LITIO A PARTIR DE RESIDUOS ELECTRÓNICOS. Y además, al proyecto FONDECYT 1221193.

EFECTO DEL ACETATO PRODUCIDO POR ESCHERICHIA COLI COMENSAL SOBRE LA VIRULENCIA DE *ESCHERICHIA COLI* PRODUCTORA DE TOXINA SHIGA EN UN MODELO DE INFECCIÓN DE *GALLERIA MELLONELLA*

Carla aguilera Pacheco[1], Mauricio Farfán[1]

(1) Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna CICA, Pediatría y Cirugía Infantil Oriente, Medicina, Universidad de Chile, Antonio Varas Nº 360, Providencia, Región Metropolitana, Santiago, Chile

Introducción

La microbiota intestinal es fundamental para la homeostasis gastrointestinal, y su alteración durante episodios diarreicos puede influir en la expresión de genes de virulencia bacteriana. Las cepas de Escherichia coli productoras de toxina Shiga (STEC) son patógenos clínicamente relevantes, responsables de diarrea sanguinolenta y complicaciones como el síndrome urémico hemolítico.
En niños con diarrea por STEC, un análisis metagenómico realizado en nuestro laboratorio evidenció un aumento de acetato correlacionado con mayor abundancia de E. coli comensal, lo que sugiere que este metabolito podría modular la virulencia de STEC.

Materiales y Métodos

Se aislaron cepas comensales de *E. coli* a partir de muestras fecales de niños menores de cinco años con diarrea asociada a STEC, mediante cultivo en agar MacConkey y pruebas bioquímicas. La concentración de acetato en los sobrenadantes se determinó por HPLC, y se seleccionó la cepa con la mayor producción. El efecto de su sobrenadante sobre la virulencia de STEC se evaluó en el modelo de infección de *Galleria mellonella*, inoculando larvas con STEC resuspendidas en dicho sobrenadante estéril y analizando la supervivencia mediante curvas de Kaplan-Meier.

Resultados

Se aislaron 52 cepas comensales de *E. coli* a partir de muestras diarreicas positivas para STEC. La concentración de acetato en condiciones anaeróbicas varió entre 10,81 y 26,97 mM, seleccionando la cepa AM-2, que presentó la mayor producción, para los análisis posteriores. En el modelo de infección, las larvas inoculadas con STEC en presencia del sobrenadante estéril de AM-2 mostraron una mortalidad significativamente mayor en comparación con aquellas infectadas únicamente con STEC ($p = 0,0155$). El sobrenadante por sí solo no indujo mortalidad, lo que indicaría que metabolitos derivados de E. coli comensal, en particular el acetato, incrementarían la virulencia de STEC en un contexto in vivo.

Conclusión

Estos hallazgos sugieren que metabolitos derivados de E. coli comensal, en particular el acetato, podrían modular la virulencia de STEC en el modelo de infección con *Galleria mellonella.*

Keywords: STEC, Escherichia coli, Acetato, virulencia, Galleria Mellonella
Financing: Proyecto FONDECYT regular Nº1240551

METABOLIC POTENTIAL AND USE OF ATMOSPHERIC GASES IN MICROORGANISMS FROM SOIL FRACTIONS OF THE ATACAMA DESERT

Fabian de la Vega[1], Susana Vázquez[2], Sabrina Marín[1,3], Mauricio Acosta-Grinok[1], Tamara Campillay[1], Cristián Zuñiga[1], Alexandra Román[1], Macarena Diaz[1], Cecilia Demergasso[3]

(1) Universidad Católica del Norte, Centro de Biotecnología "Profesor Alberto Ruíz" (CBAR), Angamos 601, Antofagasta, Chile
(2) Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Instituto Nanobiotec (UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina
(3) Universidad católica del norte, Nodo Landata, Laboratorio Natural Desierto de Atacama

The Atacama Desert (AD) is characterized by its extreme aridity. Microbial communities are capable of harnessing energy from light and atmospheric gases such as H_2 and CO (aerotrophy), which diffuse through the dry soil due to its porosity. This scenario highlights the importance of understanding how fine (<2 mm) and coarse (>2 mm) soil fractions influence resource availability and microbial activity, key factors in the survival and resilience of desert soils.

One sample was collected from the AD, Baquedano area, at 2462 m altitude (BAQ2462) and 5-10 cm soil depth. It was characterized through geological and physicochemical analyses. Subsequently, the fine and coarse fractions were separated by sieving through a 2 mm mesh, and four microcosms were prepared for each fraction in 500 mL-glass bottles containing 350 g of sample. All microcosms, except the control, were supplemented with water to reach 5% gravimetric water content (GWC), simulating a rainfall. In addition, organic carbon or reduced sulfur compounds (RSC) were added to each wetted fraction. The microcosms were then connected to a Micro-Oxymax respirometer for 420 hours at 25°C and with light/dark cycles of 12 hours each.

Results showed that the dynamics of gases production and consumption (CO_2, O_2, CO, and H_2) were activated when moisture levels reached 5%, indicating that microbial activity and gas exchange processes are stimulated by increased moisture availability in the soil. A significant amount of accumulated CO_2 was observed, with the highest levels found in the microcosms containing the fine soil fraction. A dynamic of CO and H_2 oxidation was observed, influenced by nutrient presence, such as carbon compounds and RSC, and soil granulometry (fine and coarse soil fractions), indicating active microbial processes in these extreme environments.

BAQ2462 microcosms oxidized H_2 and CO, produced CO_2, and provided evidence of microbial activity under those extreme conditions. The difference in activity between fine and coarse soil fractions highlights the impact of soil granulometry in sustaining microbial life in the Atacama Desert.

Keywords: Atacama Desert, Soil Microbiome, Aerotrophy
Financing: This work was funded by the FONDECYT REGULAR (2023) Number° 1231507.

ANÁLISIS PROTEÓMICO DE LA BACTERIA TERMÓFILA *BACILLUS SP.* NP42 PARA DOS CONDICIONES DE TEMPERATURA DE CULTIVO.

Alfredo Álvarez[1], Mauricio Cáceres[1], Coral Pardo-Esté[1], Martha Hengst[1]

(1) Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada, Departamento de Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Ciencias, Universidad Católica del Norte, Antofagasta 1240000, Chile

Introducción: Las bacterias que viven en ambientes extremos son un blanco interesante para la industria biotecnológica debido a que estas producen diversos metabolitos secundarios estables y eficaces en condiciones extremas. El sistema hidrotermal andino poliextremo de Lirima, ubicado en el altiplano chileno a 4.200 m snm, resulta un sitio interesante para la búsqueda de microorganismos productores de bioactivos novedosos. A partir de muestras de sedimento, se aisló la cepa termófila *Bacillus sp*. NP42, cuya actividad antimicrobiana de sus extractos y la secuenciación de su genoma sugieren un alto potencial para la biosíntesis de bioactivos novedosos y termoestables. Sin embargo, los mecanismos que subyacen a su adaptación termófila y su potencial biotecnológico han sido poco explorados.

