

**PROGRAMA PRELIMINAR
COMUNICACIONES ORAL
2ndo ISE30**

CO-01

10h30-10h45

03/12/19

RR587QJ

Area: Arqueas

Fusión de membranas virus:célula en arqueas halófilas

Virus:cell membrane fusion in halophile archaea

Eduardo Bignon¹, Felipe Hurtado¹, Kevin Chou¹, Elina Roine², Nicole Tischler¹

(1) Laboratorio de Virología Molecular, Fundación Ciencia & Vida, Chile

(2) Laboratory of Structural Biology, Helsinki Institute of Life Science HiLIFE and Molecular and Integrative Biosciences Research Program, University of Helsinki, Finland.

ebignon@cienciavida.org

Membrane fusion is ubiquitous in all domains of life but there is little information about this process in prokaryotic systems, especially for archaea. Recently, the structure of the viral envelope protein VP5 was determined for two haloarchaeal pleomorphic viruses (HRPV-2 and HRPV-6). This family of archaeal viruses presents a lipid membrane with VP5 forming the viral spike protrusions, making it a candidate for a membrane fusion protein. VP5 has a conserved V-shaped fold composed of two elongated domains. Here we aimed to determine whether VP5 from HRPV is a membrane fusion protein. Therefore, we first measured lipid mixing between the viral membrane and its host cell *Halorubrum* sp. SS7-4 using fluorescence de-quenching of a lipophilic dye. We found that lipid mixing only occurred with the host cell of the virus and that this process was blocked by protease digestion of the viral surface proteins, suggesting that lipid mixing was driven by VP5. We further established a cell-free target membrane system by using liposomes prepared from archaeal lipids. Consistent with the absence of cellular receptors, no membrane fusion occurred spontaneously. We detected HRPV-liposome lipid mixing readily when we increased the temperature to 55°C, reported to decrease HRPV infectivity. Taken together, our results show that VP5 from HRPV is a viral membrane fusion protein that can be specifically triggered by incubation at high temperature. How the membrane fusion occurs at a mechanistical level with archaeal cells is the aim of our current studies.

Grant FONDECYT postdoctoral 3190415 to EB and Programa de Apoyo a Centros con Financiamiento Basal AFB 170004 to Fundación Ciencia & Vida

CO-02

12h45-13h00

03/12/19

BB917BQ

Area: Biotecnología

Remoción de litio mediada por bacterias halotolerantes del Salar del Hombre Muerto

Lithium recovery mediated by halotolerant bacteria from the Salar del Hombre Muerto

Fabiana Lilian Martínez¹, Verónica Beatríz Rajal^{2,1}, **Verónica Irazusta**³

(1) Laboratorio de Aguas y Suelos, INIQUI-Universidad Nacional de Salta

(2) Laboratorio de Aguas y Suelos, Facultad de Ingeniería-Universidad Nacional de Salta, INIQUI-Universidad Nacional de Salta

(3) Laboratorio de Aguas y Suelos, Facultad de Ciencias Naturales-Universidad Nacional de Salta, INIQUI-Universidad Nacional de Salta

irazustaveronica@gmail.com

Los ambientes extremos, entre los que se encuentran los hipersalinos, permiten el desarrollo de comunidades microbianas adaptadas a sus condiciones donde son capaces de proliferar. Los microorganismos que forman parte de estas comunidades poseen una variedad de propiedades, que les permiten colonizar estos nichos. Fuera del ambiente que habitan, las propiedades de dichos microorganismos pueden ser aprovechadas desde una perspectiva biotecnológica, gracias a que los compuestos, enzimas, moléculas etc., que producen poseen actividad en condiciones de elevada salinidad. Una de las características observadas en bacterias, con gran potencial para su aprovechamiento a mayor escala, es la de remover metales solubles presentes en solución. Este fenómeno ha tomado gran importancia por la facilidad que representa y las ventajas que tiene frente a la obtención de metales mediante los procesos físicos y/o químicos convencionales. En este trabajo se evaluó la capacidad de bacterias halotolerantes aisladas del Salar del Hombre Muerto (Argentina), de recuperar litio a partir de soluciones acuosas. Las cepas utilizadas fueron seleccionadas principalmente de acuerdo a su tolerancia frente a sales de litio. Con un grupo de 8 cepas bacterianas, se llevaron a cabo ensayos que permitieron determinar su capacidad de recuperar litio soluble tanto durante el crecimiento como en ausencia del mismo. Las bacterias evaluadas, pertenecientes a los géneros *Bacillus*, *Brevibacterium*, *Micrococcus* y *Kocuria*, presentaron comportamientos diferentes frente a las matrices acuosas utilizadas. Por ejemplo, *Kocuria* sp. SA129b no fue capaz de remover litio soluble durante el crecimiento, sin embargo fue una de las cepas que mejores porcentajes de remoción mostró en ausencia de crecimiento. En general, las cepas que produjeron los mayores porcentajes de remoción durante el crecimiento fueron *Bacillus* sp. HA120a, *Bacillus* sp. HX11, *Brevibacterium* sp. SX139, *Bacillus* sp. SA313, que presentaron porcentajes de remoción superiores al 20%. En ausencia de crecimiento las más eficientes fueron HX11, HA120a y SA129b, con porcentajes de remoción de alrededor del 50%. Los resultados obtenidos indican que las cepas evaluadas tienen gran potencial en procesos de remoción de litio soluble tanto durante el crecimiento como en ausencia del mismo.

Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica, PICT 2017-1909; al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de la Argentina, PIP 0332 y al Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Salta, Res 471/2018CI.

