



**ucm**  
UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

**INIA**  
Instituto de Investigaciones Agropecuarias

# Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

LIBRO DE RESÚMENES

III Versión, Talca, Chile – 6, 7 y 8 de septiembre de 2021

IV Versión, Talca, Chile – 27 y 28 de septiembre de 2022

V Versión, Talca, Chile – 11 y 12 de octubre de 2023

## LIBRO DE RESÚMENES



# Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## EDITORES

Jean Franco Castro Figueroa  
Sara Cuadros Orellana  
Ana Díaz Valenzuela

III Versión, Talca, Chile – 6, 7 y 8 de septiembre de 2021

IV Versión, Talca, Chile – 27 y 28 de septiembre de 2022

V Versión, Talca, Chile – 11 y 12 de octubre de 2023

Edición técnica y diagramación  
Jean Franco Castro Figueroa  
Sara Cuadros Orellana  
Ana Díaz Valenzuela

Revisión general de contenidos  
Jean Franco Castro Figueroa  
Sara Cuadros Orellana  
Ana Díaz Valenzuela  
Orietta Dennett Gómez

Diseño  
Horizonte Comunicaciones

Registro de propiedad intelectual  
ISBN: 978-956-6067-84-9

Primera edición digital: septiembre 2024

Citar este documento como:

Castro, J. F., Cuadros-Orellana, S. y Díaz, A. (2024). *Libro de Resúmenes Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos, años 2021, 2022 y 2023*. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule.

Todos los derechos de este libro están reservados y se permite la copia, reproducción, distribución, comunicación pública de la obra, parcial o total, con fines académicos, citando la fuente. No permite generar obra derivada ni utilizarla con fines comerciales.

Talca, Chile



## Comité Organizador

### Coordinación General

Sara Cuadros Orellana – UCM  
Jean Franco Castro Figueroa – INIA Quilamapu  
Ana Díaz Valenzuela – UCM

Miguel Muñoz Flores – UCM  
Lorena Barra Bucarei – INIA Quilamapu  
Rodrigo Díaz Cea – INIA Quilamapu  
Jorge Carrasco Fernández – INIA Quilamapu  
Matías Guerra Peñaloza – INIA Quilamapu  
Javiera Ortiz Campos – INIA Quilamapu

## Comité Científico

### Coordinación científica

Matías Guerra Peñaloza – INIA Quilamapu

### Revisores

Matías Guerra Peñaloza – INIA Quilamapu  
Jorge Carrasco Fernández – INIA Quilamapu  
Sara Cuadros Orellana – UCM  
Jean Franco Castro Figueroa – INIA Quilamapu



UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

**UCM**



Instituto de Investigaciones Agropecuarias

## TABLA DE CONTENIDOS

### PREFACIO 9

### RESÚMENES III SIMPOSIO DE VALORACIÓN Y CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS MICROBIANOS, 2021 10

#### Colecciones de Microorganismos presentes en el INTA, Argentina 11

*Perticari, A., Arneodo, J., Asselborn, M., Baldone, V., Barrera, V., Brihuega, B., Cagliore, P., Carrasco, F., Campos, P., Ceron Cucchi, M., Chimeno, V., Combina, M., Faggioli, V., Fiorentino, A., Iglesias, J., Marcellino, R., Mercado, L., Neder, V., Paolicchi, F., Pécora, A., Pedraza, M.V., Pérez Brandán, C., Pertile, C., Poo, J., Posadas, J., Puente, M., Salazar, V., Sarmiento, N., Sauka, D., Soria, M., Valdez, J., Valetti, L. y Verna, A.*

#### Colección de fitopatógenos de cultivos hortícolas. Acrónimo: LJC 12

*Valdez, J.G. y Caligiore Gei, P.F.*

#### Banco de Germoplasma de Hongos Micorrícicos Arbusculares de la Región de Valparaíso 13

*Aguilar-Paredes, Ana, Avila, G., Sabaini, C. y Aguilar-Paredes, Andrea*

#### Aislamiento y caracterización de hongos nematófagos de la región del Maule, Chile 14

*Ortiz-Campos, J., Barra-Bucarei, L., Parra, K., Parra, P. y Barrera, I.*

#### Posibles actinomicetos presentes en los sedimentos de la Fosa de Atacama con potencial actividad fungicida 15

*Sandoval-Vargas, D., Jara, C., Razmilic, V., Asenjo, J.A. y Andrews, B.*

#### Microorganismos, biogeoquímica y clima en un Salar de altura del Altiplano chileno: inferencias en un escenario de calentamiento global 16

*Paquis, P., Hengst, M.B., Florez, J., Tapia, J., Molina, V., Dorador, C. y Eissler, Y.*

#### Isla Livingston, Antártida: reservorio de bacterias adaptadas al frío productoras de enzimas hidrolíticas 17

*Rubiano-Labrador, C., Acevedo-Barrios, R., García-Lázaro, A., Ward-Bowie, L., Tamara-Acosta, A. y Mercado-Molina, B.*

#### Bioprospección de actinobacterias asociadas con la rizosfera de Lupino del Desierto de Atacama 18

*Marchant, F., Asenjo, J.A. y Andrews, B.*

#### Identificación de *Gnomoniopsis smithogilvyi* causando pudrición marrón en frutos de post cosecha de castaño (*Castanea sativa* Mill.) y reclasificación de *Phomopsis castanea* como agente causal de la enfermedad en Chile 19

*Muñoz-Reyes, V., Cisterna-Oyarce, V., Carrasco-Fernández, J., Castro, J.F., Santelices, C., Millas, P., Buddie, A. y France, A.*

#### Eficacia de moléculas cúpricas y agentes biológicos para el control de *Xanthomonas campestris* causante de la "mancha bacteriana" en pimiento (*Capsicum annuum* L.) 20

*Franco-Gasia, I., Hernández-Aguilera, V., Paredes, T., Bocanegra, G. y Rodríguez-Leo, C.*

Bacterias solubilizadoras de fosfato aisladas desde plantas nativas del altiplano chileno y su potencial uso como bioestimulante en cultivos de trigo (*Triticum aestivum* L.) **21**

Guerra, M., Carrasco-Fernández, J., Castro, J.F., Matus, I., Castillo, D., Morales, A., Muñoz-Reyes, V., Hirzel, J., Meier, S. y Panichini, M.

Caracterización de la microbiota rizosférica asociada al cultivo de aguacate (*Persea americana*), posterior a la aplicación de productos microbianos multiespecie **22**

Rodríguez-Leo, C., Hernández-Aguilera, V., Franco-Gasia, I., Paredes, T., Ruiz, G. y Bocanegra, G.

Inoculantes nativos de agroecosistemas de cacao (*Theobroma cacao*) y su efecto en el crecimiento de plantas en vivero **23**

Bartra-Rivera, W., Rojas-Mego, K., Velazco-Castro, E., Panduro-Tenazoa, N., Gárate-Díaz, H., Bazan-Albitez, R., Cárcamo-Lucana, J. y Sieverding, E.

Aislamiento y caracterización de bacterias promotoras del crecimiento vegetal desde *Fragaria chiloensis* y evaluación *in vivo* con *Fragaria × ananassa* var. Albión **24**

Cares-Gatica, D., Ortiz-Campos, J., Guerra, M., Carrasco-Fernández, J., Barra-Bucarei, L. y Castro, J.F.

Identificación y caracterización de cepas bacterianas aisladas desde *Drimys winteri* (canelo) establecido en condiciones de cultivo *in vitro* **25**

Pino, V., Fontaine, L., Altimira, F. y Rubio J.

## RESÚMENES IV SIMPOSIO DE VALORACIÓN Y CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS MICROBIANOS, 2022 **27**

Evaluación de un método sencillo para la conservación de aislados fúngicos a medio plazo **28**

Cambra-González, N., Alonso-Núñez, A. y Redondo-Fernández, V.

Análisis metataxonómico de la comunidad de bacterias en suelos de la cordillera occidental en un gradiente altitudinal del Valle del Cauca, Colombia **29**

Reyes-Ardila, W., Eduardo-Muñoz, J. y López-Álvarez, D.

Microorganismos de microbialitos modernos de lagos y lagunas del Salar de Atacama y Torres del Paine y su potencial uso biotecnológico **30**

Cotoras, D., Viedma, P. y Osman, J.

Metabarcoding en hongos de suelo de tres ecosistemas diferentes de la cordillera Occidental del Valle del Cauca, Colombia **31**

Duque-Zapata, J.D., Muñoz-Florez, J.M., Velez-Martinez, G.A., Reyes-Ardila, W., Rugeles-Silva, P.A. y Lopez-Álvarez, D.

Reconstrucción de nuevos genomas bacterianos a partir de metagenomas de sedimento del Pacífico colombiano **32**

Gil-Ordóñez, A., López-Álvarez, D. y Castillo, A.

Identificación de lipopéptidos antifúngicos producidos por *Bacillus* spp. por el método qPCR **33**

Kanazawa, S., Gini-Álvarez, A., Martínez, M., Viveros A., Núñez A., Sarmiento, M., Acuña, A. y Arrua, A.

Microbioma del suelo y su asociación con las comunidades vegetales del ecosistema mediterráneo de Chile Central en el Parque Nacional La Campana **34**

Quinteros-Urquieta, C., Pierre Francois, J.P., Orellana, R., Saavedra, F., Aguilar, P., Aguirre, Y., Hernández, P., Ramírez, P. y Molina, V.

Análisis bioinformáticos de proteínas expuestas a ambientes ácidos en la clase *Acidithiobacillia* **35**

Rivera-Derpich, D., González, C. y Holmes, D.S.

Genomic mechanisms shape acidophilic lifestyle in the *Acidithiobacillia* class **36**

González-Rosales, C., Vergara, E., Dopson, M., Valdés J. y Holmes, D.S.

Implementación de una colección peruana de cepas de *Burkholderia sensu stricto* con potencial biotecnológico en agricultura **37**

Valdez-Nuñez, R.A., Ramos-Luna, L.C., Sandoval-Vergara, A.N., Chávez-Galarza, J.C. y Bena, G.

Caracterización taxonómica y diferencias ecológicas de las bacterias del suelo en ecosistemas terrestres del Valle del Cauca, Colombia **38**

Velez-Martinez, G.A., Muñoz-Florez, J.E., Rugeles-Silva, P.A. y Lopez-Alvarez, D.C.

Estudio *in vitro* de cepas nativas de *Trichoderma* spp. de Paraguay aislados de frutilla, como agentes de control biológico de *Fusarium* sp. **39**

Marchuk, C., Gini-Álvarez, A. y Arrua, A.

Metagenómica de la rizósfera de *Fragaria chilensis* para la identificación de nuevos genomas bacterianos **40**

Farkas, C., Castro, J.F., Guerra, M. y Carrasco-Fernández, J.

Control biológico de enfermedades de plantas en México mediante el uso de recursos microbianos **41**

Quiñones-Aguilar, E.E., Payan-Almaza, J.D., Ríos-Sandoval, M., Solís-Sánchez, G.A., Ibarra-Rivera, G., Candelas-Delgado, I.A., Evangelista-Martínez, Z., Enríquez-Vara, J.N., López-Pérez, L. y Rincón-Enríquez, G.

Evaluación de sustratos para generar propágulos de micorriza arbuscular de Chile central a partir de distintos suelos **42**

Quintana-Valdés, E., Silva-Flores, P., Guzmán-Godoy, V., Cabrera-Ariza, A. y Santelices, R.

Evaluación de bacterias resistentes a mercurio aisladas a partir de ecosistemas amazónicos afectados por minería de oro **43**

Cardona, G.I., Escobar, M.C., Acosta-González, A., Niño-García, J.P. y Marqués, S.

El mucílago de *Opuntia ficus-indica* y extracto de *Stevia rebaudiana* como protectores al ataque de *Penicillium digitatum* en frutos de *Citrus sinensis* **44**

Betancourt-Muñoz, F. y Chico-Ruiz, J.

## RESÚMENES V SIMPOSIO DE VALORACIÓN Y CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS MICROBIANOS, 2023 **46**

Importancia de la preservación y la identificación de microorganismos fitopatógenos: descubrimientos y avances **47**

Millas, P., Castro, J.F., Cisterna-Oyarce, V., Muñoz-Reyes, V. y Carrasco-Fernández, J.