Métodos: En este proyecto se realizó un análisis proteómico comparativo de la cepa NP42 cultivada a 30°C (control) y 55°C (tratamiento) por triplicado. Los datos se obtuvieron a partir de espectrometría de masas en tándem (LC-MS/MS) con cuantificación Label Free (LFQ), con parámetros limitantes de significancia de Fold Change ≥2 y p-value ≤0.05. Los espectros de fragmentación se analizaron en la base de datos Uniprot restringido a Bacillus licheniformis y posteriormente se identificaron las vías metabólicas asociadas a estrés térmico como estrategias adaptativas a alta temperatura mediante la búsqueda en base de datos especializadas.

Resultados: Se identificó un total de 11 proteínas comunes en ambas condiciones, pero con diferencias significativas en su expresión de las cuales, a 55°C, se identificaron 6 proteínas aumentadas y 5 disminuidas en su expresión. De las proteínas sobreexpresadas se destaca el incremento de enzimas chaperonas y enzimas relacionadas con vías metabólicas termoestables para su proliferación a 55°C. Por otro lado, se suprimieron procesos no esenciales como la motilidad, la formación de biopelículas, metabolismo del glicerol y la traducción de proteínas, lo que indica una reasignación de recursos energéticos.

Conclusión: Este estudio revela los mecanismos proteómicos y fisiológicos claves que permiten a la cepa NP42 vivir a alta temperatura, identificando enzimas y vías metabólicas termoestables con alto potencial para su aplicación en la industria biotecnológica.

Keywords: Bacterias termófilas, Proteómica comparativa, Enzimas termoestables, Estrés de temperatura
Financing: Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada (EMMA) y Departamento de Ciencias Farmacéuticas (UCN).

Acknowledgments: Se agradece los integrantes y ex-integrantes del Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada (EMMA) por la ayuda, guía e insumos entregados durante la realización del proyecto. También al Departamento de Ciencias Farmacéuticas por la suministración de material y orientación.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE PROTEÍNAS DE ADAPTACIÓN AL FRÍO CSP Y CAP EN EL AISLADO ANTÁRTICO *PSEUDOMONAS GELIDAQUAE* SP. NOV IB20

Karina Álvarez-Mondaca[1], Sebastián Higuera-Llantén[1], Jorge Olivares-Pacheco[1]

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo de Resistencia a los Antimicrobianos en Bacterias Patógenas y Ambientales (GRABPA), Instituto de Biología, Avda. Brasil 2950, Valparaíso, Chile

Background: Los microorganismos que habitan lugares extremos como la Antártida suelen presentar mecanismos adaptativos que los ayudan a soportar bajas temperaturas. Un ejemplo es la expresión de proteínas que poseen dominios cold-shock (CSD), las cuales pueden expresarse de manera transiente tras la disminución repentina de temperatura, cold-shock protein, "Csp" o durante períodos prolongados a bajas temperaturas, cold-acclimation protein, "Cap". Pese a que estas proteínas han sido ampliamente estudiadas, las investigaciones se han limitado a organismos modelos mesófilos. La falta de información e investigación de bacterias provenientes de ambientes de frío extremos han presentado un obstáculo cuando son descubiertas nuevas especies bacterianas, dificultando la categorización e identificación de la posible funcionalidad de las Csp/ Cap que posean.

Methods: Este estudio propone la investigación de las distintas Csp/Cap encontradas en el genoma del aislado Pseudomonas gelidaquae sp. nov IB20, con el fin de identificar homólogos acorde a la variación de la secuencia nucleotídica y de aminoácidos frente a una base de datos que consideró 83 especies/cepas de Pseudomonas aisladas de ambientes fríos/ polares, construida a partir de secuencias obtenidas desde NCBI y Pseudomonas.com. Para la construcción de árboles filogenéticos se emplearon los programas MEGA12 e ITOL. Las observaciones del ambiente genético se realizaron con SnapGene y Cagecat.

Results: Dentro del genoma de IB20 se identificaron 9 proteínas con dominios CSD. Entre ellas, Csp-RS7925 resultó ser la proteína con el mayor número de homólogos identificados dentro del género Pseudomonas. Las Csp RS11590, RS12575 y RS22335, solo se identificaron homólogos asociados a dos bacterias, ArH3a e YeP6b. Además, se pudo establecer que 3 de estas Csp, anotadas como RS12305, RS1231 y RS121315, se ubicaban en un mismo locus, entre los genes flhAB, en bacterias relacionadas filogenéticamente a *P. gelidaquae* IB20.

Conclusion: Secuencias consecutivas de Csps (RS12305, RS1231 y RS121315), limitadas por genes relacionados a la biosíntesis flagelar, estarían conformando un locus exclusivo asociado a la especie P. gelidaquae.

Keywords: Pseudomonas, Antártica, Proteínas de choque de frío, Filogenia
Financing: INACH RG_24_10, INACH MG_15_25

ÍNDICE

A

Abanto Marin, M. 11, 12, 13, 15, 229, 265, 404, 449
Abarca, K. 184
Abarca-Hurtado, J. 136, 231
Abusleme Ramos, L. 127, 219
Acevedo-Arbunic, J. 137
Acosta, J. 284
Acosta-Grinok, M. 472
Acosta-Jamett, G. 184
Acuña, J. 287, 345
Acuña Olivares, L. 37
Acuña Sobarzo, J. 156
Adaros, J. 287
Adell Nakashima, A. 138, 456, 464, 466
Adorno, D. 55, 438
Adrián, C. 54, 140
Aguayo, P. 72, 177, 308
Aguayo, S. 22, 149
Aguayo Garrido, C. 350
Aguayo-Reyes, A. 246, 290
Águila Torres, P. 141, 148, 445
Aguilar, P. 117
Aguilar-Muñoz, P. 63, 143, 243
Aguilera, L. 343
Aguilera, M. 134
Aguilera-Cortés, P. 284, 358, 414
Aguilera Pacheco, C. 471
Ahumada, A. 145
Ahumada, D. 57
Alarcón Meza, F. 50
Alberto Palomino Huarcaya, R. 331
Albillos, S. 146
Alborés, S. 10
Albornoz, F. 176
Alcaíno, J. 197
Alegría, D. 80
Alfaro, F. 69, 118, 162, 214, 289
Alfaro, G. 117
Alfaro, I. 282
Aliaga Narváez, E. 147
Almendras, K. 57, 240, 379, 436
Almonacid Soto, M. 148, 445
Altamirano, C. 443
Alvares Alvear, M. 237
Álvarez, A. 473
Álvarez, F. 315
Alvarez, M. 340
Álvarez, R. 442
Álvarez, S. 159, 207, 383, 401
Alvarez Espejo, D. 71, 94
Alvarez Martinez, S. 149
Álvarez Mondaca, K. 147, 475
Amarelle, V. 238
Amaya Inzunza, F. 78, 159, 207, 211, 215, 392, 401, 409
Amiard, V. 13, 209
Amilcar Ilabaca Carrasco, F. 350
Amouroux, D. 63
Andersen, K. 80
Andrade, B. 20, 345
Antunez-Ossio, V. 151
Apablaza Bustamante, S. 152
Aragon Chicata, Y. 154, 252
Arancibia, F. 361
Arancibia, Y. 141
Arancibia Riquelme, A. 136, 231
Araneda Beas, C. 35
Araos, R. 129
Arata-Salas, G. 204, 218, 458
Araya, C. 276
Araya, I. 334
Araya, J. 182, 400
Araya, M. 106
Araya, P. 43, 334
Araya, R. 179
Araya Vega, P. 249
Arce Paniagua, M. 127