CO-03

16h00-16h15

03/12/19

NM292LG

Area: Arqueas

Recuperación de cobre utilizando la arquea termoacidófila *Acidianus copahuensis*

Enhancement in copper recovery using a thermoacidophilic archaeon *Acidianus copahuensis*

Camila Safar¹, **Camila Castro**¹, Edgardo Donati¹

(1) Departamento de Química, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata

cmlcastro0@gmail.com

Thermophiles have been found widespread in numerous ecosystems, including volcanic environments, hot springs, mud pots, fumaroles, geysers, thermal springs, and even deep-sea hydrothermal vents. Studies of thermophilic microorganisms have shown a considerable biotechnological potential due to their optimum growth and metabolisms at high temperatures. The importance of expanding our knowledge on microorganisms derived from extreme environments stems from the development of novel and sustainable technologies for our health, food, and environment. Thermophilic archaea have been studied to a limited extent, compared to mesophilic microorganisms. Archaea are peculiar in various aspects; they have unique biochemical and physiological characteristics with important biotechnological applications. Many of these archaeal species could be applied in bioleaching process to recover valuable metals from mineral ores. Bioleaching has some advantages over conventional mining techniques, which comprise low operation costs, low investment in infrastructure, reduced emissions to air, simplicity of operation and applicability to refractory ores and minerals that cannot be treated by traditional techniques. Particularly, bioleaching at high temperatures using thermoacidophilic microorganisms can greatly improve metal solubilization from refractory mineral species such as chalcopyrite (CuFeS₂), one of the most abundant and widespread copper-bearing minerals. In this work, the thermoacidophilic archaeon *A. copahuensis* DSM 29038, isolated from geothermal Caviahue-Copahue system, was employed to recovery copper from a chalcopyrite concentrate. Results showed that up to 85% of copper recovery from the chalcopyrite concentrate could be achieved using *A. copahuensis*. Also, different bioleaching conditions were tested in order to elucidate which steps are pivotal during the bioleaching process. This information has a great importance for the biomining industry to offer strategies to improve metal recoveries by bioleaching.

CO-04

17h45-18h00

03/12/19

HM594SL

Area: Biotecnología

Aproximación metagenómica a la diversidad microbiana de la zona geotérmica de Los Humeros (Puebla, México)

Metagenomics approach to microbial diversity in Los Humeros geothermal field (Puebla, México)

Paola Carolina Mora-González³, Rodolfo Quintana-Castro¹, María Guadalupe Sánchez-Otero¹, Fidel Alejandro Sánchez-Flores², **Rosamaría Oliart-Ros³**

(1) Universidad Veracruzana

(2) UNAM

(3) Unidad de Investigación y Desarrollo en Alimentos, Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Veracruz

roliart@itver.edu.mx

La zona geotérmica de Los Humeros se encuentra en la porción este del cinturón volcánico mexicano. Presenta manifestaciones superficiales en forma de fumarolas y emisiones de vapor con temperaturas entre 50 y 90°C. En el subsuelo se localizan pozos con aguas de baja salinidad, con temperaturas entre 290 y 360°C. En este trabajo se analizó la diversidad bacteriana y la presencia de genes para enzimas lipolíticas en muestras de suelo a diferentes profundidades, y posterior al cultivo en medio rico en aceite. Los taxa dominantes en el suelo fueron Firmicutes, Bacilli, Bacillales, Bacillaceae, los géneros *Alicyclobacillus*, *Bacillus* y *Anoxybacillus*, y las especies *Alicyclobacillus* sp CCUG53762 and *Anoxybacillus caldiproteolyticus*. Después del cultivo en medio rico en aceite de cártamo alto en oleico a 55°C, se observó un incremento en los taxa Firmicutes, Bacilli, Bacillales, Bacillaceae, y los géneros dominantes cambiaron a *Geobacillus* y *Anoxybacillus*, y a las especies *Geobacillus thermocatenulatus* y *Pseudomonas tolaasii*. Además, se identificaron 128 genes de enzimas lipolíticas de *Bacillus*, *Geobacillus* y *Pseudomonas* que serán clonadas y caracterizadas para determinar su potencial biotecnológico.

Proyecto financiado por Conacyt y TecNM

CO-05

18h00-18h15

03/12/19

JJ237MS

Area: Biotecnología

Improving the stability of a carbon nanotube-based electrode using a thermophilic laccase.

Improving the stability of a carbon nanotube-based electrode using a thermophilic laccase.

Joaquin Atalah¹, Giannina Espina¹, Ramaraja Ramasamy², Jenny M. Blamey¹

(1) Investigación y Desarrollo, Fundación Biociencia

(2) School of Chemical, Materials, and Biomedical Engineering, The University of Georgia

joaquin.atalah@gmail.com

Multicopper oxidases (MCO) are enzymes that couple the oxidation of an aromatic substrate to the reduction of diatomic oxygen. Because they do not need cofactors and the main byproduct of the enzymatic reaction is water, MCOs have been explored for a variety of applications. Laccases are blue MCOs that catalyze the oxidation of phenols, and anilines with the associated oxygen reduction reaction. The catalytic behavior of laccase functionalized electrodes for oxygen reduction reaction in biofuel cells has been widely studied. The fungal laccase obtained from *Trametes versicolor*, is a successful example of the application of MCOs as biological fuel cell catalysts. Different strategies have been tried to maximize the electrocatalytic activity of enzyme modified electrodes, and it has been shown that immobilization methods involving carbon-nanotubes (CNT) create a porous conductive matrix allowing a greater number of active sites to be effectively attached to the electrode. CNT serve as a platform providing support for enzyme stability, enhanced surface area for enzyme loading and great electrical conductivity for signal processing. It is possible to further modify the CNT with different chemical crosslinkers for better enzyme attachment. Although enzyme-based fuel cells hold potential to be small-power sources for various applications, their use is currently limited by their relatively short lifetime, caused by the susceptibility of enzymes to denaturation. Thermophilic bacteria, however, have evolved to produce enzymes capable of functioning in the high temperature environments in which they live. Thermophilic enzymes are more resistant to denaturation and show better stability than their mesophilic counterparts. For this reason, we explored a thermophilic laccase as electrocatalyst for oxygen reduction reaction. The bioelectrocatalysis of oxygen reduction reaction was studied using an electrode modified with the recombinant laccase from the thermophilic *Bacillus* sp. FNT isolated by our group. This recombinant laccase (FNTL) was used to modify the electrodes and evaluated as an electrocatalyst using voltammetric techniques. Compared to an electrode build using a fungal laccase, the thermophilic laccase used here allowed for the construction of a biofuel cell with improved shelf-life, highlighting the potential usefulness of thermophilic enzymes in the future development of the blooming field of bioelectrocatalysis.

