

**PROGRAMA FINAL
PRESENTACIÓN DE TIPO PÓSTER
2nd ISE30**

P01

HP987JM

Area: Biotecnología

Degradación de colorantes sintéticos mediante una nueva lacasa termoestable y altamente activa aislada de una bacteria termoalcalifílica: potencial para la biorremediación de aguas residuales.

Decolorization of synthetic dyes by a novel thermostable and highly active laccase from a thermoalkaliphilic bacterium: Potential for wastewater bioremediation.

Giannina Espina¹, Guillermo Mejías-Navarrete¹, Paulina Cáceres-Moreno¹, Rocío Peralta¹, Jenny M. Blamey^{1,2}

(1) Fundación Científica y Cultural Biociencia

(2) Universidad de Santiago de Chile

jblamey@bioscience.cl

Water pollution is a serious threat and is one of the major challenges of today's civilization as the whole world is facing water crisis. Consequently, water pollution control and wastewater treatment are a research priority. Synthetic dyes are of great environmental concern due to their widespread usage and their low removal rate. It is estimated that over 10,000 different dyes are used industrially with over 7x10⁵ tons annually produced worldwide. Unfortunately, most of dyestuff escape conventional wastewater treatment processes and persist in the environment because they are recalcitrant to degradation due to their high stability to light, temperature, detergents, chemicals etc. In the textile industry, up to 200,000 tons of these dyes are lost to effluents every year. Therefore, wastewater decolorization is important and required. Laccases (EC 1.10.3.2) are enzymes that catalyzes the oxidation of a wide array of phenolic compounds, aromatic amines and inorganic ions, only requiring oxygen as co-substrate, releasing water as the sole by-product. Due to their broad substrate range, versatility and ease of use, laccases have great biotechnological importance and are useful in many industrial applications, including bioremediation. However, only fungal laccases, in their majority from mesophilic origin, are currently used for detoxification of complex industrial wastewater. This research work presents a novel thermostable laccase obtained from a thermoalkaliphilic spore-forming bacterium isolated from a Chilean geothermal site, capable to degrade synthetic dyes. The microorganism with optimal growth conditions at pH 8.0 and 50°C was identified as a *Bacillus* sp. FNT, and its native laccase was purified from its spores and a recombinant version of this enzyme was produced in *E. coli*. After solving initial solubility problems, laccase activity was confirmed and this enzyme was then characterized proving to be thermostable and thermoactive with a very high specific activity, over 400000 U/mg at 70°C using syringaldazine substrate and no mediator, being far superior to the mesophilic laccases from fungal origin currently available. More interestingly, this enzyme can efficiently degrade recalcitrant dyestuff such as Remazol Brilliant Blue (RBB), Coomassie blue, Congo red, crystal violet, bromophenol blue, methyl orange, methyl red, and malachite green using acetosyringone as mediator.

This work has been supported by the project grant Innova Corfo 15IPPIDFundación Biociencia.

P02

LL258GJ

Area: Bacterias

Aislamiento de microorganismos sulfato-reductores en sedimentos del área geotermal de Caviahue-Copahue (Argentina)

Isolation of sulfate-reducing microorganisms from sediments in the geothermal area of Caviahue-Copahue (Argentina)

Camila Safar¹, Micaela Gallicet¹, Marcela Hipperdinger¹, Camila Castro¹, María Sofía Urbieto¹, **Edgardo Donati**¹

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

donati@quimica.unlp.edu.ar

Caviahue-Copahue geothermal area, located in Cordillera de Los Andes, in the Northwest of Neuquén province, Argentina, has a lot of different micro-environments which are constantly changing because of Copahue volcano's activity. Different kinds of niches are found in that area involving neutral and acidic ones with moderate and extreme temperatures and aerobic or anaerobic conditions. These niches present a great diversity of microbes with potential biotechnological applications. Anaerobic environments of variable temperature are abundant in this area and their muds present a high retention of heavy metals. Sulfate-reducing microorganisms (SRM) are probably playing an important role in the biogeochemical processes of the zone.

On this basis, the aim of the present study was the isolation of SRM representative of different geothermal sites of the Caviahue-Copahue system. For this purpose, muds from anaerobic pools and ponds with variable temperature (between 22° and 45° C) were sampled. Enrichment cultures and subsequent isolations were performed in order to allow the development of mesophilic and moderate thermophilic SRM.

Natural muds were used as inoculum in modified Postgate B (PgB) liquid cultures supplemented with only 0,1% (w/v) of yeast extract to enhance the growth of SRM. Sequential dilutions were made from these enrichment cultures using the same medium. All cultures were incubated in anaerobic conditions at 30°C or 40°C depending on the original temperature of the site. Different dilutions of each sample were transferred to PgB solid medium and incubated in the same conditions. Colonies which presented typical black iron sulfide precipitate (FeS) were used to inoculate PgB solid medium using streaking technique. Single colonies were sequentially transferred to liquid and solid cultures trying to achieve a pure culture for identification using 16S rRNA gene sequencing.

Different kind of species of SRM were isolated and we are currently working on their genomic and physiological characterization.

This work was partially supported by ANPCyT, PICT-2016-2535 and PICT-2015-0463 grants.

P03

SK822KQ

Area: Bacterias

Influencia de radiación UVA en el crecimiento y formación de biofilms por *Leptospirillum ferrooxidans*

Influence of UVA radiation on survival, growth and biofilm formation in *Leptospirillum ferrooxidans*

Agustina Amar², **Camila Castro**¹, Cecilia Bernardelli¹, Edgardo Donati¹, Cristina Costa²

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

(2) Departamento de Radiobiología, Comisión Nacional de Energía Atómica

cmlcastro0@gmail.com

UVA radiation is one of the most stressful oxidative agents that bacteria have to face in natural environments. The effect of this radiation in two *Leptospirillum ferrooxidans* strains was studied, with the aim to compare the behaviour of the collection strain DSM 2705 and FAM-RA2, a recent isolate from Famatina (La Rioja, Argentina), at 3,869 masl. After 2 h of irradiation at a fluence rate of 40 W/m², the viability of the collection strain decreased in about 2 orders, while in the isolate FAM-RA2 viability diminished only 1 order. Levels of intracellular ROS after UVA exposure were evaluated under these conditions and even though both strains showed a significant increase of ROS production after 30 min of radiation, the relationship UVA treated cells/dark controls was about 2 fold higher in DSM 2705 strain. The effect of sublethal UVA exposure on cell growth was more pronounced in DSM 2705, which showed significant decrease in Fe²⁺ oxidation and growth delay, while FAM-RA2 presented similar behaviour in dark and UVA exposed conditions. Assays of biofilm formation under sublethal UVA doses, both in acrylic and mineral coupons, showed that UVA radiation induced cell proliferation and EPS production in the collection strain DSM 2705, but not in the FAM-RA2 strain, after 24 h of exposure. Taking as a whole, these results suggest a stronger defensive system against radiation in FAM-RA2 that could involve protection against ROS. The results regarding biofilm formation suggest that given the higher oxidative defences of FAM-RA2 strain, the UVA dose used was not enough to trigger biofilm formation as an adaptive response. This study provides the first insights concerning the effects of a stress factor in acidophilic microorganisms not considered until now, particularly in the case of shallow acid mine drainage waters where the influence of the radiation could be high.

P04

MT874LD

Area: Biotecnología

Bioremediation of an acidic mine impacted water using a fixed-film column bioreactor with a novel anaerobic co-culture.

Bioremediation of an acidic mine impacted water using a fixed-film column bioreactor with a novel anaerobic co-culture.

Pedro Hernández¹, Ligia Inostroza¹, Fabiola Aedo¹, Martín Torregrosa¹, Christian Canales¹, **Ivan Nancuqueo¹**

(1) Universidad San Sebastián, Concepción

inancuqueo@gmail.com

A historical drawback in the use of sulfate reducing bacteria (SRB) for the treatment of mine impacted water (MIW) is that most species are highly sensitive to acid and few studies have been carried using acidophilic SRB to remediate acidic mine water. In this work, we described the set up and performance of a fixed-film column bioreactor inoculated with indigenous microorganisms for the treatment of an acidic mine water (pH~3) containing zinc (10 ppm). The acidic water used as feed was similar to the chemical composition of Azufre River, originated from an abandoned sulfur mine on the Tacora Volcano, the northernmost volcano in Chile located in the Andean Altiplano at ~5500 metres above sea level (masl). The two-bacterial species used in the column as co-culture were isolated from an anaerobic sediment of the Azufre River. The co-culture comprised the acetogenic, acidophilic SRB sulfidogen *Desulfoporosinus (D.) acididurans* (strain USS-CCA2; accession number MF595567.1) and a second isolate which shared 95% similarity with *Clostridium pascui* (strain USS-CCA5; accession number MH503925). The column consisted of 450 mm (internal diameter of 35 mm) with a water jacket to maintain 30 °C and 4 sampling ports placed 6 cm apart in the column. The reactor was filled with volcanic bead (5 mm) as support for the bacteria. The bioreactor was operated for 360 days with different hydraulic retention times (HRT; 30, 50 and 100 hours). The results showed that zinc was effectively removed during the course of the operation and decreasing the HRT increased the consumption of sulfate (from 4 to 6.5 mM) using glycerol (5 mM) as electron as carbon source. Sulfidogenesis is a process characterized to generate alkalinity, however this phenomenon was not observed in the column sparging with N₂ gas for 4 hours (each day). This issue was linked to the accumulation of H₂S in the column, which lower the pH. This issue was solved by sparging continuously N₂ to remove the H₂S. This study demonstrated the feasibility to increase the pH and remove zinc and sulfate as part of a technological remediation solution for MIW using a fixed bed bioreactor.

P05

DL518NH

Area: Hongos

Detección de hongos algicuosos asociados a macroalgas Antárticas

Detection of algiculous fungi associated of Antarctic macroalgae.

Matheus Souto De Freitas¹, Maria Theresa Rafaela De Paula², Thamar Holanda Da Silva¹,
Lívia Da Costa Coelho¹, Franciane Maria Pellizzari³, Luiz Henrique Rosa¹

(1) Microbiologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Universidade Federal de Minas Gerais

(2) Universidade Federal de Viçosa

(3) Universidade Estadual do Paraná

matheus.5011@hotmail.com

The Southern Ocean surrounds the Antarctic continent and is marked by unique physicochemical and biological patterns capable of regulating the global oceanic-climatic system. Marine microorganisms are poorly studied, but seem to play a key role in ocean maintenance. The fungi are distributed in marine habitat in the free form or associated with different substrates such as wood, invertebrate animals, sediments and macroalgae. We detected the presence of fungi associated with five Antarctic macroalgae. Two hundred eleven isolates of filamentous fungi were obtained, purified on Batata Dextrose Agar and Marine Agar (2% glucose). Of these, twenty isolates of filamentous fungi were obtained from *Monostroma grevillei* collected from Deception Island, forty two from *Adenocystis* sp. collected on King George Island and one hundred forty nine from *Prasiola* sp., collected on Deception Island, Penguin Island and King George Island. All fungi obtained are in the identification phase by morphological and molecular techniques. These results suggest that Antarctic macroalgae act as a natural substrate for complex marine fungal communities, which can present ecological and evolutionary adaptations for survival in extreme conditions. In addition, Antarctic macroalgae can be considered unexplored sources of the biodiversity of marine fungi and Antarctica.

CNPq, CAPES, FAPEMIG, MCTIC, SECIRM.

P06

FT231JG

Area: Genómica y Evolución

Interacciones hospedejo-virus en diferentes ambientes acuáticos con altas temperaturas alrededor del mundo

Virus-host interactions in aquatic high-temperature environments of the world

Oscar Salgado¹, Sergio Guajardo-Leiva¹, Jaime Alcorta¹, Beatriz Díez¹

(1) Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile, Santiago, Chile.

olsalgado@uc.cl

Microbial species in the environment are threatened by viral infections. This situation has determined the emergence of several immunological systems to protect them. Several of these immune systems work by degrading invading nucleic acids or blocking them. It is possible to find innate and adaptive immune systems. The most described innate systems are the restriction-modification system. On the other hand, the only known adaptive system is the CRISPR-Cas (clustered regularly interspaced short palindromic repeats and CRISPR-associated proteins).

The microbial immune system has been found in different species. In high-temperature environments, like hot springs, several CRISPR-Cas systems have been described, and it is thought that thermophilic microorganisms respond better to a smaller diversity of viral genetic sequences. However, regarding microbial innate immune systems, there are still many open questions about its role and evolution in these environments.

To obtain new information in this regard, we analyzed 84 hot springs metagenomes between 40-71°C. We hypothesize that innate immune systems are poorly represented at high-temperature environments in contrast to CRISPR-Cas systems, which have several spacers against viral contigs. We obtained 1264 high or medium quality metagenome-assembled genomes (MAGs), for which we analyzed the essential immunological genes of the communities, specifically the restriction endonuclease and Cas1 genes. We calculate the abundance (transcripts per million) and the phylogenetic relationship for each of these genes. Also, we performed a principal coordinate analysis that considered the origin of the sample, the pH and the temperature. Finally, we performed a synteny analysis of the CRISPR-Cas loci in relevant phyla (*Cyanobacteria* and *Chloroflexi*). Our study highlighted the relevance of using high-temperature environments as a model to understand virus-host interactions.