Arenas, C. 156
Arenas Salinas, F. 371, 402
Ariadna Arroyo Díaz, Á. 158
Arias, M. 464
Arisan, D. 260
Arredondo, D. 238
Arriagada, C. 109
Arriagada, G. 28
Arros Muñoz, P. 19, 119, 156, 267, 345, 386, 408
Ascencio, A. 119, 386
Ávalos Escalona, A. 401
Avendaño, P. 172
Ávila, S. 317
Áviles, N. 269, 327, 352, 428
Avilés Thom, A. 159, 207, 215, 383, 401
Azúa, M. 378

B

Baeza, M. 197
Ballon Echegaray, J. 154, 252
Bañados Pangue, G. 161
Baptista Dias, N. 13, 15, 109, 111, 209
Baptiste Ramond, J. 118, 162
Barahona, S. 197
Barbet Opazo, A. 284
Barra, M. 141
Barra Espinoza, P. 67, 83, 111, 192, 265, 287, 394, 412, 415
Barraza, C. 343
Barraza-Schulmeyer, J. 319
Barrera, A. 255
Barrientos, L. 195
Barrón Montenegro, R. 71, 303
Barros Gamonal, M. 37
Barry, P. 122
Bastian Velasco Roa, L. 442
Bastias, C. 160
Bastias Romo, R. 26, 82, 147, 182, 306, 400
Batista, S. 171
Beard, S. 444
Beatriz Figueroa Minder, D. 209
Beggs, A. 118, 162, 214
Bekaert, D. 122
Bello Toledo, H. 258, 463
Belmar, Á. 110
Benerjee, A. 304
Bernal, C. 53
Berrios, P. 149
Berríos Araya, J. 54, 321, 443
Berríos Pastén, C. 19, 76, 119, 156, 183, 267, 284, 323, 334, 372, 386, 408, 469
Bértolo Fernández, A. 166
Biron, P. 394
Bittencourt, J. 229
Bittner, C. 403
Blamey, J. 122, 151
Blondel, C. 38, 78, 211, 215, 312, 364, 392, 409, 421
Bohmwald, K. 98, 302
Bolívar, C. 349
Braun-Galleani, S. 54, 140, 321, 374, 443
Bravo, A. 379
Bravo, L. 195
Bravo, V. 145
Bravo Cortés, A. 187
Bravo Rozas, A. 163, 330
Briceño, I. 276
Briones, E. 83, 412, 415
Briones-Ramírez, S. 174
Bruhn, A. 361
Buongiorno, J. 122
Bustamante, M. 411
Bustamante, N. 109
Bustamante Ara, P. 110, 347, 424
Bustamante López, M. 376
Bustamante Ruiz, H. 242
Bustos-Izquierdo, R. 55, 438
Butron, P. 165

C

C.b. Timm, F. 102

Cabezón Leighton, S. 167
Cabrera, M. 102
Cabrera-Pardo, J. 205
Cabrera Paucar, R. 32, 396, 408
Cabrol, L. 51, 107, 240, 407, 436
Cáceres, M. 473
Cáceres, T. 454
Cadet-Arenas, V. 94, 169
Cadillo, A. 21
Caicedo, V. 110
Calderón Lizana, I. 37
Calisto Ulloa, N. 11, 12, 13, 15, 100, 403
Calvo, M. 361
Camacho, F. 263
Cambiazo Ayala, V. 156, 345
Camejo, P. 134
Camesasca, L. 171, 397
Campillay, T. 172, 472
Campos, C. 57, 85
Campos, J. 319
Campos, V. 72, 177, 308
Camus, C. 90, 325
Canales, D. 419
Canales, N. 19, 349
Canals, M. 419
Cancino-Monroy, J. 282
Candia, D. 85
Canelo, J. 454
Cantillo González, A. 173
Cappelli, C. 326
Cárcamo Oyarce, G. 44
Cardemil, B. 183
Cárdenas, C. 104
Cardenas Astudillo, J. 77, 132, 174, 446
Cárdenas-Condori, G. 252
Caro, D. 233, 417
Carrasco, F. 281
Carrasco, H. 260
Carrasco, L. 161
Carrasco, V. 238
Carrasco-Anabalón Sergio, S. 341
Carrasco Fernández, J. 85
Carrasco-Tarrillo, S. 174
Carreño, A. 222
Carreño, M. 323, 386, 469
Cartes, E. 411
Carvajal, A. 277
Carvajal, K. 313
Carvajal, M. 273
Carvajal Contardo, M. 158, 176
Carvallo, G. 121, 381
Cascone, M. 122
Castañeda Becerra, E. 237, 340
Castillo, J. 20, 253, 345
Castillo Barahona, L. 53, 88, 213, 343
Castillo Nara, A. 301, 339
Castillo Pérez, N. 177
Castillo Torres, P. 102
Castro, J. 8, 57, 85
Castro, M. 178
Castro, P. 263
Castro González, M. 65
Castro Nallar, E. 41
Castro Ortiz, R. 187
Castro Piña, M. 65
Castro Severin, J. 386
Castro-Severyn, J. 28, 119, 267, 269, 327, 352, 363, 428
Castro Toro, G. 179
Catrileo, D. 158, 176, 468
Cayao Huamán, Y. 331
Cayo, M. 195
Cayo Torrejon, M. 59, 433, 459
Cayún, Y. 404
Cea Lemus, M. 376
Cea Núñez, P. 114, 181, 186, 199
Cereceda, F. 273
Céspedes Escuti, M. 190
Céspedes Navarro, I. 19, 183, 191
Charifeh, M. 381
Chávez, M. 111
Chávez Espinosa, F. 19, 20, 156, 183, 191, 246, 290, 298, 334, 345, 358, 372, 414
Chavez Villacreses, K. 97
Chicana, F. 356
Chiodi, A. 122
Choque, A. 119, 363
Chulak, U. 182, 400