CO-06

10h30-10h45

04/12/19

SF933PD

Area: Ecología Microbiana

Capacidades autodepurativas de las comunidades bacterianas de la rizosfera de un suelo hiper-salino aledaño a las salinas de Lo Valdivia, ante la exposición de compuestos aromáticos.

Self-purifying abilities of the bacterial communities of the rhizosphere of a hyper-saline soil adjacent to the solar saltern Lo Valdivia, to the exposure of aromatic compounds.

Gustavo Rodriguez-Valdecantos^{1,2}, Felipe Torres-Rojas^{3,2}, Luis Cid^{1,2}, Ramon Rosselló-Móra⁴, Bernardo González^{1,2}

(1) Bioingeniería, Ingeniería y ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez

(2) CAPES, Center of Applied Ecology and Sustainability

(3) Ingeniería hidráulica y ambiental, Ingeniería, Pontificia Universidad Católica de Chile

(4) Ecología y recursos marinos, Instituto mediterráneo de estudios avanzados (IMEDEA UIB-CSIC)

gustavo.rodriquezv@edu.uai.cl

Las presiones selectivas en ambientes extremos generan patrones de diversidad únicos. Por ejemplo, especies que se encuentran en baja abundancia en un ambiente salobre florecen de forma explosiva por efecto de la salinización, generando patrones de diversidad de alta dominancia. En general, no se tiene información de cómo las comunidades que persisten en ambientes extremadamente salinos responden ante perturbaciones antrópicas. Mediante el uso de microcosmos de suelo, combinados con técnicas moleculares y el aislamiento de microorganismos halófilos, se estudió la degradación de compuestos aromáticos (xenobióticos) por parte de comunidades bacterianas de un suelo hiper-salino. En este estudio se combinó la aproximación dependiente de cultivo con el uso de la técnica molecular T-RFLP para evaluar las capacidades de la comunidad bacteriana de un suelo hiper-salino rizosférico aledaño a las salinas de Lo Valdivia (Chile), en la degradación de compuestos aromáticos de bajo peso molecular, a dos concentraciones (5 y 20 mM). Para identificar los microorganismos con capacidad para degradar xenobióticos, se aislaron tanto arqueas como bacterias en medio de cultivo salino utilizando esto compuestos como única de fuente de carbono y energía. Los microorganismos aislados que presentaron capacidades degradativas fueron identificados y caracterizados estudiando su versatilidad degradativa. Los resultados mostraron que las comunidades bacterianas de este suelo rizosférico salino son capaces de degradar diferentes compuestos xenobióticos, aunque la tasa de degradación depende en gran medida de la naturaleza del compuesto xenobiótico, y su concentración. Los compuestos 4-hidroxibenzoato y tirosina exhibieron una degradación rápida y total, mientras que el fenol y el 2,4-diclorofenoxiacetato mostraron una baja tasa de biodegradación. Los microorganismos aislados corresponden en su mayoría a bacterias, siendo las bacterias del género *Halobacteria* las más abundantes y versátiles para degradar estos compuestos aromáticos. Se concluye que las comunidades bacterianas de este suelo rizosférico salino tienen una capacidad limitada para autodepurar el ambiente de la contaminación causada por compuestos aromáticos de bajo peso molecular.

CONICYT PIA/BASAL FB0002

CO-07

12h45-13h00

04/12/19

FH383KN

Area: Biotecnología

Efecto de alta presión hidrostática sobre el potencial de la membrana y la flexibilidad de la pared celular de la levadura

High hydrostatic pressure effect on yeast membrane potencial and cell wall flexibility

Patricia Fernandes¹, Luiza Adami Monteiro De Castro¹, Ane Catarine Tosi Costa¹, Tarcio Carneiro¹, Alexandre Martins Costa Santos¹, Antonio Alberto Ribeiro Fernandes¹
(1) Pós-Graduação em Biotecnologia, Centro de Ciências da Saúde, Universidade Federal do Espírito Santo
(Sponsored by Fundação De Amparo à Pesquisa Do Estado Do Espírito Santo)
patricia.fernandes@ufes.br

Although high hydrostatic pressure (HHP) environments are more wide spread in nature than other stressors environments, much less is known about adaptation to HHP. Actually, even in the deepest part of the oceans depth, of approximately 100 MPa, life exists. *Saccharomyces cerevisiae* is a model organism and a pressure of 50 MPa is not sufficient to kill but induces a series of stress responses, while at 220 MPa all wild-type cells are killed. HHP exerts a broad effect within the cell, affecting membrane fluidity and the structure of the cell wall and intracellular organelles. Pressure up-regulates genes *HSP12*, related to cell wall flexibility and *ERG25*, associated in membrane protection during certain types of stresses. Indeed, HHP interferes with cellular membrane structure, increasing the order of lipid molecules, especially in the vicinity of proteins. Therefore, in order to analyze the effect of HHP on the plasma membrane potential, studies were conducted with an industrial strain marked with a fluorescence dye (DIBAC3) and further analyzed by flow cytometry. The fluorescence intensity increased with the increase in pressure. Thus, hydrostatic pressure treatment increased the depolarization of the plasma membrane of the yeast cells. Interesting enough, at sublethal pressure the cells displayed a retarded response, depolarizing the membrane 15 min after decompression and returning to normal state after 60 min at room pressure. This result is in accordance with the gene expression profile that also has a peak 15 min after the yeast cells have been placed at room pressure of 0.1 MPa. In another experiment, the yeast strain was stained with calcofluor white that marked chitin in the cell wall and analyzed by fluorescence microscopy. At sublethal pressures, as well as at room pressure, fluorescence at the edge of the cell was noted. Confirming that HHP severely affects the cell wall, when subjected to high pressures the cells showed diffuse staining. On the other hand, a mutant strain that high accumulates Hsp12p presented the calcofluor white labeling pattern at high pressures identical to sublethal pressures, demonstrating the maintenance of cell wall integrity. These results help to understand life in extreme environments, the deep-sea.