- Los microorganismos como fuente de innovación, estudiados mediante IA y bioinformática **48**  
*Salinas-Arenas, M.*
- Remediación integral de metales pesados utilizando lodos geotermales **49**  
*Gallicet, M.*
- Panorama de la producción de polihidroxicanoatos a partir de sustratos de bajo costo por *Cupriavidus necator* **50**  
*Ascencio, M.*
- Diversidad y aplicaciones de hongos micorrícicos en Chile central **51**  
*Silva-Flores, P.*
- Prospección de diversidad viral en ambientes termales del Maule **52**  
*Jara-Gómez, J. y Cuadros-Orellana, S.*
- Reconstrucción metabólica de la cepa LH1 y análisis del pangenoma de *Alicyclobacillus acidocaldarius* **53**  
*Fuentes, F., Flores, J., Moraga, F., Ortega, D. y Cuadros-Orellana, S.*
- Plataforma de Clasificación Celular y Secuenciación: Proyecto Fondecip EQM210185 **54**  
*Muñoz-Flores, M.*
- Evaluación genómica del perfil metabólico de *Geobacillus thermoleovorans* cepa THC23A aislada de fuentes termales de la región del Maule **55**  
*Vásquez, J., Flores, J., Moraga, F., Ortega, D. y Cuadros-Orellana, S.*
- Evaluación del potencial genético de bacterias halófilas para promoción de crecimiento vegetal **56**  
*Azócar-Vásquez, A. y Cuadros-Orellana, S.*
- Biosíntesis de nanopartículas de cobre mediante bacterias aisladas de muestras antárticas **57**  
*Torres-Ponce, N., Blamey, J.M. y Cuadros-Orellana, S.*
- ÍNDICE DE AUTORES 59**

# PREFACIO

Los recursos genéticos microbianos son elementos fundamentales para el funcionamiento de los ecosistemas, y han permitido desarrollar soluciones biotecnológicas que nos ayuden a abordar algunos de los principales desafíos de la humanidad, tales como el cambio climático, el aumento en la demanda de alimentos, la búsqueda de fuentes de energías renovables y la biorremediación de ambientes contaminados. En este contexto, la conservación y valoración de estos recursos se convierten en pilares fundamentales de la investigación científica.

Las colecciones de cultivos son instituciones dedicadas a la conservación de los recursos genéticos microbianos provenientes de diversos ambientes, manteniéndolos en condiciones ex situ, es decir, fuera de su entorno natural, para garantizar su pureza, estabilidad y viabilidad a lo largo del tiempo. Asimismo, estas instituciones cumplen un papel crucial al proporcionar estos recursos como referencia para la investigación científica y comercial, con un impacto que trasciende varios sectores.

La Universidad Católica del Maule (UCM) y el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) han trabajado colaborativamente durante años en la conservación y valoración de los recursos genéticos microbianos. La UCM, a través de sus diferentes unidades, en especial, la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, ha estado involucrada en la formación de profesionales: Agrónomos, Ingenieros en Biotecnología, Ingenieros en Recursos Naturales y Médicos Veterinarios, así como otros profesionales interesados en aspectos de salud ambiental, desarrollo sostenible e industria agroalimentaria, realizando investigación básica y aplicada que ha contribuido a la valoración de los recursos microbianos. Por su parte, el INIA, a través del Banco de Recursos Genéticos Microbianos (BRGM), alberga la Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianos, una colección de cultivos con estatus de Autoridad Internacional de Depósito que se enfoca en dos áreas principales: la conservación a largo plazo de microorganismos y la valorización de sus colecciones microbianas, con énfasis en la agricultura.

Tanto la UCM como el INIA reconocen en los recursos genéticos microbianos una valiosa oportunidad para el avance científico y el desarrollo y, en el marco de una colaboración, han realizado avances en la creación del **Simpósio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos (SVCRM)** que en el año 2023 realizó su V versión. En este libro, presentamos los resúmenes de la III edición del Simposio, que se llevó a cabo de forma virtual entre el 6 y el 8 de septiembre de 2021. Este evento se centró en trabajos de estudiantes e investigadores relacionados con la valoración de colecciones de cultivos, resaltando la importancia de conservar el patrimonio microbiano como fuente de nuevos recursos para la investigación científica y la aplicación en biotecnología. Asimismo, presentamos los resúmenes de la IV edición del Simposio, que también se realizó de forma virtual el 27 y 28 de septiembre de 2022, con un enfoque en trabajos de estudiantes e investigadores en el campo de la metagenómica y la biotecnología traslacional, aunque se abordaron también otros aspectos de la biotecnología. Finalmente, se incluyen en este libro los resúmenes de la V edición del Simposio, evento que se llevó a cabo de manera híbrida en la UCM en Talca el 11 y 12 de octubre de 2023 y que estuvo centrando en la prospección de enzimas de microorganismos provenientes de diversos ambientes, con un enfoque en su aplicación industrial; así mismo, esta edición también se centró en los avances del área de la fitopatología y desarrollo de bioinsumos microbianos para la agricultura chilena.

En este sentido, es nuestro deseo que el Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos continúe realizándose de forma regular en el futuro, brindando un espacio privilegiado para la divulgación del conocimiento y el intercambio de ideas entre la comunidad científica. Confiamos en que este evento seguirá contribuyendo significativamente a encontrar nuevos caminos para el desarrollo científico y tecnológico basado en los recursos microbianos, junto con la concientización sobre la importancia de las colecciones microbianas y su papel crucial en la investigación y la innovación en biotecnología.



UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

UCM

INIA

Instituto de Investigaciones Agropecuarias

Resúmenes

# III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

Talca, Chile – 6 al 8 de septiembre de 2021

Revive las jornadas



Jornada 1



Jornada 2



Jornada 3

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Colecciones de Microorganismos presentes en el INTA, Argentina

### Microorganism collections present at INTA, Argentina

**Perticari, A.<sup>1\*</sup>, Arneodo, J.<sup>1</sup>, Asselborn, M.<sup>1</sup>, Baldone, V.<sup>1</sup>, Barrera, V.<sup>1</sup>, Brihuega, B.<sup>1</sup>, Caligiore, P.<sup>1</sup>, Carrasco, F.<sup>1</sup>, Campos, P.<sup>1</sup>, Ceron Cucchi, M.<sup>1</sup>, Chimeno, V.<sup>1</sup>, Combina, M.<sup>1</sup>, Faggioli, V.<sup>1</sup>, Fiorentino, A.<sup>1</sup>, Iglesias, J.<sup>1</sup>, Marcellino, R.<sup>1</sup>, Mercado, L.<sup>1</sup>, Neder, V.<sup>1</sup>, Paolicchi, F.<sup>1</sup>, Pécora, A.<sup>1</sup>, Pedraza, M.V.<sup>1</sup>, Pérez Brandán, C.<sup>1</sup>, Pertile, C.<sup>1</sup>, Poo, J.<sup>1</sup>, Posadas, J.<sup>1</sup>, Puente, M.<sup>1</sup>, Salazar, V.<sup>1</sup>, Sarmiento, N.<sup>1</sup>, Sauka, D.<sup>1</sup>, Soria, M.<sup>1</sup>, Valdez, J.<sup>1</sup>, Valetti, L.<sup>1</sup> y Verna, A.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina

\*Correo electrónico: [perticari.alejandro@inta.gob.ar](mailto:perticari.alejandro@inta.gob.ar)

El territorio argentino tiene una gran diversidad de climas y relieves, con ecosistemas propios para cada caso. Comprendiendo en su territorio casi todos los tipos y clases de suelos descritos, con amplitud en las condiciones hídricas, con especies vegetales y animales nativos y/o exóticos presentes o adaptados a esas condiciones, esta situación supone una vasta riqueza microbiológica, que en general es específica para cada ecosistema y como consecuencia de ello es alta la probabilidad de encontrar Recursos Genéticos Microbianos (RGM) de alto valor estratégico y de interés para el sector agropecuario. Estos RGM deben ser preservados dado la variedad de situaciones de manejo antrópico en el uso de la tierra y por la elevada frecuencia de eventos vinculados al cambio climático. Se considera que las colecciones o bancos de microorganismos dan oportunidades para desarrollar tecnologías de diversa índole aplicables a la producción agropecuaria, agroindustria y sanidad animal y vegetal. En el INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria) se ha generado una Red de RRGG y dentro de esta una destinada a los Recursos Microbianos con la finalidad de compatibilizar protocolos de preservación, documentación, intercambio y adecuación de permisos de acceso vinculados al Protocolo de Nagoya. Con el objetivo de conocer el estado actual de las colecciones vinculadas a Sanidad Animal se ha realizado un relevamiento a nivel nacional. Integrando la red se encuentran hasta el presente 28 colecciones y 2 bancos de células vinculados a la conservación. Alrededor de 20.000 entradas documentadas. Con más 60 géneros bacterianos, 3 de protozoarios, 20 de hongos, más 40 tipos de virus y 30 líneas celulares. Un 60% de las colecciones utiliza el nitrógeno líquido para la conservación y el resto utiliza ultrafrío a -80 °C y/o liofilización. Las colecciones de INTA están vinculadas a Sanidad Animal, Sanidad Vegetal, Alimentación y Agroindustria.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Colección de fitopatógenos de cultivos hortícolas. Acrónimo: LJC

Vegetable plant pathogen culture collection. Acronym: LJC.

**Valdez, J.G.<sup>1\*</sup> y Caligiore Gei, P.F.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>EEA La Consulta INTA, Mendoza, Argentina.

\*Correo electrónico: [valdez.jorge@inta.gob.ar](mailto:valdez.jorge@inta.gob.ar)

La colección de fitopatógenos hortícolas emplazada en el Laboratorio de análisis de semillas Jose Crnko (LJC) del INTA de La Consulta tiene por objetivo la recolección, identificación y preservación de agentes microbiológicos fitopatógenos de importancia en cultivos de la región de Cuyo, Argentina. Nació con la necesidad de preservar cepas de *Penicillium* patógenas en ajo. Con el tiempo se incorporaron otros géneros, principalmente de cultivos de suelo. Debido a la incorporación de proyectos con agentes biocontroladores, recientemente se incorporaron a la colección cepas de *Trichoderma* spp. En la actualidad cuenta con 730 entradas validadas, de las cuales el 50,1% corresponde a *Penicillium*. El 88% son aislados propios, mientras el 8.5 % son materiales de resguardo y el 3,5% son cepas obtenidas de colecciones internacionales, principalmente del género *Penicillium*. El objetivo específico que se persigue, es constituirlo como una colección representativa de fitopatógenos y agentes de control biológico, con especial énfasis en hongos de suelo de cultivos hortícolas. Los patógenos se obtienen de diversas fuentes, como semillas, plantas, fruto o suelo, que se reciben en el laboratorio para análisis, consultas de productores o recolectadas en salidas al campo. Una vez aislado el presunto agente causal de la sintomatología se lo identifica a nivel de género o de especie mediante diversas aproximaciones, que incluyen características de la colonia en medios de cultivo, observación microscópica de fructificaciones, análisis de producción de metabolitos secundarios y secuenciación de productos por PCR. Los aislados se conservan en agua estéril a temperatura ambiente, en glicerol al 20% a -20 °C. Se están implementando pruebas de liofilización, con excelentes resultados en *Penicillium*, *Fusarium* y *Trichoderma*. La colección está registrada en la *World Federation for Culture Collections* bajo el número WDCM 904.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Banco de Germoplasma de Hongos Micorrícicos Arbusculares de la región de Valparaíso

Germplasm Bank of Arbuscular Mycorrhizal Fungi of the Valparaíso Region

**Aguilar-Paredes, Ana**<sup>1,2\*</sup>, **Ávila, G.**<sup>1,2</sup>, **Sabaini, C.**<sup>1,2</sup> y **Aguilar-Paredes, Andrea**<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Centro Regional de Innovación Hortofrutícola de Valparaíso (Ceres), Quillota, Chile.