Cid, J. 448
Cifuentes, E. 214
Cifuentes, M. 389
Cifuentes, P. 134, 336
Cisternas-Jamet, J. 53
Coche-Miranda, J. 19, 183, 191
Colque, H. 284
Concha Orellana, J. 13, 209
Conejera, D. 106
Conejeros, S. 301, 339
Contador, T. 440
Contreras, F. 69
Contreras, M. 178, 184
Contreras Ormeño, J. 114, 181, 186, 199
Cornejo, M. 143
Coronil, J. 411
Correa, B. 145
Correa, M. 102
Corsini, G. 100
Cortés, J. 381
Cortes, L. 255
Cortés Castillo, A. 187
Cortez-San Martín, M. 101, 454
Costa, J. 229
Covarrubia-Lopez, R. 188
Covarrubias Pizarro, P. 43, 45
Cox-Fermandois, A. 284
Crisóstomo Daza, C. 219
Cuadros, F. 70, 381
Cubillos, C. 117
Cubillos, F. 146
Cubillos R., F. 50
Cubillos Riffo, F. 161
Cuevas, M. 163, 330
Cuevas-Villegas, A. 276
Cuiza, A. 361
Curiqueo Roca, C. 189, 432
Curutchet, G. 9

D

Dallapé, A. 21
Dantagnan, P. 202, 287
Dayra Dahua Gualinga, R. 375
de la Vega, F. 472
de Moor, M. 122
del Campo-Parod, M. 319
del Pozo, T. 279
del Rio Lopez, C. 214
Delgado, M. 83, 415
Delgado Vergara, C. 67, 192
Delleuze, M. 107
Demergasso, C. 172, 472
Deride Alegría, M. 72, 114, 199, 235, 282, 308
Deumacán Inostroza, N. 193
Dias, N. 11, 12, 229
Díaz, B. 389
Diaz, B. 398
Diaz, L. 251
Diaz, M. 106, 472
Díaz-Barrera, Á. 374
Diaz-Dosque, M. 55, 438
Díaz-Gavidia, C. 315
Díaz Gonzalez, F. 260, 422
Díaz Ibarrola, D. 201
Díaz Navarrete, P. 192, 202, 251, 287, 329
Díaz Ramírez, D. 204
Díez, B. 260
Dinamarca, A. 16, 17, 18, 61, 195
Dorador, C. 117
Duarte, F. 419
Dueñas, F. 456, 464, 466
Dufour, A. 63
Duhalde, R. 403
Durán, A. 197
Durán, P. 83, 111, 239, 412, 415
Durán Lara, E. 126, 248
Durán Nahuelcheo, M. 167, 198
Durán Quinteros, S. 114, 181, 186, 199
Dutzan Muñoz, N. 127

E

Echeverría, N. 23
Echeverría Araya, S. 391

Enciso, N. 102
Endo, N. 127
Enríquez, L. 208
Erick Palavecino, C. 330
Errazuriz, M. 361
Errázuriz-Yáñez, V. 205
Escobar, F. 208, 385
Escobar, M. 430
Escobar Araya, D. 207, 401
Escobar Fierro, N. 209
Espinosa, S. 210
Espinoza Arrue, J. 127
Espinoza-Jara, P. 78, 211, 215
Estrada Perez, C. 213
Eugenia Vila, M. 397

F

Fabiola González Fernández, Y. 239
Fábrega, F. 451
Fadic, X. 273
Falciani, C. 42
Farfán, M. 471
Farrugia, K. 102
Faugeron, S. 86, 90, 325
Faúndez, M. 215, 392
Fellemberg, M. 464
Fernández, E. 78, 215
Fernández, J. 246, 290
Fernandez, M. 464
Fernández, N. 403
Fernández, P. 325
Fernández Murillo, M. 69, 118, 162, 214, 289
Ferreira, F. 23
Ferreira Llanquiman, J. 217
Ferres, M. 80, 255, 361
Fessia, A. 57
Fickers, P. 443
Figueroa, A. 184
Figueroa, E. 317
Figueroa, F. 218, 458
Figueroa-Ajraz, F. 131, 220
Figueroa Bustamante, D. 219
Figueroa Segura, V. 219
Figueroa Valverde, J. 167, 198, 201, 337, 445
Filho, D. 126
Florencia Risso, M. 368
Flores, S. 435
Flores Araya, M. 115
Flores-Castañon, N. 304
Flores-Herrera, P. 221
Flores Saldivia, L. 193, 275, 365
Foerster Guzmán, C. 299, 431
Fortt, J. 363
Fritz, R. 361
Fuentes, B. 119, 363
Fuentes, D. 189, 432
Fuentes, F. 359
Fuentes, I. 166, 222
Fuentes Aravena, J. 96, 166, 222, 257
Fuentes-Castillo, D. 319
Fuentes Santander, F. 129, 453
Fuentes-Valdivia, I. 86, 223
Fuentes Villalobos, F. 114, 199, 224
Fuenzalida, I. 417
Fuller-Vargas, A. 224

G

Gacitúa, S. 82
Gacitúa Fuentes, F. 114, 199, 282
Gaete Argel, A. 47
Gaete Silva, A. 156, 226
Gaggero Brillouet, A. 28, 352
Gahona Rojas, J. 333
Gajardo, C. 227
Gajardo Vásquez, D. 228
Gallardo, V. 229, 404
Gallardo, Y. 271
Gallardo Espíndola, C. 271
Gallardo Mancilla, M. 401
Galleguillos Becerra*1, A. 95
Galleguillos*1, C. 95
Gálvez Jiménez, G. 152