Beca de Doctorado Nacional CONICYT n° 21172022

Proyectos Fondecyt Nacional 1190998, 1110696 y 1150171.

P07

KF478BM

Area: Biotecnología

Biopropección funcional para la obtención de nitrilasa termoactiva y termoestable con potencial aplicaciones biotecnológicas.

Functional bioprospecting approach for the obtention of a thermoactive and thermostable nitrilase with potential biotechnological applications

Patricio Uribe-Redlich^{2,1}, Maximiliano J. Amenabar², Jenny M. Blamey^{2,3}

(1) Universidad de Chile

(2) Fundación Científica y Cultural Biociencia, Santiago, Chile.

(3) Universidad de Santiago de Chile, Santiago, Chile.

mamenabar@bioscience.cl

Industrial applications heavily rely on chemical catalysts to increase the rate of reactions. These reactions usually involve the use of toxic compounds, are poorly efficient and produce high amount of biproducts that can pollute the environment. This is especially true in nitrile-derived synthesis of carboxylic acids, where toxic compounds are used and produced as secondary products, surging the need to degradate them. Nitrilases from branch 1 of the nitrilase superfamily are highly efficient biocatalysts that directly convert nitriles into its corresponding carboxylic acid, producing only ammonia as biproduct, allowing to decrease overall production costs and environmental pollution associated to industrial processes. However, although these enzymes have been shown to be a good alternative to chemical catalysts, most of the nitrilases reported to date are from mesophilic origin, thus active in a low temperature range (20-60 °C), limiting their use in biotechnological applications where harsh conditions are usually used. Here we describe a functional bioprospecting approach for the environmental screening of hyperthermophilic microorganisms with nitrilase activity. A hyperthermophilic archaeon belonging to the *Pyrococcus* genus was isolated from Deception Island, Antarctica. This microorganism was able to grow in the presence of benzonitrile, butyronitrile, phenil-glycine-nitrile, 3-cyanopiridine, potassium cyanide and ferrocyanide, displaying a high nitrilase activity towards most of these compounds. Biochemical characterization of the purified native nitrilase indicated this enzyme is thermostable, having an optimal activity at 85°C. The purified enzyme can also use benzonitrile, butyronitrile, phenil-glycine-nitrile, 3-cyanopiridine, potassium cyanide and 2-cyanopiridine, showing a versatile substrate specificity and a dual nitrilase-cyanide dihydratase catalytic activity in contrast to previously reported nitrilases that display high specificity for only few substrates and primarily one of the aforementioned types of catalytic activity (nitrilase or cyanide dihydratase). A recombinant version of this enzyme was successfully generated and characterized. Its biochemical characterization is presented and discussed in context of potential biotechnological applications and bioremediation capabilities.

P08

QM511CQ

Area: Bacterias

Caracterización genómica de la bacteria Antártica *Rahnella inusitata*

Genomic characterization of Antarctic bacteria *Rahnella inusitata*

Rodrigo Salazar^{1,2}, Andrés Santos^{1,2}, Kattia Núñez^{1,2}, Michel Abanto², Leticia Barrientos^{1,2}

(1) Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Universidad de La Frontera.

(2) Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Universidad de La Frontera.

r.salazarc94@gmail.com

El ecosistema Antártico representa un recurso importante de biodiversidad y de nuevos productos biológicos, tales como enzimas, proteínas, metabolitos secundarios y compuestos bioactivos, ya que varias condiciones extremas pueden estar presentes en simultáneo, lo que se refleja en la producción de diversas moléculas que les permiten soportar las adversidades de este ambiente extremo. En este sentido, la bioprospección de moléculas adaptadas al frío como las extremozimas representa un alto interés biotecnológico. En los últimos años se han descrito cepas antárticas capaces de producir una o más de las siguientes enzimas: lipasas, proteasas, amilasas, celulasas y β -galactosidasas. Estas últimas son ampliamente utilizadas en la industria láctea para producir galactooligosacáridos en alimentos probióticos como también para el proceso de eliminación de la lactosa en la leche para personas con intolerancia a la lactosa. La industria láctea ha generado varios procesos industriales que permiten la producción de leche sin lactosa utilizando β -galactosidasas comerciales que son termoestables y activas a altas temperaturas, sin embargo, para la higiene y conservación de las propiedades de la leche, se prefiere procesar la leche a bajas temperaturas. El objetivo de este estudio fue realizar una descripción genómica de la cepa antártica Se8.10.12 que produce una lactasa termoestable y activa a 4 °C. Para esto, el genoma de esta cepa fue secuenciada mediante las tecnologías de Illumina y Oxford nanopore los cuales fueron utilizadas en conjunto para realizar un ensamble híbrido para identificar taxonómicamente a la cepa mediante análisis bioinformáticos y además dilucidar los componentes genéticos atribuibles a su actividad enzimática. Los resultados nos permitieron determinar que la cepa Se8.10.12 pertenece a la especie *Rahnella inusitata* con un porcentaje de identidad del 99%. Esta cepa es rara y por primera vez descrita en continente antártico. Finalmente, los análisis bioinformáticos corroboran la existencia de genes atribuibles a la producción de β -galactosidasas lo que le confiere un potencial interés biotecnológico.

Agradecimientos: INACH RT_14-12, INI-4 y NXR17-0003.

P09

KN699RN

Area: Hongos

Estudio de una cepa de *Pseudogymnoascus verrucosus* de origen Antártico como fuente de pigmentos con potencial aplicación en la industria textil

Study of an Antarctic strain of *Pseudogymnoascus verrucosus* as source of pigments with potential application in the textile industry

Vicente Oliva¹, Mariana Montañes¹, Pablo Villanueva¹, Anaí Díaz¹, Carlos Gil-Durán², Renato Chávez², Inmaculada Vaca¹

(1) Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile

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

bria.veog@gmail.com

Actualmente, hay un gran interés en la producción de pigmentos de origen natural que sean una alternativa al uso de colorantes sintéticos. En particular, los hongos antárticos han mostrado ser una promisoriosa fuente de pigmentos. Si bien se ha reportado la producción de pigmentos en muchas cepas fúngicas aisladas desde la Antártica, dichos pigmentos no han sido estudiados en detalle. En nuestro laboratorio, disponemos de un cepario de hongos antárticos que son productores de pigmentos, entre los que destaca una cepa de la especie *Pseudogymnoascus verrucosus*, la cual secreta al medio pigmentos de una intensa coloración rojiza. En este trabajo estudiamos esta pigmentación y exploramos su posible aplicación en la industria textil. Para ello, el hongo se creció en medio PDA, desde el cual se realizaron extractos con solvente orgánico. Este extracto se sometió a diversas pruebas físicas y químicas, y se determinó que la coloración se mantiene estable entre los 4 y 75°C, decayendo a partir de los 95°C. La coloración también es estable a pH alcalino (hasta pH 12), pero decae en soluciones ácidas (pH menores a 4). Por otro lado, se determinó el potencial de tinción de esta pigmentación en tres tipos de telas: poliéster (100%), poliéster/algodón (50/50%) y algodón (100%). El hongo fue crecido directamente sobre cada tela en medio PDA, observándose que la tela 100% algodón indujo una mayor pigmentación por parte del hongo, resultando en una mayor tinción de la tela. Finalmente, y para explorar la posible naturaleza química de los compuestos responsables de la tinción, se analizó el genoma de este hongo *in silico*. De acuerdo a nuestros análisis, en el genoma de *P. verrucosus* existe sólo un "cluster" de genes que podría estar relacionado con la síntesis de un pigmento. Éste presenta alta similitud con los "clusters" de biosíntesis de azafilonas descritos en especies de los géneros *Monascus* y *Aspergillus*. En conjunto, estos resultados indican que la cepa antártica de *P. verrucosus* es un interesante candidato para la producción de pigmentos, probablemente del tipo azafilona, con aplicación en la industria textil.

Este trabajo fue financiado por los proyectos INACH RG_15-14 y Fondecyt 1150894. VO y MM recibieron las becas CONICYT-PFCHA/Doctorado Nacional/2018-21181056 y CONICYT-PFCHA/Doctorado Nacional/2018-21180477, respectivamente.

P10

GK797GD

Area: Hongos

Identificación y acción herbicida de hongos asociados con Diptera antártico *Parochlus steinenii* (Gerke)

Identification and herbicidal action of Fungi associated with Antarctic Diptera *Parochlus steinenii* (Gerke)

Lívia Costa¹, Láuren Drumond¹, Felipe Lorenz Simões², Peter Convey², Tamara Contador³, Luiz Henrique Rosa¹

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

(2) British Antarctic Survey, University of Cambridge

(3) Ciencias y Recursos Naturales, Universidad de Magallanes

liviacostabio@yahoo.com.br

The fungal dispersion by arthropods is well documented, involving most often a single genus. However, the literature is scarce regarding this process in the Antarctic. In this continent, the native species of Chironomid *Parochlus steinenii* (Gerke) is biogeographically restricted to the Maritime region, which has a milder climate. This study aims to characterize the diversity and the herbicidal activity of the fungal community associated with the species *Parochlus steinenii*. Specimens were captured on King George Island (Antarctica) from February to March / 2018. Fifty individuals were surface disinfested and fifty were not disinfested. Those mosquitoes were plated in DRBC, Sabouraud and Minimum Medium media, 15 ° C for up to 60 days, and the isolates were purified. The identification was made by polyphasic taxonomy, ITS region, comparing the sequence results with GenBank through BLAST. Forty-two filamentous fungi were isolated, 19% (with disinfestation) identified as *Penicillium* sp.1 and 81% (without disinfestation) identified as *Penicillium* sp.1, *Penicillium* sp.2, *Penicillium* sp.3 and *Aspergillus* sp.1. From the herbicidal activity, the only genus which showed result for both plants were *Penicillium*. So, according to the present work, it can be inferred that *Parochlus steinenii* can act as a vector for the transport of fungi and also could act as a possible reservoir of species with potential for the isolation of bioactive substances, as herbicidal activity, since the genus *Penicillium* has already been described with this property.

CNPq, INCT Criosfera, CAPES and PRPq-UFMG.

P11

QR944FL

Area: Biotecnología

Potential function of actinobacteria associated with the rhizosphere of Lupine from the Atacama Desert

Potential function of actinobacteria associated with the rhizosphere of Lupine from the Atacama Desert

Francisca Marchant^{2,1}, Jean Castro^{2,1}, Valeria Razmilic^{2,1}, Diego Lagos^{2,1}, Barbara Andrews^{2,1}, Juan Asenjo^{2,1}

(1) Departamento de Ingeniería Química, Biotecnología y Materiales, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile

(2) Centre for Biotechnology and Bioengineering

f_marchant_m@hotmail.com

The occurrence of extensive antibiotics resistant bacteria increases the need of finding novel bioactive compounds. Rhizosphere actinomycetes have been recognized as a promising biotechnological source of new bioactive compounds with plant-growth-promoting and antimicrobial activities. The search for such new compounds has shifted to underexplored environments to increase the possibility of discovery. In this study, a total of 139 actinobacteria were isolated from the rhizosphere of Lupino (*Lupinus oreophilus*) of the Atacama Desert, a unique and extreme environment located in the north of Chile. They were characterized by bioassays, molecular techniques, and enzymatic tests. Of the total, 86 were subjected to antimicrobial tests against a set of bacterial and fungal pathogens, and to detection of biosynthetic genes of specialized metabolites (PKS-I, PKS-II, NRPS, and AHBA) by PCR. Sixty-nine percent of the isolates have shown significant antimicrobial activities against at least one of the tested indicator microorganisms. Strains were classified as belonging to the *Streptomyces*, *Micromonospora* and *Saccharothrix* genera, through 16S rRNA phylogenetic analysis. These isolates presented enzymatic activity (protease, amylase, chitinase) and potential promoter of plant growth (nitrogen fixation, ammonia production, phytohormone IAA). Furthermore, they can grow at different conditions of temperature (4-45 ° C), pH (5-9), salinity (up to 7% NaCl) and tolerate drought. These microorganisms would have multiple biotechnological applications in the field of health and agriculture. **Key words:** Actinobacteria; Rhizosphere; Plant growth; Phytopathogens; Agriculture.