<sup>2</sup>Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

\*Correo electrónico: [anaaguilarpa@gmail.com](mailto:anaaguilarpa@gmail.com)

Este banco de germoplasma se basa en los hongos micorrícicos arbusculares, estos se unen a las raíces de la mayoría de las plantas, incluyendo los cultivos agrícolas, formando una simbiosis. La planta entrega azúcares y lípidos al hongo y este aumenta el sistema radicular y la absorción de agua y nutrientes en la planta, genera resistencia en la planta ante distintos estrés biótico y abiótico y recupera la materia orgánica del suelo, mejorando sus condiciones fisicoquímicas y microbiológicas, con un gran potencial para promover una agricultura sostenible. Esta asociación de micorrizas comenzó hace más de 400 millones de años con las primeras plantas terrestres y como simbioses obligados han coevolucionado hasta la actualidad, formando el filo *Glomeromycota*, un linaje evolutivo único y separado. Por tanto, la investigación, prospección, el manejo y la conservación de las micorrizas tiene consecuencias importantes para los ecosistemas agrícolas y naturales. Debido a la biotrofia obligada de las micorrizas arbusculares, es complejo metodológicamente obtener germoplasma bien identificado y caracterizado para los estudios y aplicación agrícola de esta importante simbiosis. Por tanto, existe una necesidad de que los cultivos de estos hongos se mantengan a largo plazo en condiciones controladas. En la región de Valparaíso no se cuenta con un banco de germoplasma para consulta y conservación de estos hongos, por lo que surgió esta iniciativa cuyo objetivo general es coleccionar, propagar, caracterizar y mantener germoplasma de hongos micorrícicos arbusculares en cultivos vivos para su conservación y distribución a cualquier persona, empresa o institución. Actualmente se está desarrollando el proceso de colecta y propagación de muestras de hongos micorrícicos de diferentes sitios no intervenidos de la región de Valparaíso, y se espera con este banco masificar el uso de micorrizas en la agricultura y promover prácticas agroecológicas en la región de Valparaíso.

Proyecto ANID-GORE R19A10002. Centro Ceres 2019-2022

Proyecto ANID R19F10005. PUCV-Centro Ceres 2019-2021

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Aislamiento y caracterización de hongos nematófagos de la región del Maule, Chile

Isolation and characterization of nematophagous fungi in the Maule region, Chile

Ortiz-Campos, J.<sup>1,2\*</sup>, Barra-Bucarei, L.<sup>1</sup>, Parra, K.<sup>1</sup>, Parra, P.<sup>1</sup> y Barrera, I.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Banco de Recursos Genéticos Microbianos, INIA Quilamapu, Chillán, Ñuble, Chile.

<sup>2</sup>Universidad de Concepción, Facultad de Agronomía, Chillán, Ñuble, Chile.

\*Correo electrónico: [javieortiz@udec.cl](mailto:javieortiz@udec.cl)

La Región del Maule se ubica en la zona central de Chile. Actualmente el manejo agrícola en esta región se realiza con un intensivo uso de plaguicidas químicos, entre ellos nematicidas. Los nematicidas son altamente tóxicos, ocasionan graves daños en los ecosistemas y en la salud humana. Dado lo anterior, el objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar hongos nematófagos a través del método de tamizado de suelo, utilizando nematodos como cebo. Se tomaron trece muestras de suelos provenientes de colectas realizadas en distintos sectores de la región del Maule. Se sembró una alícuota de nematodos cebo en una placa de Petri con medio agar agua más cloranfenicol y se distribuyó uniformemente 0,5 g de suelo tamizado, luego de 72 h desde la incubación se realizaron observaciones diarias de la mortalidad de los nematodos cebo. Los nematodos muertos se aislaron y sembraron en placa de Petri con Agar Papa Dextrosa más antibióticos y se incubaron en oscuridad a 25 °C. Las placas se observaron bajo microscopio estereoscópico para detectar crecimiento de micelio desde los nematodos parasitados. Una vez observado el crecimiento evidente del hongo se procedió a tomar puntas de hifas de cada colonia para obtener cultivos puros de cepas nematófagas. A continuación se procedió con su caracterización molecular y morfológica. De las 13 muestras de suelos se aislaron 16 hongos nematófagos representando los sectores de colecta con un 63% de Bullileo, 25% de Las Buitreras, 6% de Laguna del Maule y 6% de Radal de los géneros *Trichoderma*, *Paecilomyces*, *Pochonia*, *Fusarium*, *Mortierella* y *Penicillium*. En conclusión se logró aislar cepas de hongos de seis géneros distintos desde muestras de suelos provenientes de la región del Maule, estas cepas presentan potencial para parasitar nematodos fitoparásitos, ayudando a su control, disminuyendo la alta demanda y utilización de nematicidas químicos.

Proyecto FIC "Transferencia Colección Pública de Microorganismos del Maule". Código BIP 40001104.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Posibles actinomicetos presentes en los sedimentos de la Fosa de Atacama con potencial actividad fungicida

Possible actinomycetes present in the sediments of the Atacama Trench with potential fungicidal activities

Sandoval-Vargas, D.<sup>1\*</sup>, Jara, C.<sup>1</sup>, Razmilic, V.<sup>1</sup>, Asenjo, J.A.<sup>1</sup> y Andrews, B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Biotecnología y Bioingeniería, CeBiB. Departamento de Ingeniería Química, Biotecnología y Materiales, FCFM, Universidad de Chile

\*Correo electrónico: diego.esv@gmail.com

El filo Actinobacteria es enormemente conocido como un gran productor de metabolitos especializados con diversas actividades, siendo aproximadamente dos tercios de todos los compuestos naturales utilizados en la industria farmacéutica y agrícola. Por lo tanto, la bioprospección para encontrar nuevas bacterias y el potencial de nuevas moléculas bioactivas se ha convertido en un enorme campo de investigación. Estas bacterias Gram positivas se han encontrado en diversos ambientes, incluyendo hábitats extremos como fosas marinas a grandes profundidades. Relacionado con la industria agrícola, una de las amenazas más importantes es la presencia de patógenos vegetales, siendo los hongos, los microorganismos más destructivos. En Chile, *Botrytis cinerea* ha sido descrita como un problema grave para la agricultura local. Una de las grandes complicaciones para tratar estos patógenos, es normalmente el uso de una alta dosis de agroquímicos. Sin embargo, estos pesticidas pueden dañar no solo a los patógenos, sino que también a microorganismos beneficiosos que habitan naturalmente en las plantas. Por lo tanto, es necesario encontrar nuevas especies de biocontrol y potenciales moléculas fungicidas que sirven en la industria agrícola, que sean específicas para patógenos y no alteren los microorganismos naturales necesarios para la salud de la planta. En este estudio, cinco sedimentos de diferentes profundidades de la Fosa de Atacama fueron sometidas a aislamiento selectivo de microorganismos, para encontrar nuevos productores de compuestos fungicidas. Se extrajo ADN total de 3 muestras para analizar qué filos bacterianos están representados en estos sitios. Además, previo al aislamiento, se realizó un pretratamiento para incrementar las posibilidades de encontrar Actinobacterias. De estos aislados se seleccionaron diecisiete, de cincuenta y ocho aislados para realizar un bioensayo contra *B. cinerea* y como control de especificidad se utilizó *Aureobasidium* sp. Cinco aislados de la Fosa de Atacama mostraron bioactividad aparente contra *B. cinerea*.



### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Microorganismos, biogeoquímica y clima en un Salar de altura del Altiplano chileno: inferencias en un escenario de calentamiento global

Microorganisms, biogeochemistry and climate in a high-altitude salt flat at the Chilean Altiplano: inferences in a global warming scenery

Paquis, P.<sup>1\*</sup>, Hengst, M.B.<sup>1</sup>, Florez, J.<sup>1</sup>, Tapia, J.<sup>1</sup>, Molina, V.<sup>2</sup>, Dorador, C.<sup>3</sup>, y Eissler, Y.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile. <sup>2</sup>Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile.

<sup>3</sup>Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile. <sup>4</sup>Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

\*Correo electrónico: paquischester@gmail.com

El Humedal del Salar de Huasco, ubicado a 3.800 msnm en el Altiplano Chileno, corresponde a una cuenca evaporítica endorreica, que presenta condiciones climáticas y ambientales extremas para la vida y con escasa intervención antrópica. Este sitio posee una alta diversidad biológica dominada por microorganismos, los que sustentan los ciclos biogeoquímicos en respuesta a variables ambientales tales como radiación solar, temperatura del agua y el aire, intensidad y dirección del viento y las precipitaciones. La actividad microbiana en este Salar de altura, tiene alta relevancia tanto en la formación de minerales como en la disponibilidad y reciclaje de los macronutrientes como el carbono, nitrógeno, azufre y fósforo. Por lo anterior, este ecosistema constituye un modelo ideal para estudiar la interacción de variables biológicas, ambientales y geoquímicas en un escenario de cambio climático. Esta investigación muestra la dinámica de las comunidades microbianas en respuesta a patrones climáticos y biogeoquímicos en una escala temporal breve, los que configuran transitoriamente la estructura del humedal. El análisis de variables climáticas, biogeoquímicas y microbiológicas fue realizado en base a estudios previos, a estaciones de monitoreo climático y sensores satelitales para el período 2015-2021. Como resultados, se propone un modelo conceptual que representa el alto dinamismo de las comunidades microbianas en respuesta al comportamiento de las variables estudiadas. Asimismo, se establece la existencia de una ciclicidad hídrica y atmosférica a escala anual, con marcados períodos de humedad y sequía. En base a lo anterior, se discute de qué manera estos ecosistemas lábiles y los procesos naturales de recarga subterránea e inundación, podrían verse afectados en respuesta a la disponibilidad hídrica frente al acelerado cambio climático.

Fondecyt Regular N° 1140179, 1140356, 1181773, 1201692. 1211515, 1171324

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Isla Livingston, Antártida: reservorio de bacterias adaptadas al frío productoras de enzimas hidrolíticas

Livingston Island, Antarctica: reservoir of cold-adapted bacteria producing hydrolytic enzymes

Rubiano-Labrador, C.<sup>1\*</sup>, Acevedo-Barrios, R.<sup>1</sup>, García-Lázaro, A.<sup>1</sup>, Ward-Bowie, L.<sup>1</sup>, Tamara-Acosta, A.<sup>1</sup> y Mercado-Molina, B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Tecnológica de Bolívar, Cartagena, Colombia.

\*Correo electrónico: drubiano@utb.edu.co

La Antártica es un continente particular ya que presenta características ambientales y fisicoquímicas que permiten el desarrollo de una biodiversidad única adaptada para vivir en las condiciones extremas que imperan en este continente. Entre esta diversidad se encuentran microorganismos que crecen a bajas temperaturas, denominados psicrófilos. Estos microorganismos han superado barreras claves inherentes a ambientes permanentemente fríos, y las estrategias que utilizan para superar dichas barreras pueden ser potenciales para ser explotados en el campo de la biotecnología. En el caso particular de la Isla Livingston, al ser la mayor región de la Antártica marítima sin estaciones de hielo, posee una gran cantidad de lagos, lagunas y arroyos con una significativa diversidad bacteriana. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue aislar y caracterizar bacterias psicrófilas de la Isla Livingston (Antártica) con actividad enzimática hidrolítica para su uso potencial en diferentes aplicaciones biotecnológicas. El desarrollo de este estudio se realizó en tres fases: (i) aislamiento de bacterias psicrófilas empleados diferentes fuentes de carbono, (ii) caracterización fenotípica, bioquímica y molecular de las cepas aisladas, y (iii) evaluación de la actividad enzimática hidrolítica (amilolítica, lipolítica, celulolítica y proteolítica) de las cepas aisladas. A partir de este estudio se logró el aislamiento de 20 cepas bacterianas psicrófilas, aerobias, quimioorganotroóficas provenientes de la Isla Livingston, de las cuales el 75% fueron psicrófilas y el 25% restante fueron psicrotolerantes. Las cepas aisladas estuvieron relacionadas con los géneros *Pseudomonas*, *Anthrobacter*, *Janthinobacterium* y *Exiguobacterium*. En cuanto a su capacidad de producción de enzimas hidrolíticas se determinó que la actividad enzimática detectada con mayor frecuencia en las cepas aisladas fue proteolítica (55%) seguida de amilolítica (35%) y celulolítica (15%). Los resultados obtenidos demostraron que los sedimentos de la Isla Livingston son una fuente prometedora en la búsqueda de enzimas activas en frío con potencial biotecnológico.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Bioprospección de actinobacterias asociadas con la rizosfera de Lupino del Desierto de Atacama

Bioprospecting of actinobacteria associated with the rhizosphere of Lupine from the Atacama Desert

Marchant, F.<sup>1,2\*</sup>, Asenjo, J.A.<sup>1,2</sup> y Andrews, B.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ingeniería Química, Biotecnología y Materiales, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Centro de Biotecnología y Bioingeniería, Santiago, Chile.