CO-08

16h00-16h15

04/12/19

PQ281GM

Area: Bacterias

Decifrando la función estructural de los exopolisacáridos PEL y Celulosa en la formación de biopelícula por la bacteria acidófila *Acidithiobacillus thiooxidans*

Deciphering the structural function of exopolysaccharide PEL and cellulose during biofilm formation by the acidophile bacteria *Acidithiobacillus thiooxidans*

Mauricio Javier Diaz¹, Diego Serra², Regine Hengge², Nicolas Guilliani¹

(1) Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile, Santiago, Chile.

(2) Institut für Biologie/Mikrobiologie, Humboldt-Universität zu Berlin, Germany.

maujav2004@hotmail.com

Acidithiobacillus thiooxidans es una bacteria acidófila que obtiene energía metabólica a partir de la oxidación de compuestos reducidos de azufre presentes naturalmente en sulfuros metálicos. Se ha descrito que la eficiencia de la oxidación requiere de la formación de una biopelícula activa sobre la superficie del sustrato. En muchas bacterias, la formación de biopelículas y la producción de exopolisacáridos dependen de los niveles intracelulares del segundo mensajero diguanilato cíclico (c-di-GMP). El análisis del genoma de la cepa tipo ATCC 19377 de *At. thiooxidans* reveló la presencia de al menos 38 genes que codifican para proteínas involucradas en el metabolismo y la señalización de este segundo mensajero. Entre los genes codificantes para receptores de c-di-GMP se encontraron ortólogos para los genes *pelD* y *bcsA* de *Pseudomonas aeruginosa* y *Escherichia coli*, respectivamente. El contexto genómico reveló la presencia del resto de los genes codificantes para los complejos proteicos involucrados en la biosíntesis de los exopolisacáridos PEL y celulosa. Un análisis transcriptómico previo reveló que ambos genes tienen una mayor expresión en células de *At. thiooxidans* adheridas que en planctónicas. Para revelar los posibles funciones individuales de cada exopolisacárido, se desarrollaron cepas mutantes nulas *pelD*⁻ y *bcsAB*⁻. A las 3 cepas se les hizo análisis de macrocolonias en presencia de Thioflavin S o fueron teñidas con lectina BPA conjugada a FITC, para luego ser analizadas por criomicroscopía. El análisis de las colonias reveló que la celulosa se encuentra localizada principalmente en la parte inferior de la biopelícula, mientras que PEL dio señales en la sección superior e inferior de ésta. Estos resultados dan las primeras pistas acerca de un rol diferencial de ambos exopolysaccáridos en biopelículas de *At. thiooxidans*.

Proyecto Regular FONDECYT 1160702

CO-09

17h15-17h30

04/12/19

QH172NF
Area: Bacterias

Detección de cianotoxina en cianoacterias nativas de Atacama

Detection of cyanotoxins in native Atacama cyanobacteria

Alexandra Galetovic^{1,2}, Joana Passo³, Flavio de Oliveira³, Raquel Castelo³, Benito Gómez-Silva^{1,2}, Vitor Vasconcelos³

(1) Laboratorio de Bioquímica, Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta

(2) Centre for Biotechnology and Bioengineering, CeBiB, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta

(3) Laboratory Blue Biotechnology and Ecotoxicology, CIIMAR, Porto, Portugal, Universidade do Porto, Portugal

alexandra.galetovic@uantof.cl

Cyanobacteria can synthesize cyanotoxins, they are secondary metabolites that may constitute a survival strategy providing ecological and physiological advantages in aquatic environments. Cyanotoxins are nitrogenous compounds including cyclic peptides and alkaloids such as microcystins, nodularins, cylindrospermopsins, and saxitoxins. Cyanobacteria can also synthesize BMAA (β -N-methylamino-L-alanine) a neurotoxin associated with neurodegenerative diseases. It has been reported that some members of *Nostoc* genus are cyanotoxins-producers, the purpose of this work was to study the presence of cyanotoxins in four isolated cyanobacteria and Llayta an edible cyanobacterial colonies, all of them belonging to *Nostoc* genus. In the case of Llayta it is particularly relevant to know its toxicity because *Nostoc* colonies (sold as dry biomass) are consumed in northern Chile and southern Peru. Cyanotoxins key genes (*mcyA*, *mcyE*, *cyrJ*, *sxtA* and *sxtG*) were screened in the genomes of isolates (LLC-10, LLA-15, CAQ-15 and LCHI-10) and Llayta (dry biomass), using PCR and bioinformatic analyses. Also, Llayta colonies were tested for detecting presence of microcystins and BMAA in methanolic extracts (50%) by LC-MS. The results showed that the target genes *mcyA*, *cyrJ*, *sxtA* and *sxtG* were not amplified in any isolate. However, gen *mcyE* was only amplified from Llayta DNA but was absent in LLA-15 which was isolated from Llayta colonies. It could be explained due to the microbiome associated to Llayta biomass that includes others cyanobacteria genera as *Nodularia*, *Microcystis* and *Cylindrospermopsis* potentially cyanotoxins-producers. So, was necessary to analyze the presence of microcystins by analytical approaches. Llayta colony (methanolic extract) did not show the characteristic ion mass fragments pattern of 995.37, 977.36, 866 and 599 m/z as expected for microcystin LR. On the other hand, the Llayta HPLC chromatogram had different ion mass fragments of 119, 102, 88, 76 and 73 m/z as expected for BMAA. This work provides analytical and genomic evidence showing that Llayta does not contain microcystins-LR and has an incomplete microcystine biosynthetic pathway and BMAA was not detected by LC-MS. The four isolates and Llayta are not cyanotoxin-producers and Llayta (dry biomass) is a safe food ingredient.

This work was supported by MINEDUC-UA, Universidad de Antofagasta [project code ANT 1755; Proyecto Semillero de Investigación, Universidad de Antofagasta [SI-5305]; CeBiB, CONICYT-Chile [FB-0001]; CIIMAR [FCT Project UID/Multi/04423/2019 and EnhanceMicroAlgae - (EAPA_338/2016)].