Gálvez-Silva, M. 323, 334, 345, 408, 469
García, H. 279
García, K. 147, 245, 306, 430
García-Cancino, A. 114, 181, 186, 199, 224, 235, 282
García Gen, S. 51
Garratt, R. 132
Gebauer, M. 176
Gentile, M. 42
Gérard, K. 104
Gerdtzen, Z. 325
Gidekel, M. 100
Gil i Cortiella, M. 49
Gil Michel, F. 208, 348, 377, 385
Gioia, L. 368
Giovannelli, D. 122
Giovine Puebla, C. 136, 231
Giraldo-Ocampo, S. 47
Godoy, K. 317
Godoy, M. 233, 417
Godoy Olivares, L. 158, 176, 217, 468
Goic Manzor, C. 235
Goity, A. 236
Goldschmidt, K. 207
Gómez, C. 100
Gómez, F. 293
Gómez, L. 344
Gómez, V. 32
Gómez Inostroza, S. 249
Gómez Ríos, M. 197, 210
Gómez-Silva, B. 451
Gomez-Uchida, D. 258, 285
Gonzáles Rocha, G. 461
González, A. 11, 12, 13, 15, 100, 106, 218, 349, 403
González, B. 165, 173, 313
González, C. 98
Gonzalez, F. 396
González, I. 163, 330
González, M. 238
González-Pino, K. 143, 243
González-Pizarro, K. 17, 61, 131, 195, 220
Gonzalez-Reiche, A. 102
González Rocha, G. 205, 246, 249, 253, 258, 285, 290, 319, 350, 463
Gonzalez-Rojas, N. 237, 340
González Sánchez, J. 240
González Zapata, M. 226, 242, 445
Gouin, N. 88
Graff, J. 361
Griffiths, C. 430
Griffiths-Sanhueza, C. 245, 306
Guajardo-Leiva, S. 107
Guarda-Reyes, M. 394
Guerra, M. 85
Guerra, N. 334
Guerrero, K. 443
Guerrero, P. 121, 381
Guerrero Almonacid, M. 126, 248
Guigou, M. 368, 397
Guiliani, N. 65
Guillemin, M. 86, 325
Gurméndez, J. 23
Gutiérrez, A. 100
Gutierrez, I. 214
Gutiérrez, M. 23
Gutiérrez, R. 226, 236
Gutiérrez Iturrieta, E. 102
Guzman-.Fierro, V. 177, 308

H

Hanson, T. 113
Heimburger-Boavida, L. 63
Hengst, M. 70, 473
Henríquez Apablaza, T. 42
Henriquez Cheuquepan, D. 251, 329
Hernadez, V. 177, 308
Hernández, V. 72
Hernandez-Caycho, M. 252
Hernandez Diaz, E. 356
Herrera, R. 301, 339
Herrera, V. 253
Herrera Chávez, N. 253
Herrera Echeverria, H. 388, 448
Herrera Vergini, I. 71
Herrmann, F. 132

Hidalgo, A. 428
Hidalgo, M. 94
Hidrobo Albornoz, D. 396
Higuera, G. 306
Higuera-Llantén, S. 475
Hinojosa, S. 430
Hoare, A. 219
Hodar Quiroga, C. 298
Holmes, D. 30, 124
Hormazábal, J. 43, 246, 255, 290, 334
Huaman-Pilco, A. 356
Huanel, O. 86, 223
Huenchur Torres, A. 242
Huentemilla, I. 138, 456, 464, 466
Huillca-Pari, Y. 252

I

Ibacache-Quiroga, C. 16, 17, 18, 61, 131, 195, 220
Ibañez, D. 43, 334
Ibañez del Pino, M. 348, 377
Ibarra, C. 226
Iglesias, R. 334
Iglesias Irribarra, P. 257
Ilabaca Carrasco, F. 205, 258, 463
Iliquin-Inga, I. 356
Infante, C. 336
Inostroza, N. 32
Inostroza, O. 208, 385
Inostroza Blancheteau, C. 192, 304
Inostroza Venegas, C. 149
Iriarte Machuca, J. 148
Issota, F. 179
Issotta, F. 260, 366
Izquierdo-Fiallo, K. 137

J

Jara, A. 8
Jara, R. 458
Jara, V. 325
Jara Peralta, D. 262
Jara-Sandoval, J. 55, 438
Jerez Monsalves, B. 263
Jerez-Quezada, C. 265
Jessen, G. 122, 266, 325
Jimena Cortés, L. 184, 361
Jimenez, C. 8
Jiménez, J. 263
Jiménez, P. 279
Jimenez-Bluhm, P. 169
Joannon, V. 98
Joel Goicochea Montenegro, K. 331
Jofré-Fernández, I. 226
Jofre Gajardo, B. 187
Johnson, N. 446
Jones, D. 363
Joo, G. 419
Jorquera, B. 83, 412, 415
Jorquera Pulgar, C. 70
Jorquera Tapia, M. 156, 345, 398

K

Katz, A. 145
Kessi Pérez, E. 160, 210
Khalil, Z. 102
Kibenge, F. 233, 417
Kibenge, M. 233, 417
Kopp Pailañir, M. 376
Kramer, G. 106
Krüger, G. 28, 119, 267, 269, 327, 352, 386, 428
Krüger, L. 102
Kusch, C. 8, 119, 269, 327, 352, 428
Kusch, K. 233, 417

L

L.j. Watkin, E. 124
Lagos, F. 253

Lagos, M. 253
Lagos, R. 19, 76, 334
Lagos Flores, E. 87
Larama, G. 67, 83, 415
Lareo, C. 171, 397
Larrea Duharte, C. 271, 422
Larrondo, L. 236
Latorre, A. 319
Latorre, B. 301, 339
Latorre, C. 226
Latorre Mora, M. 152
Lavalle, C. 145
Lavergne, C. 63
Lazo, E. 233
Lazo Lazo, J. 273
LeBlanc, J. 67
Lecaros, N. 276
Ledger, T. 313
Lefiguala Morales, M. 275
Leon, F. 102
León, M. 82
Levicán, G. 137
Levicán Asenjo, A. 276, 277, 426
Leyva, S. 21
Lima, C. 258, 285
Lira Velásquez, D. 278
Liste, G. 23
Lizana, N. 57
Lizeth Rivera Barreto, J. 375
Llancaqueo, A. 361
Lloyd, K. 122
Lobaina, E. 273
Loncoman Pardo, C. 242
López, R. 361
López-Keim, C. 444
López-Palma López-Palma, D. 47
Loustau, P. 228
Loyola, E. 279
Lozano, C. 281
Luchsinger Montecinos, H. 114, 199, 282
Luisa Rioseco, M. 184, 361
Lupetti, P. 42
Luzmila Cordova Urbano, Z. 331