\*Correo electrónico: francisca.marchant@cebib.cl

La agricultura a nivel mundial está siendo afectada por el aumento de la resistencia de microorganismos patógenos y la poca tolerancia de microorganismos benéficos ante los efectos del cambio climático. En consecuencia, se requiere la búsqueda de nuevos compuestos bioactivos en microorganismos benéficos capaces de tolerar las condiciones adversas. Las actinobacterias han sido reconocidas por sus estrategias de adaptación como la absorción de nutrientes, resistencia a enfermedades y tolerancia al estrés. Sin embargo, la diversidad de actinobacterias asociadas a plantas que viven en ambientes extremos y los beneficios que ofrecen en el área agrícola han sido poco estudiados. En esta investigación, se caracterizaron 139 actinobacterias aisladas de la rizosfera de Lupino (*Lupinus oreophilus*) del Desierto de Atacama mediante bioensayos, técnicas moleculares y pruebas enzimáticas. El 31% de los aislados mostraron actividades antimicrobianas significativas contra al menos uno de los fitopatógenos (*Botrytis cinerea* y *Fusarium oxysporum*). Los genes biosintéticos de metabolitos especializados (NRPS, PKS-I, PKSII y AHBA) fueron detectados por PCR. Según el análisis filogenético del gen ARN 16S, estas actinobacterias se clasificaron como pertenecientes a los géneros *Streptomyces*, *Micromonospora* y *Saccharothrix*. Las huellas genómicas de BOX-PCR revelaron variaciones genéticas entre los aislamientos. Por otra parte, los aislados presentaron actividad promotora de crecimiento vegetal (producción de amonio, fitohormona IAA) y enzimática (proteasa, quitinasa). Además, pueden crecer a diferentes condiciones de temperatura (4-45°C), pH (5-9), salinidad (hasta 7% NaCl) y presenta tolerancia a la sequía. Las cepas *Streptomyces* sp. G34 y *Streptomyces* sp. S16 mostraron diferencias significativas como bioestimulante y biocontrol en cultivo de lechuga milanesa *in vitro* e *in vivo*. En conclusión, las actinobacterias presentes en *L. oreophilus* poseen actividad antifúngica y enzimática que permite resolver las necesidades de salud vegetal.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Identificación de *Gnomoniopsis smithogilvyi* causando pudrición marrón en frutos de post cosecha de castaño (*Castanea sativa* Mill.) y reclasificación de *Phomopsis castanea* como agente causal de la enfermedad en Chile

Identification of *Gnomoniopsis smithogilvyi* causing brown rot in post-harvest sweet chestnut fruits (*Castanea sativa* Mill.) and reclassification of *Phomopsis castanea* as the causal agent of the disease in Chile

**Muñoz-Reyes, V.<sup>1\*</sup>, Cisterna-Oyarce, V.<sup>1</sup>, Carrasco-Fernández, J.<sup>1</sup>, Castro, J.F.<sup>1</sup>, Santelices, C.<sup>1</sup>, Millas, P.<sup>1</sup>, Buddie, A.<sup>2</sup> y France, A.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chillán, Ñuble, Chile. <sup>2</sup>CABI, Bekeham Lane, Egham, Surrey, TW20 9TY, UK.

\*Correo electrónico: violetaemunoz@gmail.com

Durante las temporadas 2018-2020, se identificó y cuantificó la presencia de hongos de post cosecha en 35.343 frutos de castaños provenientes de dos *packings* de la región de Ñuble, Chile. Los frutos fueron lavados con agua potable, esterilizados superficialmente con etanol 70% por 1 min, cortados por la mitad e incubados en cámara húmeda a 24 °C con un ciclo de 12/12 h de luz/oscuridad. Luego de 5 días se observó la presencia de dos hongos causantes de pudrición: *Botrytis cinerea* Pers. y *Gnomoniopsis smithogilvyi* Shuttelw (Gs), con una incidencia promedio durante las temporadas evaluadas de 2,9 y 4,7%, respectivamente. Para confirmar la presencia de Gs en las muestras analizadas, dos cepas aisladas durante este estudio y depositadas en la Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianos (RGM 2903 y RGM 2904), fueron identificadas molecularmente mediante la secuenciación de las regiones ITS y EF-1 $\alpha$  del ADN, utilizando los cebadores ITS1/ITS4, EF1-728F and EF2. Este estudio confirmó que las cepas obtenidas a partir de frutos que presentaban podredumbre marrón corresponden a Gs, y si bien la presencia de Gs en Chile no había sido reportada, las características morfológicas de este hongo coinciden con las previamente descritas por Montealegre y González (1986) para el hongo *Phomopsis castanea* Sacc.; cepa que fue depositada en CABI (Surrey, UK), con el código IMI 278059. Gracias a la preservación de esta cepa en una colección de microorganismos, fue posible comparar mediante un análisis filogenético su afiliación taxonómica con las cepas RGM 2903 y RGM 2904, concluyendo que la cepa reportada en 1986 corresponde a la especie Gs.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Eficacia de moléculas cúpricas y agentes biológicos para el control de *Xanthomonas campestris* causante de la “mancha bacteriana” en pimiento (*Capsicum annuum* L.)

Efficacy of cupric molecules and biological agents for the control of *Xanthomonas campestris* that causes the “bacterial spot” in pepper (*Capsicum annuum* L.)

**Franco-Gasia, I.<sup>1\*</sup>, Hernández-Aguilera, V.<sup>1</sup>, Paredes, T.<sup>1</sup>, Bocanegra, G.<sup>1</sup> y Rodríguez-Leo, C.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Laboratorio de Investigación Agroecológica del Grupo Novalty. Lima, Perú.

\*Correo electrónico: icfg92@gmail.com

*Xanthomonas campestris* afecta el cultivo de pimiento (*Capsicum annuum* L.) ocasionando lesiones oblongas conocidas como mancha bacteriana (MB), esta infección puede manifestarse en cualquier estado fenológico y su propagación es favorecida por condiciones bióticas y abióticas, generando pérdidas significativas para el sector agrícola. Se planteó evaluar la eficacia *in vitro* de moléculas cúpricas y agentes antagonistas frente a aislados de *Xanthomonas campestris*. A partir de cinco muestras de plantas de pimiento con sintomatología de MB, se realizó la caracterización bacteriana, mediante métodos bioquímicos, fisiológicos y coloraciones. Posteriormente, fue realizada la caracterización genética con amplificación del segmento 16S ADNr a través de la Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR). El producto obtenido fue sometido a digestión enzimática con las enzimas *MboI* y *AluI*. Finalizado este proceso, se elaboraron pruebas de la patogenicidad en hojas de pimiento. Por último, fue realizada la evaluación de eficacia de moléculas cúpricas y microorganismos antagonistas; por los métodos de vertido en placa (envenenamiento) y Mossel, respectivamente. Los aislados de *Xanthomonas campestris* (1046 y 1051) revelaron similitud en la caracterización genética, sin embargo, el 1049, demostró un perfil de bandas diferentes, pudiendo tratarse de otra especie bacteriana. Las moléculas cúpricas 001; 003; 005 y 006 demostraron una efectividad del 100%. Esto refleja la capacidad bactericida del cobre sobre membranas y proteínas. Sin embargo, existe riesgo de resistencia que puede presentar *X. campestris*. Los microorganismos antagonistas; *Bacillus*007 y multiespecie de *Bacillus*008 demostraron una eficacia de 28% y 100%, respectivamente. *Bacillus*008, posee una capacidad de control similar a las moléculas cúpricas. El grupo de *Bacillus*008 secreta altas concentraciones de polipéptidos, antibióticos, enzimas, que inhiben agentes fitopatógenos. La inclusión de este género en conjunto a moléculas cúpricas representa una herramienta de gran utilidad para los programas de control fitosanitario como agentes bacteriostáticos y/o bactericidas en cultivos de pimiento.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Bacterias solubilizadoras de fosfato aisladas desde plantas nativas del altiplano chileno y su potencial uso como bioestimulante en cultivos de trigo (*Triticum aestivum* L.)

Phosphate solubilizing bacteria isolated from native plants of Chilean highlands and their potential use as biostimulants in wheat crops (*Triticum aestivum* L.)

**Guerra, M.<sup>1\*</sup>, Carrasco-Fernández, J.<sup>1</sup>, Castro, J.F.<sup>1</sup>, Matus, I.<sup>1</sup>, Castillo, D.<sup>1</sup>, Morales, A.<sup>2</sup>, Muñoz-Reyes, V.<sup>1</sup>, Hirzel, J.<sup>1</sup>, Meier, S.<sup>2</sup> y Panichini, M.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Quilamapu, Chillán, Chile. <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca, Vilcún, Chile.

\*Correo electrónico: [matias.guerra@inia.cl](mailto:matias.guerra@inia.cl)

El fósforo es un nutriente esencial para sostener la demanda mundial de alimentos. Este elemento se encuentra en un alto contenido en los suelos, no obstante, el 98% tiene una baja disponibilidad para los cultivos, la deficiencia es superada con la aplicación de fertilizantes fosforados, alternativa con altos costos energéticos y ambientales. En este trabajo se evaluó la capacidad de bacterias para solubilizar fósforo y la actividad promotora del crecimiento en cultivos de trigo. Se realizó una caracterización de 150 cepas bacterianas en agar NBRIP, las cuatro con mayores índices de solubilización fueron identificadas molecularmente por MLSA. Las cuales se les determinó el fósforo solubilizado en caldo NBRIP y su respectiva variación de pH. Se evaluó en caldo tripticasa de soya la actividad fosfatasa de las bacterias. En macetas se sembró semillas de trigo inoculadas con las cepas puras y mezcladas, se determinó la actividad fosfatasa del suelo. En pruebas de campo se inoculó dos mezclas bacterianas a dosis de 0%, 25%, 50% y 100% de fertilizante fosforado, se evaluó la germinación, actividad fosfatasa del suelo y componentes del rendimiento. Los resultados muestran que 50 cepas solubilizan fosfato, mientras que las 4 con mejor índice de solubilización son *Pseudomonas* sp. RGM 2860, *Pseudomonas* sp. RGM 2986, *Pseudomonas* sp. RGM 2987 y *Pseudomonas* sp. RGM 2988. Estas cepas en caldo NBRIP disminuyen el pH hasta 4 a los 3 d de cultivo, con sobre los 50 mg/L de fosfato solubilizado, la actividad fosfatasa fue menor a 10 mU·mg proteína<sup>-1</sup>. En el ensayo en macetas se determinó las 2 mezclas bacterianas con mayor actividad fosfatasa. En los ensayos de campo se observó un incremento de la germinación con respecto al control en las dosis al 25% y 50% de fertilizantes fosforado, mientras que la actividad fosfatasa y el rendimiento se incrementó en el tratamiento con un 75% de fertilización fosfatada.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Caracterización de la microbiota rizosférica asociada al cultivo de aguacate (*Persea americana*), posterior a la aplicación de productos microbianos multiespecie

Characterization of the rhizospheric microbiota associated with the cultivation of avocado (*Persea americana*) after the application of multispecies microbial products

Rodríguez-Leo, C.<sup>1\*</sup>, Hernández-Aguilera, V.<sup>1</sup>, Franco-Gasia, I.<sup>1</sup>, Paredes, T.<sup>1</sup>, Ruiz, G.<sup>1</sup> y Bocanegra, G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de investigación Agroecológica del grupo Novalty, Perú.