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

P12

FM191NJ

Area: Hongos

Estudio de los sideróforos producidos por la cepa fúngica antártica *Pseudogymnoascus* sp. FAE27

Anai Díaz¹, Vicente Oliva¹, Mariana Montanares¹, Pablo Villanueva¹, Gerardo Retamal-Morales², Gloria Levicán², Renato Chávez², Inmaculada Vaca¹

(1) Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile

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

anai.diazmorales@gmail.com

Los sideróforos son metabolitos secundarios que son producidos en condiciones ambientales en las que el hierro es deficiente. Estas moléculas capturan hierro, permitiendo así el transporte y asimilación de este metal en los distintos procesos metabólicos. En particular, en hongos aislados desde la Antártica, no se ha descrito hasta el momento la producción de ningún compuesto sideróforo. En nuestro laboratorio estamos investigando la cepa fúngica de origen marino antártico *Pseudogymnoascus* sp. FAE 27. En estudios previos, determinamos que en su genoma existe un gen (*gymE*) que codifica para una proteína con alta identidad con una enzima de *Aspergillus flavus*, involucrada en la biosíntesis de un sideróforo de tipo hidroxamato. En este trabajo, hemos asociado la expresión del gen *gymE* de *Pseudogymnoascus* sp. FAE 27 con la producción de sideróforos de tipo hidroxamato en el medio de cultivo. Para ello, el hongo se cultivó en medio M9 en presencia y ausencia de hierro, y se tomaron muestras de micelio y de caldo a los 3, 5 y 8 días de fermentación. La prueba CAS de los caldos de cultivo, la cual detecta sideróforos, sólo fue positiva para aquellas fermentaciones realizadas en ausencia de hierro. Adicionalmente, el análisis mediante HPLC de los caldos de cultivo, confirmó la presencia de compuestos con un espectro de absorción UV-visible característico de sideróforos de tipo hidroxamato, sólo en aquellos cultivos con déficit de hierro. Más importante, estos resultados correlacionaron con los análisis de expresión del gen *gymE*, el cual sólo se expresa en condiciones de cultivo sin hierro. Estos resultados constituyen el primer reporte de la producción de sideróforos por un hongo filamentoso de origen antártico y permiten asociar su producción a la expresión un gen específico de *Pseudogymnoascus* sp. FAE 27.

Financiado por el proyecto Fondecyt 1150894 y DICYT-USACH. VO y MM recibieron la beca CONICYT-PFCHA/Doctorado Nacional/2018-21181056 y CONICYT-PFCHA/Doctorado Nacional/2018-21180477, respectivamente.

P13

HM257SC

Area: Bacterias

Análisis del efecto de la molécula señal de “quorum sensing” C8-AHL sobre los niveles transcripcionales de varios genes de *Acidithiobacillus caldus* relacionados con la formación de biopelículas

Analysis of the effect of quorum sensing signaling molecule C8-AHL on transcription levels of several *Acidithiobacillus caldus* genes related to biofilm formation.

D. San Martín¹, L. Mellado¹, J. Flores¹, M. Díaz¹, N. Guiliani¹

(1) Biología, Ciencias, Universidad de Chile

diego.sanmartin.f@ug.uchile.cl

Acidithiobacillus caldus es una bacteria quimiolitotrofa que obtiene energía a partir de compuestos reducidos del azufre y que participa en procesos de biolixiviación en consorcio con otros microorganismos. En su estado natural esta bacteria puede encontrarse en forma planctónica u de biopelícula. Ha sido descrito que el estado de biopelícula está íntimamente relacionada con la eficiencia de los procesos de solubilización de los minerales. No obstante, no existe mucha información de la organización de las bacterias para generar esta estructura, el mecanismo en que está ayuda a la solubilización de los minerales y de los procesos moleculares necesarios para lograr construir la biopelícula. Estudios previos en diferentes especies de *Acidithiobacillus* incluyendo *At. caldus* se ha demostrado moléculas de comunicación bacteriana relacionadas con el “*Quorum Sensing*” de naturaleza acil homoserina lactona (AHL) modulan el fenotipo de adherencia de estas especies. En *At. caldus*, nuestro grupo ha obtenido las primeras evidencias de que la molécula C8-AHL favorece la adherencia y producción de exopolisacáridos. Por eso, en este trabajo nos propusimos estudiar en células de *At. caldus* crecidas en azufre (sustrato energético sólido) los niveles de transcripción de cuatro genes específicos relacionados con la formación de biopelículas. Se eligieron los genes *pelD*, *fleQ* y *bcsA* que están relacionados con la síntesis de los exopolisacáridos PEL y celulosa y el gen *flaA* que codifica para la flagelina. Se realizaron distintos cultivos, con y sin C8-AHL, desde los cuales se obtuvieron células planctónicas y adheridas que fueron sometidas al proceso de extracción de ARN totales. Luego se generaron los diferentes cDNA y mediante experimentos de qPCR se cuantificaron los niveles de transcripción de los genes en estudio.

Fondecyt 1160702

P14

BP665HR

Area: Bacterias

Caracterización de bacterias antárticas oxidadoras de manganeso

Characterization of oxidizing manganese bacteria aislated from Antartic

Vanesa Amarelle¹, Fabiano Elena ¹

(1) Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE)

vanesha07@gmail.com

Las bacterias oxidadoras de manganeso (BOM) se caracterizan por su capacidad de catalizar la reacción de oxidación del Mn(II) a Mn(III)-Mn(IV), cumpliendo un rol de suma importancia en el ciclo biogeoquímico de éste y otros metales. Las BOM y los óxidos de manganeso (MnOx) producidos por éstas tienen diversas aplicaciones biotecnológicas debido a la gran capacidad de los MnOx de oxidar distintos compuestos orgánicos contaminantes (fenoles y anilinas, pesticidas y compuestos antibacterianos). Por otro lado, los MnOx son capaces de adsorber otros iones, entre ellos metales potencialmente tóxicos, pudiendo ser utilizados en biorremediación de metales pesados. Si bien no se conoce en profundidad el mecanismo involucrado en la producción de MnOx ni cuál es el beneficio que su producción confiere a los microorganismos, se han reportado como posibles funciones actividad anti-oxidante, protección frente a la radiación UV y protección a la toxicidad por metales, entre otros.

En nuestro laboratorio contamos con 13 BOM aisladas de muestras antárticas capaces de oxidar manganeso en un rango de temperatura variable (4°C, 10°C, 21°C, 25°C y algunos aislamientos aun a 30°C). Evaluamos el efecto de la concentración de MnCl₂ en la formación de MnOx a 21°C, evidenciando un patrón variable dependiendo del aislamiento siendo 250µM y 500 µM de MnCl₂ las condiciones donde se observó una mayor producción de óxidos en la mayoría de los casos. Se evaluó también el efecto de concentraciones crecientes de MnCl₂ en el crecimiento bacteriano, presentando la mayoría de los aislamientos mayor tolerancia al metal en altas concentraciones (2.5 mM y 5mM) que un aislamiento que no produce MnOx usado como control. Actualmente estamos realizando la asignación taxonómica de los aislamientos así como la cuantificación de la actividad manganeso oxidasa en función de distintos parámetros (pHs, temperaturas y en presencia de manganeso y otros metales). Determinaremos además las posibles funciones de los MnOx producidos en la fisiología bacteriana.

Hasta la fecha no se han reportado BOM de origen antártico, por lo que su estudio resulta prometedor no sólo para la generación de conocimiento, sino también para su aplicación en procesos biotecnológicos.

P15

KL243PR

Area: Biotecnología

Clonamiento y caracterización de una fosfolipasa de *Brevibacillus thermoruber* aislado de la fuente termal Los Humeros, Puebla, México

Cloning and characterization of a phospholipase produced by *Brevibacillus thermoruber* isolated from the geothermal field Los Humeros, Puebla, México.

Jonathan Lara-Sánchez², Rodolfo Quintana-Castro¹, María Guadalupe Sánchez-Otero¹,
Carolina Peña-Montes², **Rosa María 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 fosfolipasas (PL) son enzimas con amplias aplicaciones en la industria química, de alimentos y detergentes. Son de especial interés aquellas que funcionan en condiciones extremas, como las producidas por los microorganismos extremófilos. *Brevibacillus thermoruber* HT42 es una bacteria termófila aislada de la zona geotérmica de Los Humeros, Puebla, México, ubicada en el cinturón volcánico transmexicano. El genoma de *G. thermoruber* HT42 fue secuenciado y en el análisis *in silico* se encontraron 4,117 genes de los cuales 157 (2%) codifican para hidrolasas de las subclases 3.1, 3.2, 3.3 y 3.4; cinco de ellos codifican para fosfolipasas de las clases A2 (PLA) y C (PLC). Se eligió la PLA para ser clonada y caracterizada en cuanto a su potencial aplicación biotecnológica. A partir de la secuencia del gen se diseñaron los oligonucleótidos iniciadores, se amplificó el gen por PCR y se clonó en el vector de expresión pET-22b y expresó en *Escherichia coli* BL21. Finalmente, se produjo y caracterizó la fosfolipasa PLA recombinante.

P16

BD583NS

Area: Arqueas

Descripción de dos posibles nuevos genomas de arqueas pertenecientes al filo Crenarchaeota reconstruidos a partir de metagenomas de suelos de El Tatio.

Description of two potential new archaea genomes belonging to the Crenarchaeota phylum reconstructed from El Tatio soils metagenomes.

Andres Santos^{5,1}, Jaime Martinez-Urtaza², Bernardita Valenzuela³, Pedro Zamorano³, Aurora Prado⁴, Leticia Barrientos^{5,4}

(1) Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Medicina, Universidad De La Frontera

(2) The Centre for Environment, Fisheries and Aquaculture Science (CEFAS), The Nothe, Barrack Road, Weymouth, UK

(3) Laboratorio de Microorganismos Extremófilos, Universidad de Antofagasta

(4) Laboratorio de Biología Molecular Aplicada; Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, Avenida Alemania 0458, Universidad de La Frontera

(5) Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Universidad de La Frontera

a.santos01@ufromail.cl

Las condiciones ambientales extremas del campo de geiseres de El Tatio, probablemente, han favorecido la adaptación de microorganismos de interés biotecnológico tales como bacterias y arqueas. Nuestro objetivo fue caracterizar dos genomas reconstruidos a partir de metagenomas (MAGs) de El Tatio, los cuales son potenciales nuevas especies de arqueas. Para ello, a partir de dos muestras de suelos adyacentes a una laguna expuesta a actividad geotérmica se extrajo ADN con el kit DNeasy PowerSoil (QIAGEN) el cuál fue posteriormente secuenciado en la plataforma Illumina NovaSeq 6000. El ensamblaje de los metagenomas se realizó con metaSpades 3.13.0, la reconstrucción de genomas se realizó usando CONCOCT 1.1.0 y el refinamiento de los bins se realizó con checkM 1.0.18. El análisis filogenético se realizó con Phylosift 1.0.5 y la anotación funcional se realizó con Prodigal2.6.1 y Gosth-KOALA. Se recuperaron un total de 46 MAGs, dentro de los cuales MAG-1 y MAG-2 fueron los de mejor calidad con una completitud y cobertura de un 94% - 24X y 85% - 27X respectivamente. Ambos MAGs fueron asociados al filo Crenarchaeota. Filogenéticamente MAG-1 se agrupó dentro del género *Sulfolobus* mientras que MAG-2 dentro del género *Pirobaculum*. A nivel de especie solo se alcanzó un 80 y 78 % de identidad con *Sulfolobus acidocaldarius* y *Pyrobaculum aerophilum*, respectivamente. En relación a la anotación funcional de MAG-1, se detectaron 3922 regiones codificantes, de las cuales un 16% está asociado con el metabolismo de aminoácidos, un 15% al metabolismo de proteínas y el 14% al metabolismo de carbohidratos. Para MAG-2, se obtuvieron 1379 regiones codificantes dentro de las cuales destaca el metabolismo de aminoácidos (15%), seguido por el metabolismo de proteínas (14%) y mecanismos de transporte (12%). Además, a nivel de enzimas detectadas, en ambos predomina la abundancia de proteasas y enzimas asociadas a la degradación de carbohidratos. Estos resultados permiten obtener una primera descripción genómica de dos potenciales nuevas especies de arqueas presentes. Además, estos son resultados preliminares de un gran conjunto de muestras que deben ser analizadas y que pueden entregar un mejor entendimiento de la funcionalidad de las arqueas presentes en este sector de El Tatio.

Beca CONICYT – Doctorado nacional –21171392; Projects NXR17-0003 and DI19-0079.

P01

HF247CR

Área: Biotecnología

Bioprospección de bacterias halófilas aisladas de Cuatro Ciénegas para la búsqueda de biocatalizadores

Bioprospecting halophilic bacteria isolated from Cuatro Cienegas Basin for biocatalysts

Rosa María Camacho Ruíz^{1,2}, Mariana Delgado García³

(1) Biotecnología Industrial, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco

(2) Biotecnología Industrial, Unidad Zapopan, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco

(3) Biotecnología, Campus Guadalajara, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey

rcamacho@ciatej.mx

Cuatro Cienegas Basin, located in the State of Coahuila Mexico, is a unique place considered a live museum of late Precambrian (800 million years). The study of this ecosystem has contributed to the understanding of origin of life, because Cuatro Cienegas preserves the history of microorganisms evolution from methanogenic bacteria to oxygen producer cyanobacteria. This ecosystem is considered as extreme environment because the low nutrients in the soil, especially phosphorus. Besides gypsum dunes are classified as saline or moderate saline soils. Unfortunately, the aquifer in Cuatro Cienegas has been overexploited and the ecosystem is in risk of extinction. With the aim to preserve a little sample of the great biodiversity of the site, we performed a bioprospecting of halophilic bacteria for biocatalysts production. We sampled gypsum dunes to isolate halophilic bacteria and we conserve the isolated strains for their future exploitation under Nagoya protocol. The search of halophilic biocatalysts is of great interest due to their possible application in low water systems. Strains were isolated by culture dependent approach using a selective saline medium (25% NaCl) and identified by 16S rDNA gene sequencing. A screening of hydrolases was performed by monitoring hydrolysis halo formation on selective media and three NaCl concentrations (1.4, 2.8 and 4.2M). Casein, trioctanoin, chitin, poly hydroxybutyric acid (PHB) and tributyrin were used for screening of proteases, lipases, chitinases, pHB depolymerases and esterases. Ten strains were isolated and identified, belonging to genera *Halobacillus*, *Marinococcus*, *Bacillus*, *Aidingimonas*, *Alkalibacillus* and *Aquisalibacillus*. The hydrolysis halo was visible for proteases, esterases and lipases in almost all strains. Some strains were able to grow in chitin and PHB but no halo was observed. Halo formation was observed even at 4.2 M of NaCl for proteases (*Halobacillus*, *Aquisalibacillus* and *Marinococcus*), esterases (*Halobacillus*, *Aidingimonas*, *Marinococcus* and *Halobacillus*) and lipases (*Aidingimonas* and *Bacillus*). On the other hand, all strains tested were able to produce proteases except *Bacillus*. The potential of halophilic bacteria isolated from Cuatro Cienegas to produce biocatalysts was revealed, promising strains were conserved in an international culture collection. We are really convinced that a small contribution to preserve this ecosystem is of great value.

Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco A.C.

P02

GD181NH

Área: Ecología Microbiana

Diversidad microbiana en un ambiente natural y extremadamente ácido: el río Amarillo, La Rioja, Argentina

Microbial diversity across a natural extremely acidic environment: the Amarillo river, La Rioja, Argentina

Cecilia Bernardelli¹, Francisco Massello¹, **Edgardo Donati**¹

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

donati@quimica.unlp.edu.ar

The Amarillo River is located in the Nevados de Famatina (La Rioja, Argentina) where La Mejicana mine operated between 1890 and 1925. The river is characterized by acidic reddish-yellow waters (pH~3) with high content of sulphate, metals and total dissolved solids (TDS). While the concentrations of these solutes decrease significantly downstream, pH value remains constant throughout the first 25 km. Therefore, the indigenous microbial community of the river has not only adapted to survive at extremely low pH but, also at high concentrations of metals and substantial temperature fluctuations. In this work, we sampled three points along the Amarillo River; we extracted the genomic DNA and used high-throughput amplicon sequencing to perform culture-independent survey of the prokaryotic and eukaryotic microbial communities' structure. Besides, we made batch enrichments cultures of the samples favouring iron oxidizing acidophilic microorganisms using Mac medium (Mackintosh 1978) pH 1.8 with FeSO₄·7H₂O (44.7 g.L⁻¹) with or without yeast extract (2 g.L⁻¹) The genomic DNA of the cultures was extracted and sequenced as well. Sequencing data was processed in R and the amplicon sequence variants (ASVs) were analyzed. The most abundant prokaryotic taxa of Amarillo River community belonged to the phyla Actinobacteria and Proteobacteria, while the eukaryotic community was dominated by *Gyoeerffylla spp.* We did not find atrend along the river; chemolithotrophic and heterotrophic iron/sulfur oxidizing bacteria, as well as, cold tolerant fungus were identified in all three sample points. Regarding the microbial composition of the batch cultures, the microorganisms selected were *Acidithiobacillus sp.*, *Alyciclobacillus sp.* and *Acidiphilum sp.* Surprisingly, the first two genera were not present in abundance in the samples. These results suggest us that classical culture-mediated techniques may select microorganisms that are not representative of the sample but typical of the medium composition and, hence, cautions should be taken when this method is used to characterize extremophilic microbial communities.

This work was partially supported by ANPCyT, PICT-2016-2535 and PICT-2015-0463 grants.

P03

FS111SH

Área: Ecología Microbiana

Aislamiento y caracterización filogenética de microorganismos biomineros en operaciones mineras activas del norte argentino

Isolation and phylogenetic characterization of biomining microorganisms from actual mine operations in northern Argentina

Agustina Amar², Camila Castro¹, Marcela Hipperdinger¹, Cristina Costa², Edgardo Donati¹

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

(2) Departamento de Radiobiología, Comisión Nacional de Energía Atómica

cmlcastro0@gmail.com

In the Argentinean province of Jujuy, mine operations involving extraction of silver, zinc and lead are currently carried out at Chinchillas mine. This new project is located in the Andean region at 4200 meters over the sea level, 40 km far from Pirquitas mine, an old mineral site that presents shallow acid mine drainages. Also, River Pircas that receives contribution from Pirquitas, presents acid mine drainages. The present work involved the isolation and phylogenetic characterization of biomining microorganisms from Chinchillas and Pirquitas. Samples 1, 2 and 3 were obtained from acid waters of Pirquitas. Samples 4 and 5 were collected from minerals of Chinchillas which consisted in very low-grade ore (0.2% zinc) and a dump ore (specially separated in stocks for its risk of acid drainage generation), respectively. The aim of this study was to identify naturally occurring bacteria with biomining activity, which could be used for biotechnological purposes such as bioremediation of acid mine drainages or bioleaching processes. Samples were enriched in 4 different selective liquid media for autotrophic and heterotrophic, both sulfur and/or iron oxidizers. Also, samples were enriched in the selective medium Postgate B for sulfate-reducing microorganisms (SRM). All the cultures were kept at 30 ° C for the isolation of mesophiles. Serial dilutions of enriched cultures with positive growth were transferred to solid media and incubated under the same conditions until single colony isolation. Single colonies with different morphologies were picked up, purified by repeated streaking on solid medium and finally colonies were transferred into fresh liquid medium. Molecular techniques were used to identify the isolated strains. CTAB extraction protocol was employed to isolate genomic DNA and the 16S rRNA gene was amplified by PCR, purified and sequenced using Macrogen services. The obtained sequences were subjected to BLAST homology search in order to identify the genus/species of the isolates. Only SRM were isolated from the dump ore of Chinchillas, while all the enrichments from Pirquitas presented significant growth of SRM, iron and/or sulfur oxidizing bacteria.

P04

SB781NJ

Área: Biotecnología

Una nueva peptidasa psicrófila: caracterización bioquímica y posibles aplicaciones biotecnológicas

A new psychrophilic peptidase: biochemical characterization and potential biotechnological applications

Franco Laureano³, Susana Castro-Sowinski^{1,2}, **Carolina Villadóniga**³

(1) Laboratorio de Enzimas Hidrolíticas, Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República

(2) Sección Bioquímica, Departamento de Biología Celular y Molecular, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República

(3) Enzimas Hidrolíticas, Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República

carolinav@fcien.edu.uy

Las peptidasas catalizan la hidrólisis de los enlaces peptídicos y participan en funciones esenciales en todos los organismos. Además, representan la mayor parte del mercado mundial de enzimas, con aplicaciones en la industria alimentaria, del cuero, de detergentes y farmacéutica. A menudo, el uso industrial de las peptidasas requiere que presenten alta actividad en condiciones extremas. Entre estas condiciones, se encuentran las enzimas activas en frío que presentan altos valores de constante catalítica (k_{cat}) a baja temperatura, y termo-labilidad que permite su inactivación a temperatura moderada. El objetivo de este trabajo fue caracterizar una peptidasa extracelular del aislado antártico *Flavobacterium* sp. cepa AU13, y evaluar su potencial biotecnológico. Esta enzima se identificó, mediante análisis de espectrometría de masas, como una proteína de 50 kDa con alta identidad con la epralisina de *Pseudomonas fluorescens* Pf0-1, una metalopeptidasa extracelular alcalina que pertenece a la subfamilia de la serralisina. Usando diferentes inhibidores, se comprobó que esta enzima es una metalopeptidasa. La actividad proteolítica fue máxima en un amplio rango de pH (pH 5-8) y mostró una temperatura óptima de 40°C, lo que sugiere que esta peptidasa extracelular es una enzima psicrófila. Los estudios preliminares indicaron que la enzima es resistente a la presencia de tensioactivos y oxidantes, sugiriendo un posible uso como aditivo en la formulación de detergentes. Además, esta enzima fue capaz de hidrolizar a las proteínas de la leche, una rica fuente de péptidos con actividad biológica. Actualmente estamos analizando si estos hidrolizados presentan péptidos capaces de inhibir a la enzima convertidora de angiotensina, que podrían tener un efecto antihipertensivo *in vivo* como ingredientes de un alimento funcional. Las características y desempeño mostrados por esta enzima justifican el interés en continuar estudiando su potencial como nueva fuente de peptidasas de interés biotecnológico.

P05

SD537KR

Área: Hongos

Caracterización de la virulencia *in vitro* del género *Pseudogymnoascus* de aislamientos antárticos

Characterization of *in vitro* virulence of *Pseudogymnoascus* genus from Antarctic isolates

Eldon Carlos Queres Gomes¹, Thamar Holanda Da Silva¹, Vivian Nicolau Gonçalves¹, Luiz Henrique Rosa¹

(1) Microbiology, Institute of Biological Sciences, Federal University of Minas Gerais

eldonqueres@gmail.com

Fungi represents a diverse big group of microorganisms with high adaptability to different conditions in polar environments. Different species of fungi were described in several substrates in Antarctic. Among them, the specie of *Pseudogymnoascus* (previously identified as *Geomyces*), *P. destructans* is the best known. Until now, *P. destructans* was reported at the maritime and continental Antarctic, being considered a psychrophilic and pathogenic fungus, which were able to reduce the population of bats through the White Nose Syndrome (WNS) in temperate regions of North America and Europe. To date, there is no information about the *in vitro* virulent potential of Antarctic *Pseudogymnoascus*. Therefore, *in vitro* studies for the virulence potential of *Pseudogymnoascus*, from Antarctic, and its possibility of dissemination have a great relevance. Within the Collection of Microorganisms and cells of UFMG (UFMGCB), *Pseudogymnoascus* isolates from different substrates were found, which were collected in the Antarctic Peninsula at several islands. The species Isolates identified as *Pseudogymnoascus*, which were selected to this work, were from the Collection of Microorganisms and cells of UFMG. Among them, UFMGCB 8532, UFMGCB 8562, UFMGCB 10378, UFMGCB 10381, UFMGCB 10386 and UFMGCB 10392 were able to growth at 28 °C, not yet reported so far, and at pH 4 (near vaginal pH), 7 (near human blood pH) and 9 (near intestinal pH). Moreover, Isolates were positive for esterase tests and haemolytic activity in blood agar beyond phospholipase activities, on YM agar containing egg yolk. All tests were performed at 28 °C with readings at 3, 7, 14 and 21 days. The results obtained so far, indicate that the virulence factors observed in the *Pseudogymnoascus* isolates might have relevance to people whose have a disturbed immune system, which leads to what great concern, considering Antarctic is the region of planet more affected by global climate change.

Sponsored by Coordenação De Aperfeiçoamento De Pessoal De Nível Superior – CAPES. CNPq, FAPEMIG, CAPES, INCT Criosfera, FDNCT

P06

MM353TM

Área: Biotecnología

Evaluación de la condición de alta presión hidrostática sobre la actividad de la reducción de sulfato en bacterias

Evaluation of high hydrostatic pressure condition on the activity of sulfate-reducing of bacteria

Antonio Alberto Ribeiro¹, Alexandre Martins Costa Santos¹, Elisângela Flávia Pimentel¹, Luiza Favarato Santos¹, Luiz Henrique Fonseca Dos Santos¹, Raquel Conceição Costa Pereira¹, Julia Santos Gonçalves¹, Daniel Alberton Haas², Rubens N. Akamine³, Patrícia Machado Bueno Fernandes¹

(1) Biotecnologia, Universidade Federal do Espírito Santo

(2) CENPES/PDEP/ER, PETROBRAS

(3) CENPES/PDEDS/BIO, PETROBRAS

aarfermandes@gmail.com

Souring in oil fields is caused by prokaryotes that dissimilate sulfate into sulfide. The petroleum processing industry is impacted by the biological production of sulfide representing one of the major challenges in the oil industry. Water injection is a common procedure used to pressurize the oil reservoir, directing oil and water to the production wells. Biological souring is positively impacted by produced water reinjection, which strongly increases the amount of available sulfate and volatile fatty acids. Bacteria can adapt to different conditions such as high hydrostatic pressure (HHP), extreme temperature, and the presence of a high concentration of inorganic compounds. However, insufficient scientific data relating to sulfate reduction and bacteria survival under high hydrostatic pressure (HHP) are available. This study intended to evaluate HHP survival and sulfate reduction of (i) a bacteria pool (BT0119) from the injection water; (ii) a stabilized mixture of sulfate-reducing bacteria (BT0419) sampled from Brazilian coast oil-producing well and (iii) an isolated *Desulfovibrio alaskensis* (BT0319). Samples were submitted to 5, 10 and 15 MPa for 30 min. The experiments were carried out under anaerobic conditions at 30 °C in Postgate C, a media that indicates sulfate reduction activity which was calculated according to the standards for pipeline corrosion monitoring (N-2785). To verify HHP impact, *D. alaskensis* (BT0319) was analyzed using atomic force microscopy (AFM). Microimages were generated with an SPM9600 Shimadzu microscope in non-contact mode, scanning at rates of 204 - 497 kHz resonant frequency. After 6 days of incubation, (BT0119) and (BT0419) samples submitted to HHP presented high sulfate-reducing activity. On the other hand, besides growth, no sulfate reduction activity was evident in BT0319. AFM images of *D. alaskensis* (BT0319) presented cell wall modifications after submission to HHP. Microbial metabolic processes may be influenced by high hydrostatic pressure what could justify the absence of reduction activity.