CO-10

17h30-17h45

04/12/19

GS995BM

Area: Bacterias

***Acidiferrimicrobium australis* gen. nov., sp. nov., microorganismo acidófilo-heterotrófo obligado, miembro del filo *Actinobacteria* que cataliza el proceso de óxido-reducción de hierro aislado de un drenaje ácido en Chile**

***Acidiferrimicrobium australis* gen. nov., sp. nov., an acidophilic and obligately heterotrophic, member of the *Actinobacteria* that catalyses dissimilatory oxido-reduction of iron isolated from metal-rich acidic water in Chile**

Daniella González¹, Katharina Huber², Sabrina Hedrich³, Raquel Quatrini^{4,5}, **Christian Canales¹, Ivan Nancuqueo¹**

(1) Universidad San Sebastián, Concepción

(2) Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganism and Cell Culture, Germany

(3) Federal Institute for Geosciences and Natural Resources, Resource Geochemistry, Hannover, Germany

(4) Millennium Nucleus in the Biology of Intestinal, Microbiota, Santiago

(5) Fundación Ciencia y Vida, Santiago

inancuqueo@gmail.com

A novel acidophilic member of the phylum *Actinobacteria* was isolated from an acidic, metal-contaminated stream draining from an abandoned underground coal mine (Trongol mine), which is situated close to Curanilahue, Biobío Region, Chile. The isolate (USS-CCA1) was shown to form a distinct clade from characterized *Actinobacteria*, well separated from the five validated genera. USS-CCA1 was demonstrated to be a heterotroph that catalyzed under aerobic condition the oxidation of ferrous iron, but not sulfur and hydrogen and the reduction of ferric iron under anaerobic conditions. Isolate USS-CCA1 is Gram-positive, motile short rod-shaped mesophilic bacterium with a temperature growth optimum of 30 °C (range 25-37 °C). It was categorized as an extreme acidophile growing optimally at pH 3.0-3.2 and between 1.7 and 4.5. The G+C content of the chromosomal DNA of the isolate was 74.1 % which is highly related to *Aciditerrimonas ferrireducens* (the most closely genus related) and higher than other acidophilic *Actinobacteria*. The isolate did not grow in defined single carbon source, however the addition of small amounts of yeast extract to a defined medium was required for growth and did not grow in the absence of organic carbon. The bacterium catalyzed oxidative dissolution of pyrite, confirming that acidophilic microorganisms that catalyses the dissimilatory oxidation of ferrous iron should catalyze the dissolution of pyrite, as ferric iron the main oxidant of this sulfide mineral under acidic conditions. Isolate USS-CCA1 is the designated type strain of the novel species *Acidiferrimicrobium australis* (=DSM 106828^T, =RGM 2506^T).

CO-11

17h45-18h00

04/12/19

TT115NP

Area: Virus

Tipo de presentacion: Oral

Enviado por: Jenny M. Blamey

Purificación y caracterización de una RNA polimerasa viral aislada desde muestras ambientales del Antártica

Purification and characterization of a viral RNA polymerase isolated from an Antarctic environmental sample

Giannina Espina¹, Sebastian Muñoz¹, Litzzy Maritnez¹, **Jenny M. Blamey**^{1,2}

(1) Fundación Científica y Cultural Biociencia

(2) Universidad de Santiago de Chile

jblamey@bioscience.cl

RNA polymerase is the enzyme responsible for copying a DNA sequence into an RNA sequence, during the process of transcription. RNA polymerases have been found in all species, but the number and composition of these proteins vary across taxa. Our laboratory had the opportunity to explore the microbial and viral biodiversity existing in Union Glacier, one of the most remote and less explored sites on the planet, located within the Antarctic Polar Circle, (79°46'10"S / 82°54'26"O). During the scientific expedition we collected environmental samples from three different geographical sites: Rossman Cove, Charles Peak and Elephant Head. To investigate the diversity of the microbiota and search for several enzymes, 2-8 g of ice, sediments and rocks were collected in aseptic manner samples. One of the enzymes of our interest is RNA polymerase. All samples collected were stored at temperature below 0°C and then were inoculated in different culture media (LB, TS, TGY, R2A) both liquid and solid. From the cultures obtained, we selected the one with higher RNA polymerase activity and design a purification procedure based in the use of size exclusion, ionic exchange and affinity chromatography. For the RNA polymerase activity determination a colorimetric coupled-enzyme system was used. In this method, the amounts of inorganic phosphate liberated during the reaction is quantitatively measured using a color-developing reagent, after the RNA polymerase reaction take place through the hydrolysis of pyrophosphates by a pyrophosphatase. In this study we report the identification and purification of a new RNA polymerase from a psychrophilic viral culture isolated from one of the environmental samples obtained from Union Glacier, Antarctica.

CO-12

10h30-10h45

05/12/19

GH773NM

Area: Ecología Microbiana

Efecto de la exposición a superficies poliméricas, sobre el desarrollo de comunidades bacterianas hiperacidófilas biolixivantes en condiciones mesófilas y termófilas

Exposure effect of polymeric surfaces on the development of bioleaching hyperacidophile bacterial communities under mesophilic and thermophilic conditions.

Claudia Clavero^{1,3}, Carolina Mario¹, Natalia Zuñiga^{1,3}, Francisca Garcia², Patricia Dauelsberg³, Raimundo Bordagorry^{4,3}, Gerónimo Behncke³, Juan Rivadeneira^{1,3}, Gustavo Rodriguez-Valdecantos^{1,5,3}

(1) Laboratorio de Bioingeniería, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile

(3) Gerencia de Investigación y desarrollo, Liap SpA.