\*Correo electrónico: leogod1985@gmail.com

Las poblaciones microbianas rizosféricas participan de forma activa en la restauración de los sistemas edáficos, incrementado la disponibilidad de macro y microelementos, y consecuentemente, intensifican la producción de metabolitos en la planta para utilizarlos en su propio crecimiento y retribuir en el desarrollo vegetativo y productivo de la misma. Basados en este fundamento se planteó la incorporación de productos bacterianos multiespecie y así incrementar el desarrollo y rendimiento del cultivo de aguacate. Para ello se realizaron evaluaciones microbianas en dos áreas del cultivo, una con aplicaciones exógenas de microorganismos (lote 1) y otra en ausencia de estos (lote 2 o testigo). Se determinaron las densidades poblacionales microbianas totales, grupos funcionales, identificación bioquímica y fisiológica de microorganismos presentes y el método de cromatografía plana de Pfeiffer para evaluación del estado del suelo. Las poblaciones de bacterias, hongos totales y fijadores de nitrógeno fueron mayores en el lote 1, identificando los géneros *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Azospirillum*, *Azotobacter*, *Nitrosomonas*, *Nitrobacter*, *Trichoderma*, *Paecilomyces*. Su presencia se relaciona con la incorporación de los productos microbianos multiespecie, al pH ácido del suelo y el tipo de fertilización inorgánica. El lote 1 obtuvo poblaciones de *Bacillus* y *Trichoderma* en mayor concentración, estos géneros microbianos están asociados a la inducción de la resistencia sistémica. Las plantas del lote 1 manifestaron mayor resistencia a hongos de madera. A su vez el análisis cromatográfico reveló que este lote posee interacciones biológicas estables, representando una mayor interacción entre sus componentes, indicando disponibilidad de nutrientes producto de la actividad enzimática microbiana. En este sentido, el lote 1 posee mayor biomasa y diversidad de microorganismos, estas propiedades representan herramientas diagnósticas valiosas debido a que los microorganismos responden rápidamente a los cambios ambientales en el suelo, por ello la actividad microbiana puede representar un indicador de la calidad del suelo y rendimiento del cultivo.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Inoculantes nativos de agroecosistemas de cacao (*Theobroma cacao*) y su efecto en el crecimiento de plantas en vivero

Native inoculants of cocoa (*Theobroma cacao*) agroecosystems and its effect in the growth of plants in the nursery

**Bartra-Rivera, W.<sup>1</sup>, Rojas-Mego, K.<sup>1\*</sup>, Velazco-Castro, E.<sup>1</sup>, Panduro-Tenazoa, N.<sup>1</sup>, Gárate-Díaz, H.<sup>1</sup>, Bazan-Albitez, R.<sup>1</sup>, Cárcamo-Lucana, J.<sup>1</sup> y Sieverding, E.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, Pucallpa, Perú.

\*Correo electrónico: krojas@iiaap.gob.pe

Los hongos de micorriza arbuscular (HMA) permiten mejorar el crecimiento de las plantas reduciendo el uso de fertilizantes. Este estudio tuvo como objetivo determinar el efecto de cuatro inoculantes nativos de HMA, tres dosis de inoculante y dos tipos de fertilización en el desarrollo de plantas de cacao (*Theobroma cacao* L.), en etapa de vivero. Los inoculantes procedieron de 4 agroecosistemas: 1-Sistema agroforestal con cobertura kudzu (*Pueraria phaseoloides*), 2-Plantación policlonal, 3-Sistema agroforestal con guaba (*Inga edulis*) y 4-Sistema agroforestal con cobertura ushpica (*Commelina* sp.); con dosis de: 25 g planta<sup>-1</sup>, 50 g planta<sup>-1</sup> y 75 g planta<sup>-1</sup>; y dos tipos de fertilización: 5 kg Guano de isla más 4 kg roca fosfórica en 1 m<sup>3</sup> y 2 g urea, 4 g superfosfato triple, 2 g cloruro de potasio. El estudio se realizó en las instalaciones del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP), a través de un diseño de bloques completamente al azar (BCA) con arreglo factorial 4 × 3 × 2. Plantas de cacao inoculadas con HMA mostraron mejor respuesta en la altura y diámetro en comparación con el tratamiento control. Se encontró un efecto positivo a los 75 d de siembra entre el inoculante procedente del sistema agroforestal con kudzu y la fertilización con guano de isla más roca fosfórica. Se concluye que plantas inoculadas con HMA del agroecosistema con cobertura kudzu (*Pueraria phaseoloides*) presentaron una mejor respuesta como inoculante.



### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Aislamiento y caracterización de bacterias promotoras del crecimiento vegetal desde *Fragaria chiloensis* y evaluación *in vivo* con *Fragaria* × *ananassa* var. Albión

Isolation and characterization of plant-growth promotion bacteria from *Fragaria chiloensis* and *in vivo* evaluation with *Fragaria* × *ananassa* var. Albión

Cares-Gatica, D.<sup>1,2\*</sup>, Ortiz-Campos, J.<sup>1</sup>, Guerra, M.<sup>1</sup>, Carrasco-Fernández, J.<sup>1</sup>, Barra-Bucarei, L.<sup>1</sup> y Castro, J.F.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Quilamapu, Chillán, Chile. <sup>2</sup>Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

\*Correos electrónicos: dcares2016@udec.cl; jean.castro@inia.cl

El uso intensivo de fertilizantes sintéticos genera daños colaterales en los cultivos, reduciendo la inocuidad alimentaria y generando contaminación ambiental. Para disminuir su utilización, la investigación científica se ha centrado en la búsqueda de microorganismos promotores del crecimiento vegetal (PGP) desde la microbiota de plantas silvestres. De la prospección de *Fragaria chiloensis* en estado silvestre (Ñuble, Chile), se aislaron 301 bacterias de las cuales 259 cepas (86,0%) fueron caracterizadas *in vitro* en su capacidad PGP: solubilización de fosfato (132), producción de sideróforos (176) y compuestos indólicos (CI) (181). Se verificó la producción de CI de los 10 mejores microorganismos en triplicado y seleccionaron 3 según su concentración ( $\mu\text{g}/\text{mL}$ ): LPP-301 (32,84), LPP-259 (51,74) y LPP-263 (106,47). Se realizó una identificación molecular mediante secuenciación del gen ARNr 16S, donde los resultados indicaron que las cepas LPP-263 y LPP-259 pertenecen al género *Pseudomonas* spp., mientras que la cepa LPP-301 aún se encuentra pendiente de identificación. Para el ensayo *in vivo* se utilizó plantines de *Fragaria* × *ananassa* variedad Albión, el cual fue realizado en fitotrón bajo condiciones controladas de temperatura (23°C), humedad (60%) y régimen de luz:oscuridad (12:12h). Los plantines se trasplantaron en macetas de 1,3 L con sustrato compuesto por compost:turba:perlita:vermiculita (1:1:1:0,5). Los microorganismos fueron inoculados mediante riego a los 7 días del trasplante, con una concentración de  $1 \times 10^7$  UFC/mL. El ensayo se mantuvo por 42 días con riego de agua destilada estéril cada 48h. Los parámetros PGP evaluados fueron altura de la parte aérea, el peso seco de la parte aérea y raíz. Las plantas inoculadas con la cepa LPP-263 mostraron diferencias significativas en el largo de la parte aérea ( $p \leq 0,05$ ) y mayor desarrollo en general que el control. La producción de CI de los tratamientos estuvo directamente relacionado con el crecimiento de las plantas.

Proyecto FONDECYT INICIACIÓN 11191074.

### III Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

## Identificación y caracterización de cepas bacterianas aisladas desde *Drimys winteri* (canelo) establecido en condiciones de cultivo *in vitro*

Identification and characterization of bacterial strains isolates from *Drimys winteri* (canelo) established *in vitro* culture conditions

Pino, V.<sup>1</sup>, Fontaine, L.<sup>1</sup>, Altimira, F.<sup>2</sup> y Rubio, J.<sup>1-3\*</sup>

<sup>1</sup>Universidad Autónoma de Chile, Facultad de Ciencias de la Salud, Carrera Química y Farmacia, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Platina, Laboratorio de Entomología y Biotecnología, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Santiago, Chile.

\*Correo electrónico: julia.rubio@uautonoma.cl

Durante los procedimientos realizados para la introducción de la especie nativa *Drimys winteri* (Canelo) a la plataforma de propagación mediante cultivo *in vitro*, se observó el desarrollo persistente de agentes bacterianos. Debido a que presentaron una marcada resistencia a los antibióticos de la familia de betalactámicos y cloranfenicoles, se decidió aislar 4 cepas (B4.2, B4.4, B4.5 y B5). Adicionalmente, estos aislados lograron crecer entre 4 y 28 °C. Debido a la potencial simbiosis entre estas cepas con la planta de Canelo, se procedió a realizar su identificación y caracterización. Para la identificación de los aislados se llevó a cabo un análisis filogenético empleando el marcador 16S rRNA junto con un análisis de multilocus con los marcadores *glnS*, *gyrB*, *ileS*, *recA*, *rpoB* y *rpoD*. Paralelamente, se realizó una caracterización bioquímica de las cepas, ensayo LOPAT y ensayos de antagonismo *in vitro* contra el hongo fitopatógeno *B. cinerea* y además, la determinación de la capacidad de producción de la fitohormona ácido indol acético (AIA). Los resultados indicaron que las cepas pertenecen a las especies *P. veronii* (B4.2 y B4.3), *P. extremoaustralis* (B5) y *P. azotomorfans* (B4.5). Los ensayos de antagonismo indicaron que las cepas presentan la capacidad de inhibir *B. cinerea* junto con la capacidad de producir la fitohormona AIA. Los resultados sugieren que estas cepas son potenciales candidatos como bacterias promotoras del crecimiento de las plantas (PGPR). De acuerdo con esto, los hallazgos de este trabajo serán complementados con posteriores estudios sobre los efectos en germinación de semillas y crecimiento radicular para dilucidar los roles que cumplen estas cepas en su interacción con las plantas.

Proyecto DIUA 231-2021 Universidad Autónoma de Chile.



UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

**UCM**



Instituto de Investigaciones Agropecuarias



UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

UCM

SINIA

Instituto de Investigaciones Agropecuarias

Resúmenes

# IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

Talca, Chile – 27 y 28 de septiembre de 2022

Revive las jornadas



Jornada 1



Jornada 2

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Evaluación de un método sencillo para la conservación de aislados fúngicos a medio plazo

Assessment of a simple method for mid-term fungal isolates preservation

Cambra-González, N.<sup>1\*</sup>, Alonso-Núñez, A.<sup>1</sup> y Redondo-Fernández, V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ProPlantae Sanidad Vegetal S.L., Nigrán, España.

\*Correo electrónico: [info@proplantae.es](mailto:info@proplantae.es)

En fitopatología, la conservación de microorganismos es un trabajo esencial para poder estudiar cepas de interés a lo largo del tiempo. El repicado constante de las cepas hace que éstas pierdan sus características originales, como son la patogenicidad, la velocidad de crecimiento o incluso, la capacidad de esporulación. Su conservación directa en nevera mantiene los cultivos viables a medio plazo, pero ocupan gran cantidad de espacio; por ello, el objetivo de este estudio fue evaluar la viabilidad de 2 métodos alternativos de conservación: en papel en nevera (PN) y en glicerol por congelación (GC). En 2021 se guardaron un total de 89 cepas de 26 géneros fúngicos. Los aislados puros se cultivaron sobre papel de filtro autoclavado en medio patata dextrosa agar y se incubaron en oscuridad a 20°C. Una vez que los aislados alcanzaron a colonizar el papel, éste fue retirado, y se introdujeron en placas Petri estériles bajo una cabina de flujo laminar. Paralelamente, se recortaron fragmentos de aproximadamente 2 mm de micelio y agar y se introdujeron en viales de 1,5 ml en una solución de glicerol al 12,5% y se congelaron a -20°C. Las placas Petri con los papeles de los aislados fúngicos se secaron al aire en una incubadora a 20 °C, y una vez secos, se recortaron con tijeras estériles e introdujeron en viales de 1,5 mL para su conservación en nevera. Transcurridos 6 meses desde su conservación, se cogieron 4 alícuotas de cada uno de ellos para evaluar su viabilidad. El método de conservación de papel obtuvo una mayor viabilidad en comparación al método de glicerol con un porcentaje de PN: 96,6% frente al GC: 84,7% y, además, la viabilidad de las cepas fue también superior PN: 99%, frente al GC: 92,5%. Por lo que se concluye que el método de conservación en papel es un método eficaz, fácil, y barato para conservar hongos a medio plazo.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Análisis metataxonómico de la comunidad de bacterias en suelos de la cordillera occidental en un gradiente altitudinal del Valle del Cauca, Colombia

Metataxonomic analysis of bacteria community in soils of the western mountain range on an altitudinal gradient of Valle del Cauca, Colombia

Reyes-Ardila, W.<sup>1\*</sup>, Eduardo-Muñoz, J.<sup>1</sup> y López-Álvarez, D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Investigación de Diversidad Biológica, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira.