P07

TL346CH

Área: Hongos

Detección de hongos algicuosos asociados a algas sub-Antárticas

Detection of algiculous fungi associated of Sub-Antarctic macroalgae

Matheus Souto De Freitas¹, Maria Theresa Rafaela De Paula², Valéria Martins Godinho¹, Johanna Marambio³, Andrés Omar Mansilla³, Franciane Maria Pellizzari⁴, Luiz Henrique Rosa¹
(1) Microbiologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Universidade Federal de Minas Gerais

(2) Universidade Federal de Viçosa

(3) Universidad de Magallanes

(4) Universidade Estadual do Paraná

matheus.5011@hotmail.com

The province of Magallanes, located in South America, is one of the regions that makes up and characterizes the Sub-Antarctic area of the planet. Due to its unique standards, this region presents a high ecological singularity which determines differences in composition, richness and structure of macroalgae communities, which represent potential substrates for associated fungi communities. We detected the presence of filamentous fungi associated with seven sub-antarctic macroalgae collected in the region of Punta Arenas, Chile. 164 isolates of filamentous fungi were obtained, purified in marine agar medium (2% glucose). Of these, 29 were isolated from *Adenocystis* sp., 2 from *Durvillaea antarctica*, 43 from *Lessonia flavicans*, 26 from *Caepedium antarcticum*, 37 from *Macrocystis* sp., 14 from *Mazzaela laminaroides* and 13 from *Sarchothalia crispata*. All fungi obtained are in the identification phase by morphological and molecular techniques. These results suggest that sub-antarctic macroalgae act as substrate for poorly known algiculous fungal communities.

CNPq, CAPES, FAPEMIG, MCTIC, SECIRM

P08

TT691KC

Área: Hongos

Análisis funcional de un gen de policétido sintasa del hongo antártico *Pseudogymnoascus* sp. FAE27

Functional analysis of a polyketide synthase gene from the Antarctic fungus *Pseudogymnoascus* sp. FAE27

Pablo Villanueva¹, Vicente Oliva¹, Anai Diaz¹, Felipe Vega¹, Carlos Gil-Durán², Renato Chávez², Inmaculada Vaca¹

(1) Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile

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

pablo.villanueva@ug.uchile.cl

Los hongos filamentosos del género *Pseudogymnoascus* son frecuentemente aislados desde la Antártica. Los extractos de varias cepas antárticas de *Pseudogymnoascus* han mostrado poseer metabolitos secundarios con interesantes propiedades bioactivas. A pesar de ello, el metabolismo secundario de los hongos del género *Pseudogymnoascus* ha sido escasamente investigado. En nuestro laboratorio, estamos estudiando los metabolitos producidos por la cepa antártica *Pseudogymnoascus* sp. FAE27. En un trabajo previo, determinamos que el genoma de este hongo contiene nueve genes que codifican para enzimas policétido sintasas (PKS), entre ellos una PKS de tipo I que se denominó *gymB*. En este trabajo se realizó un estudio funcional preliminar del gen *gymB*, para lo cual se utilizó la técnica de atenuación génica mediante ARN de interferencia. Para esto, se construyó un plásmido apropiado para la atenuación del gen *gymB*, el cual se usó para transformar *Pseudogymnoascus* sp. FAE27. Se obtuvieron 20 cepas transformantes, de las cuales se seleccionaron 4 cepas que presentaron niveles disminuidos de transcritos de *gymB*. Los caldos de cultivo de estas 4 cepas fueron analizados y comparados con la cepa nativa mediante HPLC. La comparación de los perfiles obtenidos permitió identificar dos picos cromatográficos que estarían asociados a la expresión del gen *gymB*. Actualmente, estamos llevando a cabo la purificación e identificación de los compuestos asociados a estos dos picos cromatográficos. Ello contribuirá a realizar la primera descripción de un metabolito de tipo policétido y su *cluster* de biosíntesis en una cepa fúngica de origen antártico.

Financiado por el proyecto Fondecyt 1150894 y DICYT-USACH. C.G y V.O recibieron becas CONICYT-PFCHA/Doctorado Nacional/2014-63140056 y CONICYT-PFCHA/Doctorado Nacional/2018-21181056, respectivamente.

P09

KL647TP

Área: Astrobiología

Biological response of Archaea perchlororesistant *Halobacterium salinarum* NRC-1 in simulation to martian environment

Biological response of Archaea perchlororesistant *Halobacterium salinarum* NRC-1 in simulation to martian environment

Thays Bentes¹, Ângela Cristina Krabbe¹, Fabio Rodrigues²

(1) Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento, UNIVAP, Universidade do Vale do Paraíba

(2) Instituto de Química, USP, Universidade de São Paulo

bentesthays@gmail.com

This study produced fundamental knowledge for the understanding the limits of terrestrial life, emphasizing the extreme halophiles as the most likely candidates to survive on Mars. We subjected the archaea *Halobacterium salinarum* NRC-1 to increasing conditions of magnesium sulphate, sodium and magnesium perchlorate salts. Salt concentrations were compatible with those detected on Mars. *H. salinarum* NRC-1 showed growth in all the analyzed concentrations and, thus, this archaea species can be considered as an endophilic perchlororesistant species.

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES

P10

BJ121TC

Área: Ecología Microbiana

Comunidades termofílicas quimiosintéticas de Orca Seamount en el estrecho de Bransfield, Antártida

Chemosynthetic thermophilic communities from the Orca Seamount in the Bransfield Strait, Antarctica

Maximiliano J. Amenabar¹, Litzzy Martínez¹, Cristian Rodrigo^{2,3}, Jenny M. Blamey^{1,4}

(1) Fundación Científica y Cultural Biociencia

(2) Centro de Investigación Marina Quintay, Universidad Andrés Bello

(3) Geología, Facultad de Ingeniería, Universidad Andrés Bello

(4) Universidad de Santiago de Chile

mamenabar@bioscience.cl

Although the Antarctic climate is mainly cold, it is far from being uniform. Several areas with geothermal activity have been described in Antarctica including both terrestrial and marine settings such as those located in the Bransfield strait between the Antarctic Peninsula and the South Shetland Islands. The tectonic settings and geological characteristics of this strait have enabled the opening of the Bransfield Basin resulting in an active volcanism and hydrothermalism. The hydrothermal activity present in the Bransfield strait is associated to submarine volcanic edifices including Deception Island, an active stratovolcano where both terrestrial and marine geothermal sites are present, and the Orca seamount, an apparent inactive submarine volcano from where recent investigations have reported the presence of active hydrothermal fluxes and magmatic activity. The detection of these fluids is of paramount importance in Ocean Sciences and Environmental Microbiology, since it has been previously shown that seafloor hydrothermal activity has a great impact on the chemistry of the ocean, creating local environments characterized by redox gradients of inorganic compounds in conjunction with changing concentrations of soluble and insoluble substrates and thus affecting chemosynthetic microbial community compositions and activities. In addition, although the water from the Orca seamount is predominantly cold ($\sim -1^{\circ}\text{C}$), the presence of an active hydrothermal flux suggest that thermophilic microorganisms could be present in these sites, although probably not active in the environment. In order to study if these hydrothermal fluids are capable of supporting chemosynthetic microbial communities, a set of different redox active minerals [elemental sulfur, iron hydr(oxides)] and soluble compounds [ferric iron, thiosulfate, sulfate, and sulfite], commonly found in hydrothermal fluids, were used as inorganic electron acceptors for the enrichment of microorganisms from sediments collected from the inside and surrounding environments of the Orca seamount. Culturing at high temperatures ($>70^{\circ}\text{C}$) was performed to isolate (hyper)thermophilic microorganisms. Several thermophilic and hyperthermophilic enrichments were obtained. These microorganisms were capable of using different inorganic compounds as electron acceptors under heterotrophic conditions. The molecular and physiological characterizations of these (hyper)thermophilic microorganisms is presented here and discussed in context of the dynamic conditions present in the environment.

P11

FC784BP

Área: Biotecnología

Expresión en operón de dos genes codificando una carboxilesterasa y una proteína de función desconocida de *Geobacillus thermoleovorans* CCR11

Expression in operon of a carboxylsterase and an unknown function protein encoding genes of *Geobacillus thermoleovorans* CCR11

Graciela Espinosa-Luna¹, Abril Ramírez-Higuera¹, Carolina Peña-Montes¹, Rosa María Oliart-Ros¹

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

roliart@itver.edu.mx

Las enzimas hidrolíticas de los microorganismos termófilos son de interés biotecnológico debido a su capacidad para reaccionar en altas temperaturas sin desnaturalizarse. Además de su naturaleza catalítica ampliamente estudiada, se encuentra la función biológica que tiene la enzima para la célula. Se ha caracterizado una carboxilesterasa denominada CaesCCR11, expresada en forma nativa en el termófilo *Geobacillus thermoleovorans* CCR11 y el gen que la codifica ha sido clonado en *Escherichia coli* mediante el vector de expresión pET-3b. Con la secuenciación del gen *caescr11*, éste pudo ubicarse dentro del genoma de *G. thermoleovorans* KCTC 3570 y analizarse *in silico*, encontrándose que existe un posible promotor para un operón conformado de dos genes: uno que codifica una proteína de función desconocida (DUF) y el segundo la carboxilesterasa. Esta estructura operónica *caescr11/duf* está también presente en los genomas de *Geobacillus thermoleovorans*, *G. kaustophilus* y *G. thermodenitrificans*. La posible transcripción conjunta de estos 2 genes, así como el carácter hidrofóbico de ambas proteínas sugieren una acción enzimática cooperativa en respuesta al daño a la membrana. El objetivo de este trabajo fue demostrar la transcripción en operón de los genes codificando la proteína desconocida DUF y la carboxilesterasa CaesCCR11 a partir del mRNA extraído de *Geobacillus thermoleovorans* CCR11.

Sponsored by Conacyt; Tecnológico Nacional De México. Financiado por Conacyt y TecNM

P12

RF492HC

Área: Bacterias

Determinación de proteasas extracelulares e intracelulares de bacterias halófilas obtenidas de Huanquite y Acos, provincias de Paruro y Acomayo, Cusco

Determination of extracellular and intracellular proteases of halophyl bacteria obtained from Huanquite and Acos, Paruro and Acomayo provinces, Cusco

Milagros León¹

(1) Cusco, Ciencias Básicas, Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco

leonescobar.mi1112@gmail.com

Las bacterias halófilas son microorganismos que crecen en ambientes con alto contenido de salinidad. Son capaces de producir proteasas que son enzimas importantes que han permitido el avance en la industria alimentaria, industria química y en biomedicina. El objetivo del trabajo fue determinar la actividad de proteasas intracelulares y extracelulares de las bacterias halófilas aisladas de los manantiales salinos de los distritos de Acos y Huanquite. Para conseguir el objetivo se realizó una búsqueda de aquellas cepas bacterianas aisladas con actividad proteolítica, una vez encontradas, las cepas correspondientes crecieron en medio líquido SW a partir del cual se obtuvieron las proteínas extracelulares y luego las proteínas intracelulares. Se determinó la actividad semicuantitativa de las proteasas extracelulares e intracelulares y finalmente se cuantificó la concentración de proteínas de cada uno de los extractos crudos. Las cepas M3H159 y M3H1027 fueron las que mostraron actividad proteolítica cualitativa formando halos de actividad al hidrolizar la gelatina, en cuanto a su análisis semicuantitativo los extractos extracelulares e intracelulares hidrolizaron la gelatina contenida en el medio de cultivo. La cepa M3H159 mostró mayor diámetro de halo y fue la que obtuvo actividad proteasa extracelular e intracelular con 4,65 mm/ μ g de proteína y 18,9 mm/ μ g de proteína, respectivamente.