(4) Energía y Desarrollo Sustentable, Ingeniería, Universidad Diego Portales

(5) CAPES, Center of applied ecology and sustainability

claudiaciale@gmail.com

Los microorganismos biolixivantes, por lo general quimiolitioautótrofos, habitan ambientes en los que pueden presentarse condiciones extremas de acidéz, alta concentración iónica y de metales pesados y altas temperaturas. Para vivir en estos ambientes extremos, bacterias con distintas capacidades metabólicas se asocian para llevar a cabo la oxidación de hierro y azufre, coincidentemente, se ha visto que consorcios tienen mejor rendimiento biolixivante que cepas puras. Además, se ha demostrado que la temperatura es un factor determinante en el rendimiento del proceso. Así la biolixiviación en condiciones hipertermofílicas es posible disolver casi completamente sulfuros primarios de cobre, como la Calcopirita. Investigaciones recientes mostraron que la adición de compuestos poliméricos con gran superficie de contacto, como el polietilenglicol, mejora significativamente la biolixiviación de minerales sulfurados de cobre, al incrementar la adherencia de los microorganismos al azufre elemental y por ende en su oxidación, además de generar una disminución en la capa de pasivación depositada en la superficie de la calcopirita. En este estudio, evaluamos el efecto de superficies poliméricas compuestas de polipropileno, poliéster, poliamida o caucho, materiales normalmente descartados por la industria, sobre el desarrollo de comunidades biolixivantes de concentrados de enargita-calcopirita, en condiciones mesófilas y termófilas. Para estudiar el desarrollo de las distintas comunidades se midieron parámetros físico-químicos (pH y eH) y concentración de cobre y hierro, además de biomasa celular, para así evaluar el rendimiento biolixivante del consorcio. Para estudiar los cambios en la estructura de las comunidades microbianas se utilizó la técnica molecular T-RFLP, analizando la estructura de la comunidad a los 30 y 60 días de exposición. Los resultados apuntan a que superficies poliméricas compuestas por polipropileno, poliéster y poliamida mejoran significativamente la actividad biolixivante, potenciando la disolución de cobre desde los concentrados, mientras que superficies de caucho afectan negativamente la actividad biolixivante. Concomitante, la estructura de las comunidades microbianas no se ve mayormente afectada por la presencia de polipropileno, poliéster y poliamida, en comparación con los controles no expuestos a superficies poliméricas, mientras que el caucho afecta fuertemente la estructura de las comunidades biolixivantes, en particular en condiciones termófilas donde se produce un fuerte recambio de especies.

Proyecto CORFO Economía Circular 18ITE1C-100777; CONICYT PIA/BASAL FB0002.

CO-13

12h45-13h0

05/12/19

MN945LS
Area: Biotecnología

Evaluación de biocatalizadores inmovilizados del termófilo *Geobacillus thermoleovorans* CCR11 para la síntesis de aromas

Evaluation of the biocatalytic abilities of immobilized biocatalysts from the thermophilic *Geobacillus thermoleovorans* CCR11

Graciela Espinosa-Luna², Giselle Lilian Badillo-Zeferino², Eduardo Holzheimer-Bautista²,
Stephanie Flores-Baez², Carolina Peña-Montes², María Guadalupe Sánchez-Otero¹, Gerardo
Valerio-Alfaro², Rosamaría Oliart-Ros²

(1) Universidad Veracruzana

(2) Unidad de Investigación y Desarrollo en Alimentos, Tecnológico Nacional de
México/Instituto Tecnológico de Veracruz

roliart@itver.edu.mx

Las carboxilesterasas y lipasas son enzimas que hidrolizan el enlace éster carboxílico. Estas enzimas son usadas en la síntesis orgánica porque son capaces de catalizar un amplio rango de reacciones regio- y enantioselectivas como esterificaciones, transesterificaciones y aminólisis, especialmente en la síntesis de aromas y sabores y en la producción de biodiesel. CaesCCR11 y LipMatCCR11 son enzimas con actividad lipolítica producidas por el termófilo *Geobacillus thermoleovorans* CCR11, dichas enzimas han sido clonadas y caracterizadas respectivamente como una carboxilesterasa la primera con actividad óptima a 50 °C y pH 9 y lipasa la segunda con actividad óptima a 40 °C y pH 9. En este trabajo se presenta la inmovilización de CaesCCR11 por adsorción en celita y de LipMat por entrecruzamiento con glutaraldehído así como la conversión alcanzada en reacciones de transesterificación.

Proyecto financiado por Conacyt y TecNM

CO-14

15h30-15h45

05/12/19

TC539PG

Area: Hongos

Aislamiento, cultivo e identificación molecular de micobiontes y fotobiontes provenientes de líquenes extremófilos de las pampas de La Joya, desierto peruano

Isolation, culture and molecular identification of extreme lichen mycobionts and photobiont from the Pampas de la Joya, Desert of Peru

Fernando Mario Díaz¹, Úrsulo Yapo^{4,2,3}, Bernardita Valenzuela⁵, Julio E. Valdivia-Silva^{6,7,8}, Holger Saúl Pérez-Montaña^{11,12,9,10}

(1) investigación , ing biotecnológica , Sociedad Científica de Astrobiología del Perú

(2) investigación biotecnológica, biología, Sociedad Científica de Astrobiología del Perú

(3) investigación , biología, Research Institute Arrhenius, Arequipa- Peru

(4) investigación biotecnológica, biología, Universidad Nacional de San Agustín, Perú

(5) Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Chile

(6) investigación , Bioingeniería, Universidad de Ingeniería y Tecnología (UTEC)

(7) investigación , astrobiología, Sociedad Científica de Astrobiología del Perú

(8) investigación , astrobiología, Research Institute Arrhenius, Arequipa- Peru

(9) investigación , química , Sociedad Científica de Astrobiología del Perú

(10) Ciencias Naturales, ingeniería de materiales, Universidad Católica San Pablo

(11) investigación , química , Universidad Católica San Pablo

(12) investigación , ingeniería de materiales, Research Institute Arrhenius, Arequipa- Peru

diazc.f.m93@gmail.com

The lichens symbiotic system is an obligate ecological association between one or more fungal or micobiontic species, and one or more photosynthetic species that help each other; the mycobiont provide protection, and the photobiont provides the carbon and/or nitrogen source; managing to achieve to survive in extreme conditions. There is a lack of studies about the existence of extreme species in the “Pampas de la Joya”, considered as a Martian analogue because of its low precipitation less than 1mm/year, high levels of radiation with maximum values of 1060 W/m² on the driest days, dramatic temperature that change from maximum values of 35.9 °C to minimum values of -4 °C. Our team has reported a variety of chemical composition of the soil that makes the presence of biological organism very scarce and low in this zone. In this research, endolithic and epilithic lichens are reported for the first time, samples were collected in the informal well known-zone called as “Mar de cuarzos.” In addition to the isolating and purification of the species, the mycobiont was cultivated in PDA medium and the photobiont in 3NBBM medium at room temperature. The ITS region was amplified using the primers ITS4 for PCR amplification for the mycobionts, and the primers ITS1 and ITS4 were used for PCR amplification of the phycobiont, Identifying two species of mycobionts: *Neocatenulostroma Microsporium*, with a 95.49% of identity with an uncultivated fungus clone rcw_129 (KM104065.1), and *Acarospora cf. Bullata*, shown a 95 % of identity with *Acarospora gwynnii voucher* (MF138060) which shows that are new species not reported, and the photobiont of the *Chloridium angustoellipsoideum* shown a 99.37 % of identity with *Chloridium angustoellipsoideum* (KM116463). The results provide a scientific basis for further researches to decipher molecular mechanisms of lichen resistance to extreme environments conditions, and to characterize new molecules and components of this micro-ecosystem in extreme environments.