\*Correo electrónico: wreyes@unal.edu.co

Los microorganismos, en particular las bacterias del suelo, son responsables de los procesos de reciclaje natural que están directamente relacionadas con la disponibilidad y movilidad de los nutrientes, contribuyendo a la estructura y formación del suelo, favoreciendo a la captura de carbono. Por tanto, el objetivo del estudio fue realizar una caracterización taxonómica bacteriana (RNAr 16S) presente en 32 muestras de suelo sobre un gradiente altitudinal en la cordillera occidental del Valle del Cauca, Colombia, en el ecosistema Bosque Andino en las localidades de Yotoco (Yt) (1.800 msnm) y Bosque del Duende (BD) (2.400 msnm), ecosistema de Bosque Seco Tropical en la localidad de Laguna de Sonso (LS) (900 msnm) y ecosistema de Páramo en la localidad de Páramo del Duende (PDU) (3.200 msnm). Los resultados taxonómicos obtenidos para las localidades, permitieron observar que los filos que representaron más del 50% de la información fueron Acidobacteriota (33%) y Proteobacteria (26,8%), seguido de la Clase: Acidobacteriae (34%), en orden: Acidobacteriales (17%), para familia con Gemmatimonadaceae (12%), género: *Candidatus Solibacter* (6,4%). En especies, la localidad de Yt mostró mayores especies únicas (97), seguida LS (64), BD (41) y finalmente PDU (33). Calculamos aspectos de diversidad alfa (riqueza, uniformidad, dominancia y rareza), en éste, el índice de Shannon osciló entre 5,5 y 7,2, lo que indica valores altos de diversidad biológica, siendo Yt la más diversa, seguida de LS, BD y la PDU. Asimismo, las localidades de Yt y LS, presentan la mayor probabilidad de un encuentro intraespecífico según el índice de Simpson. Los valores de dominancia en las cuatro localidades estuvieron por debajo de 0,05, sin embargo, el índice de rareza (0,7-0,85) y uniformidad (0,85-0,92) presentaron valores altos, siendo las localidades de LS y Yt, las más informativas. Los resultados encontrados demuestran una variabilidad genética ecológica entre las zonas de muestreo y su relación con el gradiente altitudinal.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Microorganismos de microbialitos modernos de lagos y lagunas del Salar de Atacama y Torres del Paine y su potencial uso biotecnológico

Microorganisms of modern microbialites of lakes and lagoons of the Salar de Atacama and Torres del Paine and their potential biotechnological use

Cotoras, D.<sup>1\*</sup>, Viedma, P.<sup>1</sup> y Osman, J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

\*Correo electrónico: dcotoras@uchile.cl

Los microbialitos son estructuras órgano-sedimentarias formadas por precipitación de minerales inducida por microorganismos. Ellos son el registro fósil más importante de la vida microbiológica temprana en la Tierra. Se pueden diferenciar, por su estructura interna, en estromatolitos (bien laminados) y trombolitos (sin laminar). Los microbialitos modernos o vivos se encuentran hoy distribuidos en pocos lugares del planeta. En este trabajo, estudiamos los microbialitos de la laguna Interna del Salar de Atacama y los trombolitos del lago Sarmiento en el Parque Nacional Torres del Paine. El objetivo del estudio fue caracterizar las comunidades microbianas de estos microbialitos mediante la secuenciación de la región V4 del gen ARNr 16S y determinar la composición de los minerales por difracción de rayos X. Ambos microbialitos estaban compuestos principalmente por carbonatos. El estromatolito de la laguna Interna del salar de atacama estaba formado esencialmente por aragonita, en cambio el trombolito del lago Sarmiento por calcita magnesiana. Los análisis filogenéticos mostraron que Proteobacteria, Bacteroidetes, Planctomycetes, Spirochaetes, Verrucomicrobia y Chloroflexi son los filos dominantes en las comunidades bacterianas del estromatolito de laguna Interna, mientras que los filos Proteobacteria, Verrucomicrobia, Planctomycetes y Bacteroidetes predominan en los trombolitos del lago Sarmiento. Fue posible mantener muestras de ambos tipos de microbialitos en microcosmos en el laboratorio, simulando las composiciones químicas del agua. La composición de la comunidad microbiana de los microcosmos fue similar, a nivel de filos, a la de los microbialitos originales, existiendo diferencias a nivel de familias y géneros. Las comunidades bacterianas presentan diferencias cuantitativas con las de otros microbialitos descritos en otras regiones de mundo. Se concluye que es fundamental continuar realizando análisis profundos de las comunidades microbianas de los microbialitos y sus mecanismos de mineralización. Debido a su importancia científica, se sugiere proteger estas estructuras evitando potenciales impactos ambientales antropogénicos que afecten a estos lagos y lagunas (actividades náuticas, extracción minera).

Proyecto FONDEF IDeA CA13I10019 y IT16M10002. Agradecemos a las Comunidades Atacameñas de Peine y Coyo y a la CONAF por las autorizaciones de muestreo.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Metabarcoding en hongos de suelo de tres ecosistemas diferentes de la cordillera Occidental del Valle del Cauca, Colombia

Metabarcoding of soil fungi from three different ecosystems of the Western range in Valle Del Cauca, Colombia

Duque-Zapata, J.D.<sup>1\*</sup>, Muñoz-Florez, J.M.<sup>1</sup>, Velez-Martinez, G.A.<sup>1</sup>, Reyes-Ardila, W.<sup>1</sup>, Rugeles-Silva, P.A.<sup>1</sup> y Lopez-Alvarez, D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia.

\*Correo electrónico: [jduquez@unal.edu.co](mailto:jduquez@unal.edu.co)

Los hongos desempeñan un papel fundamental en diferentes ecosistemas, siendo mutualistas, saprófitos y patógenos. Sus interacciones pueden influir en los ciclos bioquímicos, el ciclo de los nutrientes y el mantenimiento de la biodiversidad. Se secuenció el amplicon ARNr ITS1-ITS5 usando NovaSeq 6000 para 62 muestras asociadas a suelos de los ecosistemas de bosque seco tropical, bosque andino y páramo en la cordillera occidental del Valle del Cauca, Colombia. Se obtuvieron un total de 11.933.646 lecturas, que fueron procesadas usando Qiime2 y empleando la base de datos taxonómica de Unite, para un total de 7.108 ASVs, encontrando 12 filos, 106 órdenes, 279 familias, 619 géneros y 797 especies. El filo con mayor abundancia relativa fue Ascomycota (76%), seguido de Basidiomycota (14%). A nivel de familia fue *Archaeorhizomycetaceae* con un 50,6% de abundancia, siendo consistente con los géneros encontrados, donde *Archaeorhizomyces* fue el más abundante (53%). A nivel de especies, el ecosistema con mayor presencia de especies (645; 81%) fue el bosque seco tropical seguido de Bosque andino (508; 63,7%). El índice de rareza estuvo alrededor de 0,8 sugiriendo la presencia de especies únicas en los ecosistemas, siendo el bosque seco tropical el que mayor número de especies únicas presentó con 257; algunas de estas especies fueron identificadas con ~97% de confianza como *Peniophorella pallida* en Páramo, *Clavulinopsis fusiformis* y *Clitopilus scyphoides* en bosque seco tropical, *Penicillium atosanguineum* y *Aspergillus inflatus* en bosque andino. Por otro lado, el índice de equidad de Pielou, presentó valores alrededor 0,7 en los tres ecosistemas lo que podría sugerir una abundancia equitativa en cada uno de los sitios. El análisis de predicción de los perfiles funcionales obtenido con FUNGuild muestra que el 5,74% de los ASV podrían estar implicados en actividades saprófitas y el 3,23% podrían estar implicados como patógenos en plantas o animales.



## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Reconstrucción de nuevos genomas bacterianos a partir de metagenomas de sedimento del Pacífico colombiano

Reconstruction of new bacterial genomes from Colombian Pacific sediment metagenomes

Gil-Ordóñez, A.<sup>1\*</sup>, López-Álvarez, D.<sup>1,2</sup> y Castillo, A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad del Valle, Cali, Colombia. <sup>2</sup>Universidad Nacional de Colombia - Sede Palmira, Palmira, Colombia.

\*Correo electrónico: gil.alejandra@correounivalle.edu.co

El sedimento es uno de los hábitat microbianos más diversos y enigmáticos del planeta. El auge de la secuenciación masiva ha permitido revelar la estructura taxonómica y el potencial genómico de estas comunidades; no obstante, son pocos los estudios que evalúan el microbioma sedimentario con metagenómica no dirigida en Colombia. Una de las ventajas de la metagenómica no dirigida es que permite reconstruir *de novo* genomas con alta representatividad. Esto resulta especialmente útil para conocer microorganismos novedosos. El siguiente reporte empleó datos metagenómicos y ambientales de sedimento de río y playa del Pacífico colombiano (Magüipi-Buenaventura). La secuenciación se realizó con la plataforma Illumina NovaSeq™ 6000, obteniendo un promedio de  $76,02 \pm 12,07$  (mín.: 59,34, máx.: 93,02) millones de lecturas pareadas por muestra. Se ensamblaron contigs de mínimo 450 bp (MegaHIT), y se realizó el proceso de binning (MetaBAT2, MaxBin), refinamiento (DAS Tool) y evaluación de bins (CheckM). Los MAGs de alta calidad (completitud > 90%, contaminación < 5%) se anotaron (Prodigal) y se re-evaluaron con BUSCO. Adicionalmente, se calcularon las métricas de ensamblaje (BBmap) y la profundidad de secuenciación (Qualimap). Se reconstruyeron 6 genomas de alta calidad pertenecientes a los phyla Acidobacteria (n: 2, GC promedio: 60,05%, N50: 57,21kb) y Firmicutes (n: 1, GC: 70,10%, N50: 36,76kb) en río, y al phylum Actinobacteria (n: 3, GC promedio: 69,73%, N50: 28,97kb) en playa, con una cobertura de promedio de  $27,87 \pm 5,25$  (mín.: 23,11, máx.: 38,00). La identidad taxonómica coincide con los phyla dominantes y el potencial funcional detectado en los ambientes muestreados, implicado en el flujo de nutrientes a través de los ciclos biogeoquímicos, vinculados principalmente en procesos de biodegradación de carbohidratos, aminácidos y derivados. El ensamblaje de estos genomas contribuye con la comprensión del rol de los microorganismos sedimentarios en el ecosistema costero.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Identificación de lipopéptidos antifúngicos producidos por *Bacillus* spp. por el método qPCR

Identification of antifungal lipopeptides produced by *Bacillus* spp. by the qPCR method

**Kanazawa, S.<sup>1,2\*</sup>, Gini-Álvarez, A.<sup>1</sup>, Martínez, M.<sup>1</sup>, Viveros, A.<sup>1</sup>, Núñez, A.<sup>1</sup>, Sarmiento, M.<sup>1</sup>, Acuña, A.<sup>1</sup> y Arrua, A.<sup>1\*</sup>**

<sup>1</sup>Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, San Lorenzo, Paraguay. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay.

\*Correos electrónicos: kanazawasachio@gmail.com; andrea.arrua@cemit.una.py

El cultivo de frutilla es un rubro destacado en el ámbito agropecuario del Paraguay, siendo de gran importancia para los pequeños productores debido a su sostenida demanda. La producción se centra en la región Oriental del país, departamento Central, donde es producida por pequeñas fincas familiares, por lo que este cultivo se considera la principal fuente de ingreso y, a su vez, fomenta las actividades tradicionales y culturales del país. Se estima que se cultivan unas 400 ha de este fruto y su rendimiento es aproximadamente de 100mil kg/ha. El hongo del género *Pestalotiopsis* es un fitopatógeno que se ha reportado recientemente en varias zonas frutícolas del mundo, pudiendo ocasionar bajas en el rendimiento. Para controlar la propagación de este hongo fitopatógeno, se emplean agentes químicos como los fungicidas, sin embargo, estos además de aumentar los costos de producción, incrementan la polución ambiental y, a su vez, pudiendo generar resistencia del hongo frente al fungicida. Por lo tanto, los agentes biológicos son una alternativa más amigable y sostenible tanto para la producción agroecológica y el medio ambiente. El objetivo de esta investigación fue aislar de zonas frutilleras cepas de bacterias del género *Bacillus* e identificar la cepa más eficiente para el control del fitopatógeno. Se realizaron ensayos de confrontación frente a *Pestalotiopsis* sp. La cepa que produjo mayor inhibición de crecimiento fue seleccionada. Se extrajo DNA mediante el kit Wizard® HMW DNA y posteriormente se empleó qPCR para identificar los lipopéptidos antifúngicos mediante los primers As1-F y Ts2-R. La cepa B22 demostró ser un potencial inhibidor de *Pestalotiopsis* sp. en el ensayo *in vitro*, inhibiendo el crecimiento en un 71% y se identificó mediante qPCR que produce el lipopéptido antifúngico “sufractina”.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Microbioma del suelo y su asociación con las comunidades vegetales del ecosistema mediterráneo de Chile Central en el Parque Nacional La Campana

Soil microbiome and its association with the plant communities of the Mediterranean ecosystem of Central Chile in La Campana National Park

**Quinteros-Urquieta, C.<sup>1\*</sup>, Pierre Francois, J.P.<sup>1,2</sup>, Orellana, R.<sup>1,2</sup>, Saavedra, F.<sup>1,2</sup>, Aguilar, P.<sup>1</sup>, Aguirre, Y.<sup>1,2</sup>, Hernández, P.<sup>2</sup>, Ramírez, P.<sup>2,3</sup> y Molina, V.<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>HUB Ambiental UPLA, Universidad de Playa Ancha, Av. Leopoldo Carvallo 207, Valparaíso, Chile. <sup>2</sup>Depto de Ciencias y Geografía, Universidad de Playa Ancha, Av. Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile.