P13

CC228PJ

Área: Bacterias

Estudios en ambientes salinos de los Andes del departamento de Cusco (Perú): resultados actuales y perspectivas futuras

Studies in saline environments of the Andes of the department of Cusco (Peru): current results and future perspectives

Quispe-Ricalde Maria¹, José Luis Sierra², Cynthia Esquerre³, Rodolfo Vegas Niño⁴, Pilar Foronda⁵, Basilio Valladares⁵

(1) Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco

(2) Maestría en Ciencias mención en Ecología y Gestión Ambiental, Escuela de Postgrado, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco

(3) Departamento de Bioquímica, Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos

(4) Ciencias Agroindustriales, Facultad de Ciencias Agroindustriales, Universidad Nacional de Trujillo

(5) Departamento de Obstetricia y Ginecología, Pediatría, Medicina Preventiva y Salud Pública, Toxicología, Medicina Legal y Forense y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de La Laguna

antonieta.quispe@unsaac.edu.pe

El departamento de Cusco, en Perú, se encuentra en la vertiente oriental de la Cordillera de los Andes, comprende territorios de montaña y selva, con dos estaciones anuales bien definidas: una seca durante los meses entre abril y octubre y la otra de lluvias entre los meses de noviembre a marzo, con temperaturas promedio de 13° y 12° respectivamente. Durante la época de secas la temperatura tiene grandes variaciones, desde los 0°C hasta los 20°C; a diferencia de la época de lluvias cuyo promedio durante el día es 12°C. En general el clima es frío y seco. El grupo de investigación desde hace cinco años atrás viene realizando estudios para conocer la biodiversidad microbiana de los ambientes salinos, producto del mismo se han conseguido aislar e identificar por homología del gen ribosomal rRNA 16S, once géneros de bacterias halófilas: *Oceanobacillus*, *Halobacillus*, *Chromohalobacter*, *Rhodovibrio*, *Salicola*, *Halomonas*, *Arhodomonas*, *Ralstonia*, *Salinivibrio*, *Idiomarina* y *Staphylococcus*. Se tiene la secuencia del genoma de dos géneros y a través de los mismos se han identificado genes que probablemente puedan tener importancia por su aplicación biotecnológica. Los estudios también se han abordado desde la metagenómica ampliando la descripción de los géneros bacterianos presentes en los manantiales salinos del departamento de Cusco. El interés de aislar bacterias halófilas es la obtención de sus enzimas hidrolíticas y enzimas de óxido-reducción, para realizar ensayos de aplicación de acuerdo a la naturaleza enzimática que corresponda, uno de los mayores avances es el uso de péptidos bioactivos, así como la evaluación de las actividades hidrolíticas con altas perspectivas de uso en la industria.

Fondos Canon de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Proyecto Contrato N° 023-2018-UNSAAC. Convenio UNSAAC-CIENCIACTIVA.

P14

DN764JG

Area: Genómica y Evolución

Caracterización de una nueva alga de nieve Antártica: integración de enfoques filogenéticos, fisiológicos y transcriptómicos

Characterization of a new Antarctic snow algae: integration of phylogenetic, physiological and transcriptomic approaches

Francisca Gálvez^{4,1}, Monica Saldarriaga², Andrea Silva³, Iván Gómez^{4,5}, Pirjo Huovinen^{4,5}

(1) Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Ciencias, Universidad Austral de Chile

(2) Centro de Recursos Naturales y Sustentabilidad (CIRENYS), Universidad Bernardo

O'higgins

(3) Vicerrectoría Investigación Desarrollo y Creación Artística, AUSTRAL-omics, Valdivia, Chile, Universidad Austral de Chile

(4) Centro FONDAF de Investigación en Dinámica de Ecosistemas Marinos de Altas Latitudes (IDEAL), Ciencias, Universidad Austral de Chile

(5) Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Valdivia, Chile, Ciencias, Universidad Austral de Chile

(Sponsored by Dr. Iván Gómez Ocampo)

franciscaelizabethgalvez@gmail.com

Las algas de nieve son extremófilos capaces de colonizar la nieve y generar comunidades microbianas. Para conocer las especializadas estrategias que sustentan la adaptación de estos fotosintetizadores al extremo ambiente de nieve, en este estudio se aisló un alga de nieve, a partir de quistes colectados del Glaciar Collins (nieve roja), Isla Rey Jorge, Islas Shetland del Sur (62°10'5.41.2"S, 58°51'18.216"W), Antártica Marítima. La generación de zoosporas, permitió la identificación taxonómica de la cepa aislada. Mediante microscopía de luz y electrónica de transmisión se observaron células elipsoidales-cilíndricas, biflageladas, un plastidio parietal sin pirenoide y una papila discreta, características comunes del género *Chloromonas*, aunque el tamaño celular (6-12 µm) y la posición parietal del núcleo y la forma del cloroplasto, la distinguen de sus congéneres. Los análisis filogenéticos del gen nuclear *18S rRNA* y el gen plastidial *rbcL*, muestran que el alga de nieve forma un independiente linaje dentro del clado C, identificado previamente en filogenias de *Chlamydomonadales*. Dentro del clado C, el alga aislada es hermana a otras cepas Antárticas como *Chloromonas* sp. ANT1. Estos análisis corroboran que el alga en estudio es una *Chloromonas*. Comparaciones de modelos de estructura secundaria del marcador altamente variable ITS2 rDNA, muestran soporte para una identidad de especie distinta para la nueva alga aislada. Experimentos fisiológicos indican que esta alga es psicrófila, ya que crece sólo entre 2 a 10°C. Al exponerse a 20°C el fenotipo flagelado se pierde, el rendimiento cuántico máximo (Fv/Fm) disminuye un 50% a las 24 h y 100% a los 3 días. La sonda fluorogénica de cellROX indica células con estrés oxidativo, sólo a los 20°C. Estos resultados indican que la microalga aislada es un alga de nieve verdadera. El transcriptoma de esta alga a 2°C, presenta mayormente genes de respuesta al frío (ej. cpHSC70-1 y DGK2) y genes involucrados en la biosíntesis de ácidos grasos (ej. KCS5 Y C2F1). La presencia de genes fotosintéticos y de síntesis de proteínas revelan un activo metabolismo a 2°C. Este estudio representa un nuevo aporte al estudio de la biodiversidad de algas de nieve Antárticas y participa de la caracterización de las estrategias de aclimatación a ambientes extremos.

Proyecto INACH DG_12_19 y Beca Conicyt 21161303.

P15

MG363TF

Area: Biotecnología

Estudio comparativo de un consorcio microbio mineralizante adaptado a alcalinidad extrema y su aplicación generación de biomaterial

A comparative study of mineralizing microbial consortia adapted to extreme alkalinity and its application in biomaterial generation

Sabrina Marin¹, Sarah Olivares¹, María Vera¹, Vicente Zetola², Cecilia Demergasso¹

(1) Centro de Biotecnología Profesor Alberto Ruiz - CBAR, Universidad Católica del Norte

(2) Departamento de Gestión de la Construcción, Facultad de Ciencias de Ingeniería y Construcción, Universidad Católica del Norte

smarin@ucn.cl

The benefits of microbial induced mineralization for soil-stabilization and building-materials industries are under extensive investigation. The decrease of microbial growth under the extreme alkaline environment compatible with concrete sustainability has been the bottleneck for an effective application of Microbial Induced Carbonate Precipitation (MICP) in the concrete industry. Moreover, pH is an influential parameter on the desired CaCO₃ morphology. For example, vaterite is transformed to calcite at the pH ranges between 10 and 12. The key factors for an effective MICP process are pH, urease-activity (bicarbonate generation), number of nucleation sites (cells) and the calcium source and concentration. It has been reported that microbial consortia could be more robust in their resistance to environmental fluctuations than pure cultures. In addition, microorganisms isolated from alkaline environments could facilitate their adaptation to extreme alkalinity improving mineralization performance for future applications in the concrete industry. The aim of this study was to create microbial consortia using native microorganisms from extreme environments with the purpose to improve the ability to grow and to produce calcite by MICP under alkalinity conditions at pH > 12. Ten microbial samples with proven ureolytic activity were obtained from alkaline (pH > 8.5) lagoons, salt flats and soils from the Altiplano, Chile. We constructed four microbial consortia with the native microorganisms and the most-studied and best-performer ureolytic bacteria, *Sporosarcina pasteurii*. The adaptation to extreme alkalinity conditions from pH 8.5 to 12.5 was reached after seven months. Microbiota of the adapted pure cultures and consortia and the original samples were characterized by DGGE and 16S rRNA High Throughput Sequencing. New native ureolytic strains of *Sporosarcina*, *Bacillus* and *Lysinibacillus* species were identified. Growth-rate, urease activity, and biofilm formation were analyzed in the adapted cultures. We evaluated three different calcium sources for CaCO₃ precipitation and the generated CaCO₃ morphology was analyzed using X-Ray Diffraction and Scanning Electron Microscopy. One of the generated consortium showed a significant better adaptation and biomineralization performance under the studied alkaline conditions. Differences in the EPS composition and the CaCO₃ crystallization between the consortia and *S. pasteurii* were also evidenced.

FONDEF ID17110236: Desarrollo de un producto biotecnológico para la reparación de grietas en estructuras de hormigón.

P16

LD372RK

Area: Biotecnología

Análisis comparativo de la síntesis de nanopartículas CdS producidas por cepas silvestres y mutantes en un componente de la vía del c-diGMP de *Acidithiobacillus thiooxidans*

Comparative analysis of CdS nanoparticules synthesis by *Acidithiobacillus thiooxidans* wild type and c-di-GMP pathway mutant strains.

Javier Flores¹, José Perez-Donoso², Nicolas Guilliani¹

(1) Laboratorio de Comunicación Bacteria, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile

(2) BioNanotechnology and Microbiology Laboratory, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.

j.flores2213@gmail.com

Las nanopartículas semiconductoras fluorescentes o quantum dots (QDs) son estructuras bimetalicas que forman nanocristales de entre 2-20 nm, los cuales tienen la capacidad de absorber luz y emitir energía en forma de fluorescencia. El uso de bacterias extremófilas para la síntesis de estas nanopartículas genera nanomateriales con características únicas. Recientemente se ha descrito la biosíntesis de nanopartículas con bacterias del género *Acidithiobacillus*. Sin embargo, los mecanismos moleculares de síntesis aún son desconocidos. *At. thiooxidans* es una bacteria acidófila, quimiolitioautótrofa que obtiene su energía metabólica mediante la oxidación de compuestos reducidos de azufre. Como otras bacterias, *At. thiooxidans* utiliza el segundo mensajero diguanilato cíclico (c-di-GMP) para regular diferentes procesos celulares como la formación de biopelículas. En este trabajo, el objetivo principal fue comparar la síntesis de nanopartículas de cadmio mediada por diferentes de *At. thiooxidans* crecidas en azufre y tiosulfato. Se utilizaron cepas silvestre y mutante de la vía del c-di-GMP de *At. thiooxidans* las cuales, fueron crecidas con azufre elemental. Los cultivos fueron concentrados por centrifugación y luego las células fueron puestas en medio de síntesis ("buffer" fostafo, con cadmio y glutatión). La presencia de fluorescencia, indicador de la síntesis de nano partículas se observó en un transiluminador-UV y por microscopía de fluorescencia. Se utilizó el lector de placas Tecan (infinite M200PRO) para obtener los espectros de absorbancia y fluorescencia. Se observó síntesis con las células crecidas tanto en azufre como en tiosulfato, Además, la intensidad de fluorescencia fue mayor en la cepa silvestre comparado con la cepa mutante nula *Dpe/D* indicando una mayor síntesis. Mediante mediciones de absorbancia se determinó que la síntesis corresponde a nanopartículas CdS. *At. thiooxidans* silvestre y mutante son capaces de sintetizar nanopartículas fluorescentes de CdS. La diferencia de intensidad observada entre cepas silvestre y mutante abre nuevas posibilidades para el control de tamaño de las nanopartículas.

Financiado por FONDECYT 1160702 (NG) y 1151255 (JPD).

Sesión Póster 3 16h15-17h15 05/12/19

P01

FH282FC

Area: Biotecnología

Síntesis sustentable de nanopartículas de cobre utilizando bacterias del Antártica

Green synthesis of copper nanoparticles using Antarctic bacteria

Nidia Karina Torres¹, Banerjee Aparna², Muñoz-Ibacache Sebastián³, Villagra Evelyn^{1,4}, Blamey Jenny M.³, Cuadros-Orellana Sara^{1,4}

(1) Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

(2) Centro de Investigación en Estudios Avanzados del Maule (CIEAM), Vicerrectoría de Investigación y Postgrado, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

(3) Fundación Científica y Cultural Biociencia, Santiago, Chile.

(4) Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CenBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

nidia.torres997@gmail.com

Chile is one of the main copper producing countries in the world, and mining tailings and wastes with low-grade copper represent a valuable source for new biotechnological products. Copper nanoparticles, for instance, have attracted huge scientific attention due to its catalytic, electric, optical, photonic, textile, nanofluid, and antibacterial activity depending on the size and shape. The green synthesis of metal nanoparticles is an eco-friendly approach for synthesizing well-characterized metal nanoparticles. In this study, Antarctic bacterial isolates are used for synthesis copper nanoparticles (CuNP) using a green approach. Antarctic microorganisms are already reported to withstand extreme temperature, high solar UV radiation and different heavy metal stress. Six different Antarctic bacteria were isolated from different sources and geographical locations of Chilean Antarctica. Copper sulphate (5 μ M) was used for synthesis of CuNPs. Synthesis of CuNPs were confirmed using UV-Vis spectrophotometric peak around 300 nm. However, optimized CuNP synthesis was recorded with 1 μ M CuSO₄, as the solution changed from blue to dark brown precipitates. Collected CuNP pellets were subjected to scanning electron microscopy (SEM) coupled with electron diffraction spectrophotometry (EDS). Presence of CuNPs was again confirmed as the peak of Cu was detected through EDS experimentation. Further experimental analyses are needed to detect the dispersive nature and particle size of the CuNPs. Green synthesized metal nanoparticles are reported to have less cytotoxicity; hence, they may be studied for their different potential applications.