M

Macaya, C. 51
Madrid, H. 202
Magaña, J. 236
Maisey, K. 95
Maldonado, J. 279
Mangui, B. 263
Manrique, V. 263
Manrique de la Cuba, M. 221
Manzano, M. 118, 162, 214
Marchant, P. 222, 257
Marcoleta Caldera, A. 8, 19, 20, 76, 119, 156, 183, 191, 246, 267, 284, 290, 323, 334, 345, 358, 372, 386, 408, 414, 469
Mardones, W. 202
Mardones-Verdugo, V. 285
Maribel Quispe Sanchez, L. 356
Marican Riquelme, A. 126
Marileo, L. 67, 192, 202, 287
Marín, A. 436
Marín, C. 57
Marín, M. 141
Marín, S. 472
Márquez, C. 102
Márquez Silva, D. 314
Marshall, S. 293
Martin, C. 141
Martínez, C. 374
Martínez, I. 190
Martínez, J. 227, 443
Martinez, J. 289
Martínez, R. 349
Martinez-Bellange, P. 271
Martínez-Castañon, C. 285
Martínez Fernández, C. 160, 210
Martínez Hernández, M. 45
Martínez Padilla, C. 71, 94
Martínez-Valdebenito, C. 184, 255, 361
Martínez Viveros, O. 398
Mascayano, C. 454
Maturana, F. 173
Matus Kohler, M. 249, 253, 258, 319, 463
Medina, G. 292

Medina, L. 192
Medina Bocanegra, D. 356
Medina Mansilla, N. 73
Megrian, D. 23
Mejias, C. 184
Mejías, G. 102
Melet, L. 446
Melio, J. 257
Mellado Acuña, L. 396
Mena Chacon, L. 356
Menares, B. 293
Méndez, C. 182, 400
Méndez, K. 28, 327
Méndez, V. 419
Mendieta, V. 98
Mendoza Becerra, M. 294
Meneses, D. 117
Meneses, M. 454
Mercado, I. 456, 466
Mercado, L. 378
Mertz, G. 80
Meza, C. 304
Micaela Torres Pollo, O. 331
Michel, L. 107
Millán, D. 419
Millán Hidalgo, C. 295, 310, 338
Millanes, A. 57
Millas, P. 85
Milon, P. 21
Miquio Portell, T. 57, 379
Miranda, C. 417
Miranda-Riveros, J. 92, 296, 315
Modhiran, N. 458
Molina, V. 63, 143, 243
Molina Berrios, A. 55, 438
Molina-Gallardo, S. 224
Mondaca, P. 273
Monsalve Gajardo, J. 298
Monsalve Rojas, C. 299
Monsalves, C. 431
Montecino Pozo, B. 299
Montero, D. 208
Moore Franco, C. 301, 339
Mora, M. 83, 265, 415
Mora, V. 98, 302
Mora Miranda, M. 169, 303
Mora-Sanhueza, R. 304
Moraga-Astete, M. 97
Moraga Maldonado, F. 306, 430
Morales, C. 72, 308
Morales, F. 102
Morales-Herrera, F. 143
Morales-León, F. 246, 249, 290
Morales-Quintana, L. 49
Morales Vejar, I. 310, 338
Morales Zamorano, M. 219
Morán, C. 253
Morel, M. 238
Moreno, A. 312
Moreno, K. 57, 167, 198, 201
Moreno-Pïno, M. 221
Moreno-Switt, A. 71, 92, 94, 169, 296, 303, 315
Morron Vizarreta, A. 154
Moya Beltrán, A. 271, 422
Moyano, T. 236
Muena, N. 458
Mujica, K. 134
Müller Fernandes, A. 134
Munita, J. 246, 290, 349
Muñoz, D. 438
Muñoz, M. 119, 386
Muñoz, R. 184
Muñoz Placencia, L. 165, 313
Muñoz-Sarmiento, C. 366
Muñoz Sepúlveda, M. 127
Murúa, P. 325
Mutis, A. 111

N

Naciff, A. 121, 381
Nahreen Khaleque, H. 124
Nai, C. 284
Narcisa Rodriguez Almeida, N. 375
Navarrete, I. 433
Navarrete-Gatica, M. 92, 315

Navarrete M, C. 204
Navarro, L. 100
Neira, G. 124
Neira, V. 102
Nesci, A. 57
Neverman, J. 96
Nicolai, J. 349
Niedmann, P. 317
Nilo, C. 85
Noguera, M. 341
Nomrabuena, R. 134
Norambuena Morales, J. 113, 292
Núñez, M. 182, 400
Nuñez Acurio, D. 101
Nuñez Belmar, J. 132, 294
Núñez-Rojas, B. 319

O

Oblitas, R. 356
Ocares, Y. 85
Ojeda, J. 432
Ojeda, N. 293, 378
Olguin Ubilla, K. 54, 321
Oliva, S. 66
Oliva-Adaro, S. 322
Oliva-Cruz, M. 356
Olivares, R. 16, 18
Olivares Muñoz, J. 114, 181, 186, 199, 282
Olivares Pacheco, J. 27, 28, 147, 188, 237, 278, 306, 340, 442, 475
Oliveira-Boczar, A. 229
Olivera, Á. 23
Olivos, C. 323
Ondarza Ortiz, A. 323, 386, 469
Opazo-Capurro, A. 205, 246, 249, 253, 258, 290, 319, 350, 461, 463
Ordoñez, A. 110
Orellana, N. 430
Orellana Román, R. 136, 231, 406
Orlando, J. 19, 55, 57, 104, 240, 379, 407, 412, 436, 440
Ormazábal, Y. 72
Ormeño, C. 304
Ortega del Valle, A. 34, 75
Ortiz Leiva, J. 67, 109
Ortiz Mendez, J. 149
Ortíz Severín, J. 298
Osorio, M. 454
Osorio Aliaga, M. 104
Osorio Astete, S. 122, 325
Ovalle, T. 323, 386, 469
Ovando, S. 326
Oviedo Bustos, A. 269, 327, 352, 428

P

Paccagnini, E. 42
Pacheco, N. 28
Pacheco, Á. 21
Padilla G, C. 72, 308
Padovan, A. 229
Paez Cartaya, I. 329
Pajarito, L. 276
Palavecino Beaumont, C. 163
Palisson-Kramer, M. 138
Palma, D. 445
Palma, E. 80
Parada-Pozo, G. 86, 90, 228
Pardo-Esté, C. 327, 428, 473
Pardo-Roa, C. 98, 102, 302
Paredes Osses, E. 45, 207, 401
Parker, E. 80
Parra, N. 202, 251, 329
Parra Calisto, A. 78, 211, 215, 392, 409
Parra Campos, C. 242
Parra Lathrop, F. 257
Parra-Sepúlveda, C. 235, 282
Parra Verdugo, B. 461
Parraguez, E. 106
Paschke, K. 104
Pavez, C. 80
Pavez, L. 279
Pavez, M. 449
Pavón Pérez, J. 186