<sup>3</sup>Herbario VALPL, Universidad de Playa Ancha, Av. Leopoldo Carvallo 207, Valparaíso, Chile.

\*Correo electrónico: carolina.quinteros.u@gmail.com

Al centro del “hotspot” de biodiversidad en Chile Central se ubica el Parque Nacional La Campana (PNLC), globalmente reconocido por su flora y fauna, y menormente por su riqueza microbiana. El objetivo de esta investigación fue caracterizar la estructura microbiana y su relación con comunidades vegetacionales presentes en el PNLC: matorral esclerófilo, xerófito y bosque de palmas de orientación sur, norte y oeste-fondo de quebrada, respectivamente, distribuidos en función de variables topoclimáticas como la exposición, elevación y pendiente. Para esto, se realizó una caracterización de los ecosistemas vegetacionales y la composición microbiana del suelo, utilizando secuenciación masiva (iTag-16S rRNA, V4 e ITS1-5F) a partir del ADN extraído desde suelos (n=16). Los análisis de estructura de las comunidades microbianas se realizaron en la plataforma QIIME2. En general, los filos más representativos encontrados fueron: para bacterias Proteobacteria (34,26%), Actinobacteria (30,94%), Acidobacteria (10,65%), en hongos Ascomycota (68,52%) y Basidiomycota (13,25%). Además, se encontró una predominancia de Crenarchaeota, Mortierella y Humicola en suelos del matorral esclerófilo (sur) en comparación al resto de los sitios. Una alta representación de Chloroflexi, Cyanobacteria y Alternaria en suelos de matorral xerófito, y de Proteobacterias y Solicocozyma Terrea en los suelos dominados por Palma. La beta-diversidad estimada mediante la distancia Unifrac ponderada (63,4% en sus ejes) indica que bacterias y arqueas se asocian a sus categorías vegetacionales, siendo el matorral xerófito la formación vegetal que presenta una comunidad microbiana más particular, lo que se repite en hongos pero solo con 40,1% en sus ejes. En conclusión, los consorcios microbianos exhiben una estructura y composición representativa de la vegetación presente en el PNLC, relacionadas con sus variables topoclimáticas, sugiriendo la estrecha relación entre el microbioma circundante del suelo.

Proyecto FONDECYT 11170566, Proyecto FONDECYT 1211977, Fondo interno de desarrollo regional UPLA: CNE 23-20 “Fijadores de nitrógeno en costras biológicas bio-enriquecedores del suelo de la región” y ANID BECA DOCTORADO NACIONAL 2022, Folio N°21221130. Agradecimientos a la Corporación Nacional Forestal (CONAF), a la Administración del Parque Nacional La Campana y a sus guardaparques.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Análisis bioinformáticos de proteínas expuestas a ambientes ácidos en la clase *Acidithiobacillia*

Bioinformatic analysis of surface proteins exposed to acidic environments in the class *Acidithiobacillia*

**Rivera-Derpich, D.<sup>1,2\*</sup>, González, C.<sup>2</sup> y Holmes, D.S.<sup>2,3</sup>**

<sup>1</sup>Escuela Ingeniería en Biotecnología, Carrera de Ingeniería en Biotecnología, Escuela de Biociencias, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello. Santiago, Chile. <sup>2</sup>Center for Bioinformatics and Genome Biology, Centro Ciencia y Vida, Fundación Ciencia y Vida, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Facultad de Medicina y Ciencia, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile.

\*Correo electrónico: [diego.rivera.derpich@gmail.com](mailto:diego.rivera.derpich@gmail.com)

La clase *Acidithiobacillia*, perteneciente al filo *Proteobacteria*, comprende un orden y cinco géneros. Esta clase destaca por presentar dos estilos de vida en sus representantes, mientras la familia *Thermithiobacillaceae* con el género *Thermithiobacillus* representa el estilo neutrófilo, la familia *Acidithiobacillaceae* con los géneros *Acidithiobacillus*, *Ferriacidithiobacillus*, *Igneacidithiobacillus* y *Ambacidithiobacillus* son acidófilos extremos (crecen pH < 3). La dualidad de estilos de vida en esta clase suscita interrogantes sobre los mecanismos evolutivos que explican la transición de un ancestro neutrófilo a uno que puede sobrevivir y prosperar en ambientes ácidos extremos. Los microorganismos acidófilos extremos poseen características genómicas que les permiten sobrevivir y prosperar óptimamente en nichos ecológicos con bajo pH. En este trabajo se revisaron >100 genomas de la clase *Acidithiobacillia* enfocándose en las proteínas de superficie con herramientas de genómica comparativa, localización subcelular, visualización de contexto genómico, estimación punto isoelectrico y tasa de sustitución (dN/dS), entre otros. Se observaron menores tasas de sustitución entre proteínas de superficie de acidófilos, sugiriendo la existencia de fuerzas estabilizadoras (contra reemplazos no sinónimos), que se incrementan al compararse con proteína de superficie neutrófilas; además, de menor presencia de aminoácidos negativos en las proteínas superficiales acidófilas comparado con las de neutrófilos, y agrupaciones filogenéticas distintivas entre genomas acidófilos y neutrófilos. En este trabajo se identificaron y caracterizaron proteínas conservadas en *Acidithiobacillia* (MlaD, TolB, S41 peptidase, Lytic transglycosylase) expuestas al pH ácido, concluyendo que éstas presentan propiedades genómicas que explican su predisposición a ambientes neutros o ácidos. Además, este estudio contribuye con nuevos conocimientos sobre los microorganismos acidófilos extremos, potenciando su uso en biominería (biolixiviación) y en biorremediación (metales pesados).

Fondecyt 1181717 y FB210008 Financiamiento Basal para Centros Científicos y Tecnológicos de Excelencia de ANID.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Genomic mechanisms shape acidophilic lifestyle in the Acidithiobacillia class

González-Rosales, C.<sup>1\*</sup>, Vergara, E.<sup>1,2</sup>, Dopson, M.<sup>3</sup>, Valdés, J.<sup>4</sup> y Holmes, D.S.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Center for Bioinformatics and Genome Biology, Centro Ciencia y Vida, Fundación Ciencia y Vida, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Universidad San Sebastián, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Center for Ecology and Evolution in Microbial Model Systems (EEMiS), Linnaeus University, Kalmar, Sweden. <sup>4</sup>Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.

\*Correo electrónico: carola.mgr@gmail.com

Extreme acidophiles thrive in environments rich in protons (pH values < 3) and often high levels of dissolved heavy metals. They are distributed across the three domains of the Tree of Life including members of the Proteobacteria. The Acidithiobacillia class is formed by the neutrophilic genus *Thermithiobacillus* along with the extremely acidophilic genera *Ferroidacidithiobacillus*, *Igneacidithiobacillus*, *Ambacidithiobacillus*, and *Acidithiobacillus*. Phylogenomic reconstruction revealed a division in the Acidithiobacillia class correlating with the different pH optima that suggested the acidophilic genera evolved from an ancestral neutrophile within the Acidithiobacillia. Genes and mechanisms denominated as “first line of defense” were key to explaining the Acidithiobacillia acidophilic lifestyle including preventing protons influx that allows the cell to maintain a near neutral cytoplasmic pH and differs from the neutrophilic Acidithiobacillia ancestors that lacked these systems. Additional differences between the neutrophilic and acidophilic Acidithiobacillia included the higher number of genes copies in the acidophilic genera coding for “second line of defense” systems that neutralize and/or expel protons from cell. Gain of genes such as hopanoid biosynthesis involved in membrane stabilization at low pH and the functional redundancy for generating an internal positive membrane potential revealed the transition from neutrophilic properties to a new acidophilic lifestyle by shaping the *Acidithiobacillaceae* genomic structure. Although a core of mechanisms for acid resistance was inherited vertically from an inferred neutrophilic ancestor, the majority of mechanisms, especially those potentially involved in resistance to extremely low pH were obtained from other extreme acidophiles by horizontal gene transfer (HGT) events.

Fondecyt 1181717 and FB210008 Financiamiento Basal para Centros Científicos y Tecnológicos de Excelencia de ANID.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Implementación de una colección peruana de cepas de *Burkholderia sensu stricto* con potencial biotecnológico en agricultura

Implementation of a Peruvian collection of *Burkholderia sensu stricto* strains with biotechnological potential in agriculture

Valdez-Nuñez, R.A.<sup>1,4\*</sup>, Ramos-Luna, L.C.<sup>1,4\*</sup>, Sandoval-Vergara, A.N.<sup>3\*</sup>,  
Chávez-Galarza, J.C.<sup>1,4\*</sup> y Bena, G.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Barranca, Barranca, Perú. <sup>2</sup>Plant Health Institute of Montpellier, Montpellier, Francia. <sup>3</sup>Universidad Nacional de San Martín, Tarapoto, Perú. <sup>4</sup>Grupo de investigación en Bioprospección y Biotecnología Microbiana, Universidad Nacional de Barranca.

\*Correos electrónicos: rvaldez@unab.edu.pe; lramosl152@unab.edu.pe; ansandoval@unsm.edu.pe; jchavezg@unab.edu.pe; gilles.bena@ird.fr

*Burkholderia sensu stricto* (s.s.), está conformada por especies muy versátiles, desde patógenos de plantas como *Burkholderia glumae*, hasta patógenos oportunistas incluidos en el complejo *Burkholderia cepacia* (Bcc). Algunos miembros del Bcc presentan un gran potencial biotecnológico siendo productoras de enzimas hidrolíticas y sustancias bioactivas, que promueven el crecimiento y salud de las plantas. El objetivo del presente estudio fue establecer una colección de *Burkholderia* s.s. aisladas de cultivares de *Oryza sativa* "arroz" procedentes de la región San Martín, Perú. Las cepas con potencial fitobenéfico fueron aisladas de raíces esterilizadas en superficie (endófito), crecieron en medio semisólido MJV libre de nitrógeno mineral (fijación de nitrógeno) y produjeron sideróforos en Agar CAS. Por el contrario, las cepas con potencial fitopatógeno fueron aisladas de granos de arroz sembrados en medio CCNT modificado expresando la producción de toxoflavina. Para estudiar la diversidad intraespecífica se realizaron perfiles genómicos empleando el primer BOX-A1R. La discriminación a nivel de género se realizó amplificando el gen *RecA* (704 pb) específico de *Burkholderia*. La amplificación del gen *ToxB* (508 pb) que codifica la ciclohidrolasa GTP e involucrada en la producción de toxoflavina fue el criterio para discernir cepas de *Burkholderia* fitopatógenas.

**IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos****Caracterización taxonómica y diferencias ecológicas de las bacterias del suelo en ecosistemas terrestres del Valle del Cauca, Colombia**

Taxonomic characterization and ecological differences of soil bacteria in terrestrial ecosystems in Valle del Cauca, Colombia

**Velez-Martinez, G.A.<sup>1</sup>, Muñoz-Florez, J.E.<sup>1</sup>, Rugeles-Silva, P.A.<sup>1</sup> y López-Álvarez, D.<sup>1</sup>**<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, Palmira, Colombia.