Keywords: Antarctic bacteria, Copper nanoparticles, Green synthesis, Nanoparticle characterization

Acknowledgements: AFOSR Grant #FA 9550-13-1-0089

Proyecto sin financiamiento, desarrollado gracias al apoyo de la Escuela de Ingeniería en Biotecnología de la Universidad Católica del Maule y al proyecto de la Dra Jenny M. Blamey AFOSR Grant #FA 9550-13-1-0089

P02

KR192SP

Area: Biotecnología

Aproximación microbiológica en ceniza y piedra porosa de las faldas del volcán mexicano Popocatépetl

Microbiological analysis of ash and stones from the mexican Popocatépetl volcano

Graciela Espinosa-Luna¹, Francisco Rafael Aguilar-Olguín¹, José Francisco Zameza-Mortera¹, Rosamaría Oliart-Ros¹

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

roliart@itver.edu.mx

El Popocatépetl es un volcán activo que se encuentra entre los límites de los estados de Puebla, Morelos y Estado de México. En la región del estado de Puebla en las coordenadas 19°04'49.7"N 98°33'21.6"W, en la zona conocida como Paso de Cortés, se tomaron muestras de ceniza y piedra volcánica. Las muestras fueron inoculadas en medio líquido LB e incubadas a 55 y 65 °C en agitación, hasta observar crecimiento. Cinco cepas termófilas fueron aisladas por resiembra, e identificadas molecularmente por amplificación y secuenciación del gen 16S RNA ribosomal: *Anoxybacillus caldyproteolitycus*, *Aeribacillus pallidus*, *Caldibacillus debilis*, *Geobacillus caldoxylosilyticus* y *Bacillus thermocopriae*. Actualmente se está analizando la presencia de enzimas de interés biotecnológico, así como el estudio de la diversidad a partir de metagenoma.

P03

LC266CR

Area: Arqueas

Evaluación de la toxicidad de bacterioruberina producida por una arquea halófila extrema *Haloterrigena* sp. cepa SGH-1.

Evaluation of toxicity of bacterioruberin, a carotenoid produced by the extreme halophilic archaeon *Haloterrigena* sp. strain SGH-1.

Nataly Flores¹, Ivan Neira², Alexandra Galetovic¹, Claudia Henríquez³, Michelle Aguirre³,
Mauricio Venegas¹, Benito Gómez-Silva¹

(1) Laboratorio de Bioquímica, Departamento Biomédico y CeBiB, Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Chile

(2) Tecnología Médica, Laboratorio de Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Chile

(3) Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Chile

alexandra.galetovic@uantof.cl

La cepa *Haloterrigena* sp. SGH-1 es una haloarquea extrema que produce mayoritariamente bacterioruberina (BR), una xantófila de color anaranjado rojizo. Este carotenoide posee alta capacidad antioxidante en comparación con los carotenoides de origen natural ampliamente usados (betacaroteno y astaxantina). BR es una molécula compuesta por 50 átomos de carbono con trece dobles enlaces conjugados y cuatro grupos hidroxilos terminales que le otorgan gran capacidad antioxidante, es biodegradable, con potenciales aplicaciones biotecnológicas en la industria farmacéutica, alimentaria y cosmética. Previamente a la aplicación biotecnológica de BR es necesario evaluar su toxicidad. En este trabajo se evaluó la toxicidad aguda de BR utilizando a *C. elegans* como modelo biológico. Este helminto es un organismo multicelular complejo, cuyo genoma ha sido completamente secuenciado, comparte 35% de su secuencia con los genes humanos, es versátil, con una razón de crecimiento alto, de bajo costo y de rápido análisis de toxicidad biológica. El extracto de carotenoides fue preparado a diferentes concentraciones (0,39 a 4,25 mg/mL). Los controles negativo y positivo fueron medio M9 e ivermectina a 3 mg/mL respectivamente. Un número de 10 nemátodos/pocillo fueron utilizados en los ensayos de toxicidad e incubados a 18°C por 24h en presencia de los carotenoides. Los nemátodos fueron clasificados como vivos (activos) o muertos (inactivos). A partir de estos datos podemos concluir que los carotenoides extraídos desde SGH1 no mostraron un efecto tóxico en *C. elegans* en el rango de concentración utilizado. Cabe mencionar que el antihelmintico ivermectina, usado como control positivo a 0,3 mg/mL, causó el 100% de muerte de los helmintos. Los carotenoides extraídos de la arquea SGH1 no son tóxicos en este modelo, pero deberían ser testados en otros ensayos toxicológicos para demostrar su potencial uso biotecnológico.

Financiado por proyectos Fondecyt Regular 1161007 y 1190892.

P04

HT637BR

Area: Biotecnología

Nuevas técnicas de tinción y análisis de imágenes para el estudio de biopelículas de microorganismos biolixiviantes

A novel staining technique and image analysis to study bioleaching microorganisms forming biofilms

Francisca Bugueño^{1,3}, Isaac Nuñez^{1,2}, Mario Vera^{1,3}, Timothy Rudge¹

(1) Instituto de Ingeniería Biológica y Médica, Escuelas de Ingeniería, Medicina y Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile

(2) Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Escuela de Ingeniería, Pontificia Universidad Católica de Chile

(3) Ingeniería Hidráulica y Ambiental, Escuela de Ingeniería, Pontificia Universidad Católica de Chile

fabugueno@uc.cl

Bioleaching is the oxidative solubilization of mineral species mediated by the action of microorganisms. Biomining biotechnologies use bioleaching microorganisms for extracting metals from low grade ores (Krebs et al., 2001). Bioleaching microorganisms are acidophiles which often form biofilms on the surface of metal sulfides. Several genera are described, being *Acidithiobacillus* and *Leptospirillum* the most studied ones up to date. Interaction studies between leaching microorganisms have great importance for influencing biomining processes, as well as for the development of leaching inhibition strategies. Synergic and mutualistic interactions have been described between acidophiles. A greater efficiency in the oxidation of pyrite in mixed acidophilic thermophilic cultures, compared to pure iron oxidizing cultures has been demonstrated (Okibe & Johnson, 2004). According to this background, the objectives of this work are to optimize microscopic methodologies to visualize bioleaching biofilms. This include evaluation of the viability of lipophilic membrane tracers for labeling acidophilic bacteria, to study attachment and biofilm formation in mixed cultures on pyrite, to optimize a quantification program based on image analysis and to evaluate co-localization between biofilm patterns of different species. Our methods comprise the optimization of membrane/DNA/protein specific dyes for cell labeling, imaging mixed species biofilms on pyrite by epifluorescence microscopy (EFM), and applying image processing and other computational methods to the EFM images, in order to determine number of cells attached and the relationships between attachment patterns of different species. In mixed culture experiments, it was founded that iron and sulfur oxidizers had highly similar colonization patterns, this was observed by EFM and CLSM. A positive correlation was found in comparison to random attachment. Current work is based on determining the number of images necessary for an statistical analysis. We hypothesize these interspecies physical interactions occur due to trophic requirements.

P05

FR645QN

Área: Biotecnología

Efecto del ácido cítrico en la estabilidad a la temperatura de c-ficoeritrina de la cianobacteria *Nostoc* sp. CAQ-15, aislada del bofedal de Caquena en el norte de Chile.

Effect of citric acid on the temperature stability of c-phycoerythrin from cyanobacteria *Nostoc* sp. CAQ-15, isolated from the Caquena wetland in northern Chile.

Gabriel Peña¹, Juan Cortes¹, Alexandra Galetovic^{1,2}

(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

juancortesgonzalez.96@gmail.com

La ficoeritrina es un pigmento presente en cianobacterias fotoautotróficas, esta cromoproteína permite la propagación de la energía de excitación al centro de reacción de clorofila presente en la membrana tilacoide. Por su naturaleza proteica este pigmento es sensible a la luminosidad, pH y temperatura, por lo cual es de interés conocer las óptimas condiciones para preservar su estabilidad y propiedades antioxidantes para consolidar su uso biotecnológico en la industria farmacéutica, cosmética y como colorante natural en la industria alimentaria. El objetivo de este trabajo fue evaluar la estabilidad a la temperatura de c-ficoeritrina de la cianobacteria *Nostoc* sp. cepa CAQ-15 en presencia de ácido cítrico. El ácido cítrico es un preservante efectivo, no tóxico y que no presenta un peligro para la salud de los consumidores. La biomasa de cianobacterias fue tratada enzimáticamente con lisozima 1 mg/mL a 37°C por una hora, el extracto fue sonificado, centrifugado y la c-ficoeritrina fue obtenida por precipitación con sulfato de amonio (0-35%). Luego fue purificada utilizando por cromatografía con una columna DEAE celulosa con un gradiente de NaCl y liofilizada. La c-ficoeritrina a 1 mg/mL y pH 6 fue expuesta a 4°, 25°, 50° y 80° C por una hora en presencia y ausencia de ácido cítrico 4 mg/mL. Posteriormente se evaluó la estabilidad del pigmento calculando su concentración espectrofotométricamente y su capacidad antioxidante utilizando el método de DPPH a 517 nm en las distintas condiciones experimentales. La c-ficoeritrina presentó mayor estabilidad con ácido cítrico a 4°C y a medida que aumentó la temperatura sufrió desnaturalización y por tanto pérdida de su actividad antioxidante. Los resultados preliminares mostraron que el preservante ácido cítrico no aumentó la estabilidad, como tampoco mantuvo las propiedades antioxidantes del pigmento a temperaturas sobre 50°C. Se evaluará el efecto del ácido cítrico y otros preservantes en alimentos lácteos a diferentes pH y mayores tiempos de exposición a las diferentes temperaturas con el fin de mejorar la estabilidad de ficobiliproteínas a altas temperaturas para evaluar su posible uso en la industria.

Semillero de Investigación 5305, Universidad de Antofagasta; CeBiB FB0001; Financiamiento Asistente de Investigación, VRIIP, Universidad de Antofagasta MINEDUC-UA (ANT1855 y ANT1856); NEXER.

P06

FD397SF

Área: Bacterias

Efecto de sales de litio y sodio en el contenido intracelular de glicina betaína en *Staphylococcus sciuri* cepa LCHXa

Effect of lithium and sodium salts on the intracellular content of glycine betaine in *Staphylococcus sciuri* strain LCHXa

Camila Nickol Salazar¹, Jorge Araya², Benito Gómez²

(1) Biomédico, Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta

(2) Tecnología Médica, Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta

nickolsalazar@gmail.com

Staphylococcus sciuri cepa LCHXa es una cococea Gram-positiva, coagulasa-negativa, resistente a novobiocina y tolerante a concentraciones molares de litio, aislada de Laguna Chaxa, Salar de Atacama Chile. El genoma de LCHXa tiene un tamaño de 3.013.090 pb, que consta de 2.551 genes con un contenido de guanina y citosina (GC) del 32,3% y un plásmido de 89 kb, aproximadamente. Un análisis *in silico* determinó que contiene 58 genes involucrados en las respuestas al estrés y 17 genes están directamente relacionados con la osmorregulación, principalmente en la biosíntesis y acumulación intracelular de glicina betaína (GB), un soluto compatible y probablemente su principal osmorregulador. La síntesis de GB requiere que en su medio de crecimiento esté presente el precursor colina. Los genes *gbsA* y *gbsB* codifican para las enzimas glicina betaína aldehído deshidrogenasa y alcohol deshidrogenasa, respectivamente. La producción de GB desde colina se realiza en dos pasos, cuyo proceso de oxidación utiliza estas dos enzimas para la biosíntesis de betaína. Por tanto los genes *gbsA* y *gbsB*, son clave para la biosíntesis de GB. LCHXa tiene 4 copias del gen *gbsB* y una del gen *gbsA*. Para evidenciar el efecto de las sales de litio y sodio, en la acumulación de GB intracelular en *S. sciuri* cepa LCHXa, se realizó un análisis mediante HPLC para identificar GB en extractos acuosos obtenidos de la cepa cultivada a diferentes concentraciones de sales: LiCl 1 M y 2 M y NaCl 1 M. En este estudio fue posible observar e identificar un aumento en las concentraciones intracelulares de GB en presencia de sal, lo que estaría corroborando nuestra hipótesis de que GB es probablemente el osmorregulador principal de LCHXa.