Peña, T. 50
Peña Munzenmayer, G. 242
Peña-Raddatz, C. 258
Peña Reyes, E. 217
Perbolianachis, P. 23
Pereira Fernández, O. 333
Pereira Montecinos, C. 310, 338
Pérez, J. 110, 276
Pérez, R. 361
Pérez-Atehortúa, M. 317
Pérez Barrios, Y. 55, 57, 210
Pérez Flores, M. 63, 143
Perez-Pantoja, D. 106
Pérez Ramírez, I. 20, 156, 345
Pérez Reyes, W. 96
Pérez-Reytor, D. 430
Pérez Villalobos, V. 110, 347, 424
Peruzzo, N. 238
Pezo, F. 178
Pezoa Aros, D. 78, 211, 215, 392, 409
Pieringer, H. 134
Pilquinao, N. 246, 290, 334
Pimentel, P. 182, 400
Piña Iturbe, A. 71, 92, 296
Pinilla Ojeda, A. 336
Pino, M. 134
Pino, N. 138, 456, 464, 466
Pino Belmar, C. 337
Pinos, Y. 184, 361
Pinto, M. 184
Pinto, N. 263
Pinto Ramos, C. 333
Pittet Díaz, I. 310, 338
Pizarro, C. 389
Pizarro, E. 102
Pizarro, G. 163
Pizarro Fernandez, C. 301, 339
Plaza, N. 147, 245, 306, 430
Plaza Santana, V. 53, 88, 213, 343
Plaza Sepúlveda, J. 237, 340
Poblete-Castro, I. 40
Pollmann, S. 49
Ponce Lopez, D. 341
Pontigo, J. 233, 417
Porras, O. 94
Poulin, E. 107, 407
Pozo Gallardo, K. 148, 445
Pozo Muñoz, M. 343
Pozo Sanhueza, P. 115
Pradenas, J. 184
Prina, B. 344
Probst, A. 459

Q

Quatrini, R. 31, 179, 260, 271, 336, 366, 422, 444
Queipul, P. 207
Queraltó Carreño, C. 348, 377, 385
Quesille-Villalobos, A. 349
Quezada, A. 195
Quezada-Aguiluz, M. 246, 290
Quezada Olguín, J. 54, 374, 443
Quezada-Romegialli, C. 285
Quilodrán Salazar, T. 350
Quinet, M. 227
Quiñones-Ibarra, F. 358
Quintana, J. 111
Quintana, S. 28, 269, 327, 352, 428
Quispe-Chipana, E. 252
Quispe-Cruz, B. 174

R

Rambaldi, G. 63
Ramirez-Araya, S. 306
Ramírez-Riffo, C. 361
Ramirez Umaña, C. 122
Ramón Bravo Sánchez, L. 375
Ramos, C. 279
Ramos Campos, P. 49, 435
Ramos-Tapia, I. 359
Ravasio, A. 149
Remonsellez Fuentes, F. 8, 28, 119, 267, 269, 363

Retamal, C. 218
Retamal, D. 364
Rey, S. 23
Reyes, F. 78, 263
Reyes, P. 138
Reyes Boutaud, D. 365
Reyes Cerpa, S. 338
Reyes-Impellizzeri, S. 366, 422
Reyes-Jara, A. 94, 296, 314
Reyes Reynuaba, A. 396
Reyes Rojas, M. 127
Rivas-Astroza, M. 163, 330
Rivas Pardo, J. 132, 294, 425
Rivera, D. 25, 215, 370
Rivera, G. 361
Rivera, M. 43
Rivera-Jacinto, M. 174
Rivero-Rodríguez, K. 371
Riveros, N. 403
Riveros Rodriguez, B. 372
Robledo, F. 279
Rocco, E. 374
Rodriguez, C. 276
Rodríguez, I. 253
Rodríguez, P. 368
Rodriguez, R. 239
Rodríguez-Arriaza, F. 49
Rodriguez-Juele, A. 238
Rodriguez-Marconi, S. 228
Rodríguez Martínez, O. 376
Rodríguez Rivera, E. 262
Rodriguez-Rojas, F. 243
Rodriguez-Ulloa, C. 174
Rodríguez-Valdecantos, G. 90, 313
Rogers, T. 122
Rojas, C. 121, 313
Rojas, D. 414, 428
Rojas, E. 317
Rojas, F. 61, 134
Rojas, L. 184
Rojas, N. 182, 400
Rojas Álvarez, J. 379
Rojas Celis, V. 295, 310, 338
Rojas Faúndez, C. 348, 377
Rojas-Fernández, A. 326, 458
Rojas López, E. 378
Rojas Martínez, V. 134
Rojas Villalobos, C. 260, 366, 422
Román, A. 472
Román Leiva, E. 314
Rosales, C. 227
Roselló, I. 381
Rubilar, C. 383
Rubilar, P. 204
Rumpel, C. 394

S

Saavedra, C. 8, 106, 119, 267, 269, 327, 363, 428
Saavedra, G. 208, 385
Saavedra Paz, C. 352
Saavedra Riquelme, A. 323, 386, 469
Saavedra Sanchez, C. 28
Sabag, A. 134
Sagredo Sáez, C. 388, 448
Salas, C. 53
Salazar Fernández, F. 145, 389
Salazar Garrido, J. 145, 389, 419
Salazar Montoya, V. 391
Salazar-Salas, F. 78, 215, 392
Saldés, J. 191
Saldivar-Diaz, M. 394
Salgado Catalán, S. 242
San Martín, D. 134
San Martin Figueroa, D. 65, 396
Sánchez, K. 181
Sánchez, O. 263
Sánchez Alonso, K. 199
Sánchez Alonzo, K. 114
Sánchez Alonzo, M. 186
Sanchez-Castro, A. 21
Sancy, A. 301
Sanders, A. 397
Sandoval Carrasco, M. 461
Sandoval Espinoza, B. 398