CO-15

15h45-16h00

05/12/19

QL525FN

Area: Bacterias

Análisis de comunidades endolíticas antárticas mediante aproximaciones de microbiología clásica y bioinformática

Analysis of Antarctic endolithic communities through classical microbiology and bioinformatics approaches

Valentina Carrasco¹, Vanesa Amarelle¹, Nohemí Cortés², Gregorio Iraola³, José Sotelo Silveira⁴, Ramón Batista⁵, Elena Fabiano¹

(1) Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Ministerio de Educación y Cultura

(2) Universidad Autónoma de Chihuahua

(3) Laboratorio de Genómica Microbiana, Institut Pasteur de Montevideo

(4) Departamento Genómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Ministerio de Educación y Cultura

(5) Centro de Investigación en Dinámica Celular, Universidad Autónoma del Estado de Morelos

v.carrasco02@gmail.com

Los microorganismos están presentes en los más diversos ambientes del planeta incluso en aquellos considerados, desde nuestro punto de vista, extremos. En este contexto, las rocas constituyen el principal refugio para la vida, brindando protección frente a condiciones ambientales adversas como las presentes en la Antártica. Los organismos capaces de colonizar el interior de las rocas son denominados endolitos y, pese a estar presentes en casi todos los ambientes, es muy poco lo que se conoce acerca de su dinámica poblacional y de su interacción con el material que compone la roca.

Teniendo en cuenta que las rocas albergan una comunidad bacteriana particular y poco explorada nos planteamos: a) caracterizar una colección de aislamientos de bacterias endolíticas antárticas provenientes de dos muestras de roca identificadas como andesitas basálticas, en cuanto a su diversidad y fisiología, haciendo énfasis en la respuesta a la presencia de metales, b) analizar la diversidad de la microbiota endolítica y c) identificar genes de interés presentes en los metagenomas.

Al momento hemos identificado 102 bacterias cultivables endolíticas antárticas y realizado ensayos de tolerancia a metales (Cu^{+2} , Co^{+2} , Cd^{+2} , Ni^{+2} , Zn^{+2} , Mn^{+2} , Fe^{+3} , Te^{+2} y Ag^{+2}), observando distintos perfiles de tolerancia. El análisis de la comunidad mediante secuenciación masiva de 16S rRNA reveló la presencia de filos que no se lograron recuperar entre las bacterias cultivables y confirmó algunos de los ya identificados en la colección. A nivel de género se observó que el 50% de las secuencias coincidían con bacterias no cultivadas y/o sin asignación de género, lo que habla de la novedad y del desconocimiento de la microbiota endolítica. Actualmente está en curso el análisis de los metagenomas obtenidos por secuenciación masiva "shotgun", buscando complementar la información ya obtenida, así como evaluar los sesgos y las concordancias y discrepancias entre las distintas aproximaciones.

PEDECIBA. ANII. CAP. IAU.

CO-16

16h00-16h15

05/12/19

JG973NS

Area: Hongos

Potencial xerofílico de hongos asociados de las plantas antárticas *Deschampsia antarctica* y *Colobanthus quitensis*

Xerophilic potencial of associated fungi from the Antarctic plants *Deschampsia antarctica* and *Colobanthus quitensis*

Lívia Costa¹, Camila Rodrigues Carvalho², Luiz Henrique Rosa¹

(1) Microbiologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Brasil.

(2) Fundação Oswaldo Cruz

liviacostabio@yahoo.com.br

All plants in natural ecosystems seems to have some symbiotic relationship with fungi. Those could help plants community, conferring tolerance to abiotic stress, as protection against dehydration. Based on a hypothetical hypothesis, the aim of this work was to evaluate the xerophilic potential of the associated fungi from the Antarctic's angiosperms *C. quitensis* and *D. antarctica*. Both plants were collected in the islands King George, Penguin, Elephant, Half-moon and in the Continental Peninsula near Primavera station, in the Antarctic Peninsula, in the months of Nov-Dez / 2016. Four plants were collected from each point. The rhizosphere fungi were obtained by weighing 1 g of the root's associated soil, followed by a serial dilution (10⁻² and 10⁻³) with sterile saline 0.85%. The isolates were purified and identified using polyphasic taxonomy. These fungi were screened according to their growth capacity in the media DG with the increasing of the glycerol gradient (18,36,54 and 72%), simulating conditions of low water activity. Only those which grew up in the DG-72 were selected for the detection test of the xerophilic activity, which consisted in measure the diameter of fungi's colony, every nine days, in DG-72 plates, for 27 days at 15 °C. The growth tax (mm / d) were taken, the tests carried out in triplicate, endorsed by Variance Analysis and Turkey's Test. From 463 fungi, obtained from rhizospheres of both plants, only 47 grew up in the DG-72 media, belonging to the genera *Penicillium*, *Pseudogymnoascus* and *Mortierella*. So, the isolates from the *Penicillium* genus stood out in relation of the low activity of water test, demonstrating potential for future studies as a source of bioproducts and / or genes for the improvement of plants of economic interest which could grow at cold soils or low availability of water and nutrients.