Financiado por Proyecto BASAL CEBIB y Proyecto SEMILLERO 5305-VRIP

P07

LP643JC

Area: Arqueas

Tolerancia de la arquea *Haloterrigena* sp. SGH1 a sales de magnesio y perclorato

Tolerance of *Haloterrigena* sp. strain SGH1 to magnesium and perchlorate

Nataly Flores¹, Benito Gómez-Silva¹

(1) Laboratorio de Bioquímica, Biomédico, Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Chile.

nataly.flores@uantof.cl

Los ambientes extremos de la Tierra imponen límites físicos y químicos a la Vida. El Desierto de Atacama ha sido sometido a alta desecación y radiación solar durante millones de años y se le considera un análogo del suelo marciano. Los análisis de la superficie de Marte confirmaron la presencia de sales oxidantes $3,3\text{mM Mg}^{2+}$, $2,4\text{mM ClO}_4^-$. Avances en la Microbiología de Atacama durante las dos últimas décadas muestran una sorprendente diversidad microbiana, aunque limitada en abundancia. Salar Grande es una cuenca endorreica rica en depósitos de sal, donde rocas de halitas son colonizadas por comunidades litobióticas no cultivables. El primer microorganismo aislado y cultivado se obtuvo de consorcios endolíticos en halitas. Este organismo es una arquea halófila extrema productora del carotenoide bacteriorrubrina, y fue identificada como *Haloterrigena* sp. SGH1. El perclorato es un agente químico altamente oxidante sobre la materia orgánica, y el magnesio, a altas concentraciones, es considerado un agente caotrópico. Ambos no permiten o disminuyen el crecimiento de una gran variedad de microorganismos. Los suelos de Yungay, en el núcleo hiperárido del Desierto de Atacama, contienen concentraciones de perclorato en concentraciones similares a las encontradas en los suelos de Marte. Este trabajo proporciona información bioquímica sobre la tolerancia de la cepa SGH1 a MgCl_2 , MgClO_4 y NaClO_4 . SGH1 fue cultivada durante 96 h en presencia de MgCl_2 (50-500 mM) y perclorato de sodio o magnesio (50-300 mM) en triplicado y se evaluó la tasa de crecimiento específica (μ) para cada condición. El cloruro de magnesio no afecta severamente μ , que disminuyó en un 25% cuando SGH1 es crecida a la máxima concentración usada (0,5 M). Así SGH1 es tolerante a este agente caotrópico, en presencia de NaCl 25% que actúa como un soluto cosmotrópico. Además, *Haloterrigena* sp. SGH1 crece en presencia de 150 mM MgClO_4 o NaClO_4 , en NaCl 25%, con una disminución de μ cercana al 40%, mientras que mayores concentraciones de perclorato inhibieron su crecimiento. La tolerancia a altas concentraciones de perclorato y sales de magnesio por *Haloterrigena* sp. SGH1, proporciona una nueva visión de las adaptaciones bioquímicas de este extremófilo de Atacama, con importantes implicaciones metabólicas y astrobiológicas.

Financiamiento: CONICYT, Proyecto Basal CeBiB FB-0001

Semillero de Investigación Universidad de Antofagasta (SI-5305)

P08

CM166NB

Area: Ecología Microbiana

Diversidad de microorganismos del ciclo del N en depósitos de un gradiente altitudinal del Norte de Chile

Diversity of microorganisms of the N cycle in deposits of an altitudinal gradient of Northern Chile

Saba Martínez¹, Felipe Manque¹, Meneses Daniela¹, Cristina Dorador^{2,1}

(1) laboratorio de complejidad microbiana y ecología funcional, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, CL

(2) Centre for Biotechnology and Bioengineering, (CeBiB), Santiago, CL

(Sponsored by Cristina Dorador Ortiz)

sabalmendra@gmail.com

El norte de Chile presenta múltiples depósitos de nitratos y otras fuentes de nitrógeno las cuales se diferencian por su origen y ubicación geográfica. Además, las condiciones de aridez han permitido la conservación en el tiempo de estos depósitos. Particularmente en la costa existen depósitos de guano producido por aves costeras (urea, amonio), en el Desierto de Atacama hay extensos depósitos de nitrato de sodio (caliche) y en el Altiplano, el ciclo biogeoquímico del N se encuentra activo en salares de altura. El ciclo del N consiste de distintos pasos de oxidación y reducción realizados por Bacterias y Archaeas, existen pocos estudios sobre las comunidades microbianas relacionadas a este ciclo específicamente en el guano costero y en depósitos de nitratos del Desierto. En este contexto, este trabajo busca entender la diversidad microbiana cultivable desde depósitos de guano de la Península de Mejillones y de caliche en oficinas salitreras de la Región de Antofagasta. Las bacterias fueron cultivadas en medio mineral con amonio como fuente de energía y en medios minerales con acetato como fuente de carbono y energía. Los microorganismos se identificaron a través de la secuenciación del gen 16S rRNA y del gen funcional *amoA* desde los cultivos de enriquecimiento. Resultados preliminares muestran que en el caso de salares se ha detectado la presencia del género *Nitrosomonas* en cultivos de enriquecimiento. En el caso de muestras de caliche y suelos del Desierto, se ha detectado bacterias del *phylum Actinobacteria* y *Firmicutes* que estarían relacionadas con el proceso de desnitrificación.

FONDECYT N°1181773 Dra Cristina Dorador y CEBIB FB0001.

P09

KD639JC

Area: Ecología Microbiana

Identificación y caracterización fenotípica y genotípica de amebas de vida libre en el desierto de Atacama

Identification and phenotypic and genotypical characterization of free life amebas in the Atacama desert

Alexander Pérez¹, Camila Nickol Salazar¹, Leyla Asserella¹, Daniela Zavala¹, Benito Gómez Silva¹, Jorge Araya Rojas²

(1) Biomédico, Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta

(2) Tecnología Médica, Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta

nickolsalazar@gmail.com

Las amebas de vida libre (AVL) son un grupo de protozoos unicelulares ampliamente distribuidos en la naturaleza. En la actualidad se les conoce como amebas anfitriónicas, ya que en su fase de vida libre, juegan un papel muy importante en el control biológico de las poblaciones bacterianas y, en situaciones apropiadas para su invasión, pueden causar patologías en varias especies animales incluyendo a los seres humanos. Hoy en día, se desconoce la distribución de estos protozoos en ambientes extremos, como el desierto de Atacama. En consecuencia, este proyecto tiene como objetivo conocer la distribución de géneros y especies de estos organismos en este entorno, con fines de proyección biotecnológica. Para la obtención e identificación de AVL se tomaron muestras del Desierto de Atacama de diferentes sectores de suelo, sedimento y agua; las que fueron procesadas y analizadas para evaluar su presencia y crecimiento. De ellas se aislaron quistes y/o trofozoitos, las que luego de varios trasplantes en Medio ANN sólido fueron aisladas y mantenidas para su identificación fenotípica y genotípica, de acuerdo a la Clasificación de Pussard y Pons. Mediante la metodología de PCR se logró identificar genotípicamente especies de AVL de importancia para aplicaciones biotecnológicas. Estos resultados mostraron la presencia de amebas del género *Acanthamoeba* spp. las cuales representaron una mayor frecuencia respecto a otros géneros presentes en las muestras obtenidas.

CeBiB proyecto Basal y Semillero 2019 Universidad de Antofagasta.

P10

LG283LQ

Área: Astrobiología

PlantSat: un esfuerzo preliminar para explorar la posibilidad de tener un ecosistema autónomo y autosuficiente en un Cubesat

PlantSat: A preliminary effort to explore the possibility of having an autonomous self-sustained ecosystem in a Cubesat

Elias Obreque¹, Marcos Andrés Díaz¹

(1) Departamento de Ingeniería Eléctrica, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile

mdiazq@ing.uchile.cl

PlantSat is a project to study the behavior of Tillandsias in space by using a standardized nanosatellite, or Cubesat, of 3 liters in volume. Tillandsias are aerophytes plants which makes it a good candidate for space transportation and grow in harsh environments. A successful strategy for the colonization of space must be designed in a self-sustained manner. Many of the activities in a hypothetical colony cannot depend only on the supplies brought from Earth. Although, astonishing breakthroughs in cultivating in space have been achieved in the international space station, the next step is to maintain autonomous ecosystems but in more hostile space conditions, similar to the conditions present in the Moon or Mars. Ecosystems are critical for multiple activities such as oxygen production, water filtering, energy generation, among others. In this presentation we summarize the grounds in which the PlantSat is based as well as the technical details of the Cubesat. The satellite will carry at least two types of Tillandsias: *Tillandsia landbeckii*, endemic from Atacama Desert, and *Tillandsia ionantha*, from North America. The PlantSat is schedule to be in orbit in the second quarter of 2020. The launch will from New Zealand and will delivered in an electron rocket form the Rocket Lab company. We also describe the satellite operation in order to isolate variables and properly identify the plant response to each space variable. We also discuss how the technology used for sustain Tillandsias in Cubesats can be also used to perform other research related to study the response to space environment of other biological subjects found in hostile environments here on Earth.

P11

RJ536TR

Area: Ecología Microbiana

Estrés caotrópico para la vida microbiana en salmueras: Pozas de Litio del Salar de Atacama, Chile

Chaotropic brines stress of microbial life: Lithium ponds of Salar de Atacama, Chile

Carolina F. Cubillos^{1,2,3}, A. Paredes⁴, C. Yáñez⁵, J. Palma⁶, E. Severino^{1,3}, D. Vejar^{1,3}, M. Grágeda², C. Dorador^{1,3}

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

(2) Centro de estudios avanzados de Litio y Minerales Industriales (CeLiMIN), Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

(3) Centro de Biotecnología y Bioingeniería, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

(4) Laboratorio de Química Biológica, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

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

(6) Departamento de Ciencias de los Alimentos, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

ccubillosleon@gmail.com

Salar de Atacama is known as the largest third 'playa' saltflat of the world exhibiting the highest lithium concentrations in average (1500 ppm). Moreover, Chile is the leading producer of lithium compounds at worldwide level. The favourable environmental condition exhibits in this salar allow the obtaining of lithium carbonate on an industrial scale, profitably. The first stage of this mining process begins with concentrations of natural brines in lithium (0.7% of Lithium) until to obtain lithium concentrated brines (5.8% of Lithium) by solar radiation and evaporation. Currently, the lithium concentrated brines of Salar de Atacama have been widely characterised from chemical and economical perspectives, but their biology and microbiology has not been considered.

The aim of this study was to obtain microbial isolates from extreme hypersaline lithium-enriched ecosystem (11.7 M LiCl) at the last stage of process of evaporation ponds. These brines were biological and chemically characterized and heterotrophic medium Luria Bertoni Broth (LB) was used for enrichment and isolation culture. Furthermore, the microbial growth were evaluated at different conditions, such as temperature (20-45°C), pH (2-9), NaCl (0-4.2 M), lithium concentrations (0-7.2 M Lithium); the isolates were identified according to their 16S rRNA gene sequences and its fatty acid composition. It was obtained two bacterial isolates able to grow in presence of lithium (up to 1.44 M Li) and were classified as *Bacillus* sp. strain LIBR002 and *Bacillus* sp. strain LIBR003. Furthermore, both isolates exhibited differences at morphology of the colonies and fatty acids profile, but with high concentrations of membrane unsaturated fatty acids (C14:1). This study has revealed that even at such extreme salinities with high concentrations of LiCl (chaotropic solutes), scope for microbial life exists.

Financiamiento: Beca Doctorado Nacional CONICYT-21140165; FONDECYT 1181773; Centro CeBiB FB001; NEXER MINEDUC- Universidad de Antofagasta ANT1856.

P12

ND652BF

Area: Biotecnología

Aislamiento de bacterias psicrófilas desde el Glaciar Unión (Antártica) y uso de pigmentos antárticos en celdas solares de tercera generación

Isolation of psychrophilic bacteria from Union Glacier (Antarctic) and use of Antarctic pigments in third-generation solar cells

Jessica Liliana Campo¹, Maria De Los Ángeles Cabrera ¹, Carolina Arriaza-Echanes¹,
Giovanna Anziani-Ostuni ¹, Carolina Quezada ¹, José Manuel Pérez-Donoso ¹
(1) Ciencias Biológicas, Facultad de ciencias biológicas, Universidad Andrés Bello

jek2908@gmail.com

El Glaciar Unión es una base de investigación chilena inaugurada en el año 2014, se encuentra en pleno círculo polar antártico y posee un área total de 2561 km². Este excepcional lugar posee una de las tasas de intervención más bajas, posicionándolo como el lugar ideal para el estudio de microbiota endémica y sus respuestas a condiciones extremas, como la exposición constante a la radiación UV. Parte de los mecanismos microbianos más estudiados para protegerse contra la radiación UV implican combatir el estrés oxidativo, mediante modificaciones al ADN y generación de moléculas antioxidantes. La síntesis de carotenoides representa uno de estos mecanismos, que se ha descrito previamente en bacterias antárticas peninsulares, pero no en microorganismos provenientes del Glaciar Unión. En nuestro laboratorio hemos descrito por primera vez el aislamiento de bacterias psicrófilas desde esta base (GU) y la síntesis de carotenoides a bajas temperaturas. Se lograron aislar un total de 13 bacterias en medio mínimo R2A a 4 °C, se caracterizó su temperatura óptima de crecimiento y se identificaron sus capacidades bioquímicas mediante kit API 20 NE. Ocho de los aislados poseen capacidad de generar pigmentos a 10 °C, y sólo se logró la extracción exitosa a tres de ellos. Basados en la espectroscopía UV-VIS de los pigmentos de los aislados GUM 10 A (rosa), GUM 13 B (anaranjado) y GUM 10 A (30) (rojo), se determinó la presencia de peaks de absorción máxima entre los 400 y 500 nm, lo que corresponde por literatura a los enlaces dobles conjugados típicos de carotenoides. Se incorporaron los pigmentos como fotosensibilizadores en celdas solares tipo Grätzel y sus parámetros fotovoltaicos fueron determinados: voltaje de circuito abierto (Voc), densidad de corriente (Isc) y eficiencia (η). Los resultados obtenidos validan el uso de estos pigmentos producidos por bacterias extremófilas del Glaciar Unión como fotosensibilizadores en celdas solares, captando los fotones de la luz solar para la generación de electricidad.

Este trabajo fue financiado por los proyectos Fondecyt 1151255 (JMP-D), INACH RT-25_16 (JMP-D) y la beca Doctorado Nacional CONICYT 21171644 (01/31/2017).