Sandoval Peña, V. 299, 431
Sandoval-Vargas, L. 317
Sanhueza, T. 448
Sans-Serramitjana, E. 111
Sansores España, L. 127
Santander, R. 55
Santelices, J. 255
Santic, D. 182, 400
Santiviago, C. 78, 159, 207, 211, 215, 383, 392, 401, 409
Santos, C. 109, 229, 402, 404
Santos Ñanculef, A. 59, 459
SCAVONE, P. 238
Schnake, N. 253
Schrenk, M. 122
Schwob, G. 107, 440
Seeger Pfeiffer, M. 136
Seguel, B. 11, 403
Selci, M. 122
Seltzer, A. 122
Sepúlveda, D. 197
Sepulveda, M. 404
Sepulveda Garrido, M. 406
Sepulveda-Pontigo, A. 97
Sepúlveda Rebolledo, P. 179, 260, 366
Serey Suil, N. 57, 407
Serrano, G. 8
Serrano-Honeyman, C. 98
Serrano Pinto, C. 43, 45
Shene de Vidts, C. 193, 275, 365
SHIRLEY TORO UGALDE, C. 419
Sierra-Cristancho, A. 281
Silva, F. 389, 419
Silva-Flores, P. 87
Silva Gaete, M. 408
Soares, A. 459
Socías Muñoz, C. 35
Solar, C. 349
Solari, C. 432
Solís Cornejo, F. 59, 73, 195, 433, 459
Somocurcio, M. 21
Soriano-Mora, V. 78, 211, 215, 392, 409
Sossa, K. 411
Soto, C. 104, 412
Soto, G. 198
Soto, J. 109
Soto, T. 414
Soto, Y. 110
Soto Ramírez, J. 97, 391
Soto-Rifo, R. 47
Soto Vergara, D. 39
Stehlik, M. 61
Steiniger, S. 456
Struve Villalobos, S. 83, 415
Suarez, A. 8
Suárez, A. 284
Suarez, R. 233, 417
Suarez Guerrero, M. 303

T

Tapia, I. 421
Tapia, Y. 302
Tapia Espinoza, T. 43, 45
Tapia Zuñiga, J. 122, 325
Tebes-Cayo, C. 172
Tello Reyes, M. 106
Temporetti, P. 366
Tessier, E. 63
Thomson, P. 138
Tichy-Navarro, D. 71, 92, 296, 315
Tighe Neira, R. 192
Tisalema-Guanopatín, E. 422
Tischler, N. 204, 218, 262, 458
Tobar-Calfucoy, E. 134
Tobella-Leiva, L. 258
Toledo Windfuhr, C. 88
Topasio Maluk, V. 33
Toro Ascuy, D. 295, 310, 338
Toro Diaz, R. 231
Toro Ibaceta, M. 426
Toro Ugalde, C. 389
Torres, C. 110
Torres, G. 348
Torres, J. 253
Torres, R. 141
Torres Bustos, C. 258, 350

Torres Gutiérrez, M. 148, 445
Torres Ossandón, M. 53, 88, 213
Torres-Perez, F. 80
Trefault, N. 86, 90, 221, 223, 228, 325
Troncoso Alarcon, D. 424

U

Ugalde, J. 45, 66, 80, 129, 189, 246, 349, 359, 432, 453
Ulloa, C. 102
Ulloa, S. 134, 336
Ulloa Sarmiento, B. 425
Ulloa Zepeda, L. 80, 359
Unamuno, C. 426
Undurraga, E. 138
Urbina Arce, F. 269, 327, 352, 428
Urrea, J. 392
Urrutia, Í. 245, 306, 430

V

Valdebenito, H. 72
Valdebenito, I. 317
Valdebenito Rojas, F. 431
Valdés, J. 28, 124, 189, 432
Valdes, N. 403
Valdés-Garcés, F. 67
Valdivia, G. 28, 432
Valdivia Carbajal, I. 154
Valencia, B. 110
Valenzuela, C. 378
Valenzuela, J. 98
Valenzuela, M. 213
Valenzuela Guerrero, B. 59, 73, 195, 433, 459
Valenzuela Herrera, A. 435
Valenzuela-Lopez, N. 187, 333, 373
Valenzuela Nieto, G. 337
Valenzuela Reyes, C. 240, 436
Valiente-Echeverría, F. 28, 47
Vallejos Alburquenque, T. 55, 438
Vallejos-Monroy, S. 163, 330
Valverde, L. 132
van Bakel, H. 102
van Zundert, B. 364
Vargas, C. 214
Vargas, R. 277
Vargas Bermúdez, N. 82
Vargas-del Río, C. 78, 211, 215, 392
Vargas Fernández, M. 73
Vargas Rodríguez, V. 242
Vasquez, J. 138
Vásquez-Martínez, Y. 101, 454
Vasquez Veloso, A. 391
Vásquez Vidal, M. 98, 302
Vázquez, S. 472
Veas Mattheos, K. 440
Vega, L. 282
Vega, R. 253
Vega Meneses, P. 333
Velásquez, V. 69
Velastegui, E. 140, 443
Vera, C. 464
Vera, M. 361
Vera Lara, V. 115
Vera-Leiva, A. 341
Verdugo Larenas, I. 242
Vergara, A. 273
Vergara, E. 124
Vergara Meza, G. 444
Vergara-Riffo, C. 148, 445
Vial, C. 80, 184, 255, 359
Vial, M. 361
Vial, P. 80, 255, 361
Viana, J. 102
Vicente, V. 229, 404
Vidal, E. 446
Vidal-Veuthey, B. 446
Videla Delaigüe, A. 398
Vieille, P. 341
Vielma, J. 19, 191
Villamil, A. 246, 290, 334
Villanelo, F. 446
Villanueva Diaz, P. 66, 98

Villarroel-Contreras, M. 388, 448
Villasante, A. 317
Villegas, M. 449
Vilo, C. 451
Viscardi, S. 67, 192, 287
Vivanco Castillo, E. 453
von Zeska Kress, M. 229, 404

W

Wagg, C. 118, 162
Watterson, D. 458
Weitzel, T. 184
Wielandt, F. 184, 255
Wolter-Salas, S. 138, 456, 464
Wong, L. 8

X

Xue, J. 63

Y

Yáñez, C. 70, 121, 182, 227, 381, 400
Yemina Sánchez Cárdenas, S. 331
Yugsi, E. 273
Yurkov, A. 57

Z

Zabner, M. 134
Zamorano, B. 458
Zamorano Molina, P. 59, 73, 195, 433, 459
Zamorano-Sánchez, D. 36
Zapata Contreras, D. 461
Zapata Torres, J. 463
Zárate Peralta, M. 333
Zegpi, N. 282
Zelaya, C. 138
Zelaya-Menjívar, A. 456, 464, 466
Zenis, J. 253
Zuñiga, C. 472
Zúñiga, S. 419
Zúñiga Hidalgo, M. 468
Zúñiga Lucero, J. 323, 386, 469

SoMCh



XLVII

CONGRESO CHILENO DE MICROBIOLOGÍA

24 al 27 de noviembre 2025

Hotel Enjoy, Viña del Mar

GRUPO SIBI · FERMELO Tecnologías para la Ciencia · MERCK · biko · ThermoFisher SCIENTIFIC · BD · Incitec · GENEXPRESS Life Science Business · GRUPOBIOS · AROUIMED INNOVACIÓN · Novogene Advancing Genomics, Improving Life · bioquimica.cl · HES HEALTH EQUIPMENT SUPPLY