CNPq, INCT Criosfera, CAPES and PRPq-UFMG

CO-17

17h15-17h30

05/12/19

DQ115BQ

Area: Bacterias

Proteómica comparada de una cepa de *Pseudomonas* de origen antártico expuesta a diferentes condiciones de temperatura

Comparative proteomics of an Antarctic *Pseudomonas* strain exposed to different temperature conditions

César Xavier García¹, Ana Cecilia Ramón¹, Castro-Sowinski Susana¹

(1) Sección Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay.

cegarlav@gmail.com

La Antártida es uno de los ambientes más extremos y prístinos del planeta, donde se desarrollan microorganismos extremófilos adaptados al crecimiento a bajas temperaturas. Tal es el caso de la cepa psicrotolerante *Pseudomonas* sp. AU10, que se aisló de un cuerpo de agua de la isla Rey Jorge y que sirve de modelo para el estudio de la adaptación al frío y del choque de frío en bacterias antárticas. Recientemente llevamos a cabo un estudio proteómico cuantitativo sin marcaje (“label-free”) del tipo “shotgun” (nanoHPLC-MS/MS) para comparar los perfiles proteicos de células de esta cepa creciendo en fase exponencial a 4 °C y a 30 °C, así como también de células en latencia luego de exponerlas a un choque de frío (de 30 °C a 4 °C por 75 min). Se pudo registrar un total de 2016 proteínas entre todas las muestras (triplicados metodológicos por condición), que se corresponderían con aproximadamente un tercio del proteoma deducido a partir del genoma de esta cepa. Del total, se buscaron aquellas proteínas que por lo menos duplicaran su abundancia de forma significativa ($p < 0,05$) en alguna de las condiciones. Así se encontraron 116 proteínas características del crecimiento a 30 °C, 101 del crecimiento a bajas temperaturas y 22 del choque de frío. En líneas generales, se observó que el perfil de proteínas a 30 °C incluye varias chaperonas, proteínas involucradas en el metabolismo de aminoácidos y proteínas de respuesta al estrés térmico y oxidativo. Durante el crecimiento a bajas temperaturas y frente al choque de frío se observó una mayor abundancia de proteínas implicadas en la vida de relación con el medio circundante (quimiotaxis, sistemas de secreción, porinas, sistemas de dos componentes y aparato flagelar), así como también una mayor presencia de helicasas de ARN y metiltransferasas de ARNr y ARNt. Los resultados obtenidos hasta el momento constituyen un aporte al escaso conocimiento existente sobre las adaptaciones de las bacterias antárticas a las bajas temperaturas y a los cambios bruscos de temperatura.

CO-18

17h30-17h45

05/12/19

MG976FJ

Area: Ecología Microbiana

Determinación de propiedades de resistencia a antibióticos y metales pesados de rizobacterias con propiedades de promoción de crecimiento vegetal (PGPRs) aisladas desde el Salar de Huasco (Altiplano Chileno, Región de Tarapacá)

Determination of antibiotic and heavy metal resistance properties of rhizobacteria with plant growth promotion properties (PGPRs) isolated from the Salar de Huasco (Chilean Altiplano, Tarapacá Region)

Natali Zamora¹, Rodolfo Paredes¹, Cristina Dorador², Carolina Yáñez¹

(1) Laboratorio de Microbiología, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica De Valparaíso, Chile.

(2) Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Chile.

natali.zamora@gmail.com

El salar del Huasco es un humedal ubicado en la zona altiplánica de la Región de Tarapacá, a unos 3800 m.s.n.m. En estudios previos se aislaron 67 bacterias desde la rizósfera de plantas provenientes de dos sitios del Salar: H0 (vega salina) y H3 (bofedal), obteniéndose bacterias del género: *Pseudomonas*, *Exiguobacterium*, *Staphylococcus*, *Pseudoalteromonas*, *Halomonas*, *Bacillus* y *Aeromonas* en H3 y *Bacillus*, *Halomonas*, *Aliidiomarina* y *Halobacillus*, en H0. Del total, 37 bacterias fueron sometidas a ensayos de propiedades de promoción de crecimiento vegetal (PGPR). Seis bacterias de los géneros *Halomonas*, *Exiguobacterium*, *Bacillus* y *Pseudomonas* resultaron ser solubilizadoras de fosfato. La producción de AIA fue observada en 25 cepas, 13 bacterias de los géneros de *Pseudomonas*, *Halobacillus*, *Halomonas* y *Aliidiomarina* producían sideróforos y 9 bacterias de los géneros de *Bacillus*, *Halomonas* y *Pseudomonas* tienen actividad de la enzima ACC desaminasa. Se observó que 15 de ellas poseían más de dos propiedades PGPR. Con el fin de continuar con la caracterización y dadas las condiciones físico-químicas de los suelos del salar, en el presente estudio, se determinó la presencia de genes de resistencia a metales pesados: *czcD* (cadmio, zinc y cromo), *copA* (cobre), *nccA* (níquel, cobalto y cromo) y *darsB* (arsénico) por PCR convencional y la resistencia de estas bacterias a los siguientes antibióticos penicilina, amoxicilina, cloxacilina, oxitetraciclina, cloranfenicol, ácido nalidíxico, kanamicina, ceftazidima, cefotaxima y rifampicina mediante la técnica de Kirby-Bauer. Se obtuvo que 2 bacterias poseían el gen *czcD* (géneros *Pseudomonas* y *Staphylococcus*), 6 el gen *copA* (géneros *Pseudomonas*, *Halomonas* y *Staphylococcus*), 6 el gen *nccA* (géneros *Pseudomonas*, *Halomonas*, *Exiguobacterium* y *Staphylococcus*) y solo una, el gen *darsB* (género *Pseudomonas*). Se observó que 11 bacterias eran resistentes a penicilina, amoxicilina y cloxacilina (géneros *Pseudomonas*, *Halomonas*, *Exiguobacterium*, *Bacillus* y *Staphylococcus*), 1 resistente a cloranfenicol (género *Pseudomonas*) y 6 resistentes a ceftazidima y cefotaxima (géneros *Pseudomonas*, *Halomonas* y *Bacillus*). En conclusión, la rizósfera de plantas altiplánicas del Salar de Huasco albergan diversas bacterias con propiedades PGPRs resistentes a metales pesados y a antibióticos, las cuales podrían ser útiles para aumentar la tolerancia de los cultivos al estrés por sequía o bien por contaminación con metales pesados.

FONDECYT 1181773; DI PUCV Consolidado 039.367/2019.