\*Correo electrónico: glvelez@unal.edu.co

Los microorganismos en bosques y páramos son ejes claves en el mantenimiento de los ecosistemas por sus actividades de descomposición, control de patógenos, nutrición de plantas e intervención en los ciclos biogeoquímicos. Bajo la destrucción de los hábitats terrestres en Colombia, los proyectos de caracterización de la diversidad constituyen los primeros esfuerzos para conocer los recursos microbianos en ecosistemas conservados. Este trabajo tuvo como objetivo caracterizar las comunidades bacterianas del suelo y evaluar parámetros ecológicos en bosques andinos (BA), bosques secos tropicales (BST) y páramo (PA), utilizando metabarcoding (regiones hipervariables del gen 16S rRNA, V3V4 amplificadas con los cebadores 341F-805R). Se estableció un gradiente altitudinal en la vertiente oriental de la cordillera occidental del Valle del Cauca con las localidades: Mateguadua (1.000 msnm) y El Vínculo (1.200 msnm) como BST, El Pailón (2.400 msnm) como BA y Las Domínguez (3.800 msnm) como PA. Los filos más abundantes fueron Proteobacteria (32,28%), Actinobacteria (16,41%), Verrucomicrobia (12,95%), Firmicutes (12,18%) y Acidobacteria (9,86%). Este último aumentó su abundancia con el gradiente, mientras que Firmicutes decreció en abundancia con la altitud. Los parámetros de diversidad alfa mostraron que el índice de Shannon fue alto en todas las localidades (>5), incrementándose en las tres primeras localidades y una significativa disminución en el páramo. La dominancia por parte de la especie *Bacillus fumarioli* en Mateguadua condujo que esta localidad presentara el índice de Berger-Parker más alto y un decrecimiento con el aumento de la altitud. Por su parte, la equidad de Pielou mostró el comportamiento inverso esperado a la dominancia, con valores mayores en las dos localidades mas altas. La rareza de taxones con bajas abundancias fue superior también en las localidades del Pailón y Domínguez. Nuestros resultados sugieren que las comunidades bacterianas presentan diferencias en los parámetros ecológicos siguiendo el gradiente altitudinal y ecosistémico.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Estudio *in vitro* de cepas nativas de *Trichoderma* spp. de Paraguay aislados de frutilla, como agentes de control biológico de *Fusarium* sp.

In vitro study of native strains of *Trichoderma* spp. from Paraguay isolated from strawberry, as biological control agents of *Fusarium* sp.

Marchuk, C.<sup>1\*</sup>, Gini-Álvarez, A.<sup>1</sup> y Arrua, A.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, San Lorenzo, Paraguay.

\*Correos electrónicos: marchukcecilia@gmail.com; andrea.arrua@cemit.una.py

En Paraguay, la frutilla es uno de los cultivos de mayor importancia a nivel social, cultural y económico para los pequeños agricultores, con mayor preponderancia en los distritos de Areguá, Itauguá y Ypacarai, en el Departamento Central, siendo éstas, las áreas de mayor producción agrícola en el país. Uno de los factores que condicionan la producción son los hongos fitopatógenos, capaces de ocasionar bajas en los rendimientos de la producción, entre ellos se destaca *Fusarium* spp. que produce marchitez en las hojas y achicamiento de la planta. Existen pocos fungicidas indicados para el cultivo de frutilla y algunos pueden afectar la inocuidad del producto y contaminar el medio ambiente. *Trichoderma* spp. es un hongo antagonista de diversos patógenos y reportado en numerosos estudios como un biocontrolador eficiente. El objetivo de esta investigación fue evaluar cepas de *Trichoderma* spp. aisladas de plantas de frutilla, mediante ensayos microbiológicos para seleccionar las más adecuadas para el control del *Fusarium* sp. Para ello, se trabajó con 12 cepas de *Trichoderma* spp. sobre las que se evaluó la competencia por sustrato *in situ*, y a distancia por medio de la producción de metabolitos. Para la primera, la capacidad antagonica se determinó por el método de cultivos duales en placas de Petri, midiendo el crecimiento radial y determinando el porcentaje de inhibición del crecimiento del patógeno. La capacidad fungistática o antibiosis se determinó por el método de placas superpuestas, colocando en el fondo inferior a la cepa de *Trichoderma* spp. y en el fondo superior la del *Fusarium* sp. Todas las cepas evaluadas mostraron una capacidad inhibitoria, sobresaliendo la cepa TF13 con un 44% de inhibición en método de cultivos duales, y la cepa TF7 con un 41,67% de inhibición en el método de placas superpuestas.



## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Metagenómica de la rizósfera de *Fragaria chiloensis* para la identificación de nuevos genomas bacterianos

Rhizosphere metagenomics of *Fragaria chiloensis* for the identification of new bacterial genomes

Farkas, C.<sup>1\*</sup>, Castro, J.F.<sup>2\*</sup>, Guerra, M.<sup>2</sup> y Carrasco-Fernández, J.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Investigación en Ciencias Biomédicas, Departamento de Ciencias Básicas y Morfología, Facultad de Medicina, Universidad Católica de la Santísima Concepción, Concepción, Chile. <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Quilamapu, Av. Vicente Méndez, 515, Chillán, Chile.

\*Correos electrónicos: cfarkas@ucsc.cl; jean.castro@inia.cl

Species classification in bacteria is often limited in genomes reconstructed from metagenomes, involving high redundancy and limited competition of bins. For metagenomic classification to the genus level, several binning methods have been proposed. These methods are typically based on coverage and nucleotide composition (*e.g.* CONCOCT) or the Expectation-Maximization (EM) algorithm (*e.g.* MaxBin2). In this study, we assembled and annotated metagenomes derived from the rhizosphere of the *Fragaria chiloensis* in the two botanical forms: wild (*F. chiloensis* subsp. *chiloensis* f. *patagonica*) and cultivated (*F. chiloensis* subsp. *chiloensis* f. *chiloensis*). As expected, the microorganism diversity was noticeably higher in wild samples compared to cultivated. In both cases, MaxBin2 binning resulted in highly redundant and contaminated binning, leading to low quality metagenome-assembled genomes (MAGs). Using Semi-supervised Metagenomic Binning using Siamese Neural Networks (SemiBin) coupled with MaxBin2 and the Anvi'o framework, we successfully recovered several bacterial genomes involved in the assimilation and/or dissimilation of nitrate reduction, reductive citrate cycle (Arnon-Buchanan cycle), GABA production, and pathways involved in the biosynthesis and degradation of primary and secondary metabolites, respectively. Although the bacterial members were highly different in both communities, the enriched metabolic pathways in both metagenomes were remarkably similar. We unraveled an intimate metabolic influx and efflux between the plant and these communities leading to better understanding of the relationship between bacteria in the rhizosphere of *Fragaria chiloensis* and the host, and their roles in its fitness and growth. The new reconstructed genomes will serve as a reference point to other researchers in the characterization of the rhizosphere of similar plants.

Fondecyt de Iniciación 11191074: Microbiota of wild Chilean strawberry: a reservoir of genetic diversity for biological control and plant-growth promotion.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Control biológico de enfermedades de plantas en México mediante el uso de recursos microbianos

Biocontrol of plant diseases in Mexico using microbial resources

Quiñones-Aguilar, E.E.<sup>1</sup>, Payan-Almaza, J.D.<sup>1</sup>, Ríos-Sandoval, M.<sup>1</sup>, Solís-Sánchez, G.A.<sup>1</sup>, Ibarra-Rivera, G.<sup>1</sup>, Candelas-Delgado, I.A.<sup>1</sup>, Evangelista-Martínez, Z.<sup>2</sup>, Enríquez-Vara, J.N.<sup>1</sup>, López-Pérez, L.<sup>3</sup> y Rincón-Enríquez, G.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Fitopatología-Biotecnología Vegetal. <sup>2</sup>Unidad Sureste, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, Camino Arenero 1227, C.P. 45019, Zapopan, Jalisco, México.

<sup>3</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, C.P. 58880, Tarímbaro, Michoacán, México.

\*Correo electrónico: grincon@ciatej.mx

El uso intensivo de agroquímicos para el manejo fitosanitario en el cultivo de plantas ha conducido a seleccionar cepas de fitopatógenos resistentes a esas moléculas químicas, además de contaminación de agua, suelo y los alimentos. Actualmente, se buscan alternativas que sean compatibles con el uso de productos químicos con el fin de hacer un manejo integrado donde el control químico disminuya significativamente, por lo cual en el presente trabajo el objetivo fue aislar, caracterizar y evaluar recursos microbianos para el control biológico de enfermedades bacterianas y fúngicas de importancia agrícola en México. Para el control de bacterias de los géneros *Xanthomonas* spp. y *Pseudomonas* spp. se han aislado, caracterizado y evaluado bacteriófagos; como principal resultado actualmente se tiene una formulación con fagos para el control significativo (Tukey,  $p \leq 0,05$ ) de la mancha bacteriana (*X. euvesicatoria*) en el cultivo de chile (*Capsicum annuum* L.) en invernadero y campo. Para el caso de enfermedades fúngicas se tiene una colección de 600 cepas de actinobacterias y de 30 cepas de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) con capacidades para controlar *in vitro* el crecimiento de hongos fitopatógenos como *Fusarium oxysporum*, *Rhizoctonia solani*, entre otros, y omicetos como *Phytophthora capsici*. Igualmente, algunas de estas actinobacterias inhiben el crecimiento de bacterias fitopatógenas de los géneros mencionados anteriormente. Respecto a los HMA se tiene cepas de *Funneliformes mossea* con capacidad de inhibir la colonización de *F. oxysporum* en el cultivo de agave tequilero (*Agave tequilana* var. Azul) en macetas y por tanto la disminución de la pudrición seca de este agave. Mientras, para *P. capsici* el tratamiento con HMA y con extractos de actinobacterias en condiciones *in vivo* mostró una disminución significativa (Tukey,  $p \leq 0,05$ ) de la marchitez del chile. El uso de recursos microbianos puede estar orientado al desarrollo de bioinsumos para el biocontrol de enfermedades de importancia agrícola.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Evaluación de sustratos para generar propágulos de micorriza arbuscular de Chile central a partir de distintos suelos

Evaluation of substrates to generate propagules of arbuscular mycorrhiza of central Chile from different soils

Quintana-Valdés, E.<sup>1\*</sup>, Silva-Flores, P.<sup>2,3</sup>, Guzmán-Godoy, V.<sup>1</sup>,  
Cabrera-Ariza, A.<sup>2,3</sup> y Santelices, R.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Estudiante Carrera de Ingeniería en Biotecnología, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile. <sup>2</sup>Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule (CIEAM), Vicerrectoría de Investigación y Postgrado (VRIP), Universidad Católica del Maule, Talca, Chile. <sup>3</sup>Centro del Secano, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

\*Correo electrónico: psilva@ucm.cl

En la demanda urgente de prácticas agrícolas que minimicen los daños medioambientales y que estén adaptadas a condiciones ambientales adversas debido al cambio climático, el uso de micorriza arbuscular (MA) mejoraría el rendimiento y la sustentabilidad en la agricultura. A nivel global no existe un método estándar de cultivo de MA y en ese contexto, actualmente no hay disponible un método específico para el cultivo de MA de Chile central que permita aprovechar su uso en esa zona. Dicho esto, este estudio tiene por objetivo determinar un sustrato que permita generar un alto número de propágulos de MA de Chile central a partir de distintos suelos. Para esto se hicieron cultivos de MA en *Allium porrum* a partir de suelos de dos localidades de Chile central, con y sin perturbación por fuego en tres sustratos distintos: arena, arena/turba y turba; y se cuantificó el número de propágulos producidos (esporas y MA). Los resultados indicaron que, en general, los sustratos no presentaron diferencias significativas en el porcentaje de MA, independiente de la localidad y de la perturbación por fuego. No obstante, en promedio se produjo un mayor porcentaje de micorrización en aquellos cultivos que provenían de suelos afectados por fuego. Además, fue significativamente mayor la producción de esporas en cultivos cuyo suelo de origen fue afectado por fuego. Por último, se observó que se alcanzaron valores promedio más altos en el sustrato arena/turba respecto a la turba por sí sola, pero no difiriendo de la arena. Estos resultados permiten sugerir el uso de arena para propagar MA ya que es un sustrato más económico y más sostenible respecto a la turba; y aislamiento de hongos desde suelos perturbados por fuego, de forma tal de conseguir mayor número de propágulos de MA.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Evaluación de bacterias resistentes a mercurio aisladas a partir de ecosistemas amazónicos afectados por minería de oro

Evaluation of mercury-resistant bacteria isolated from Amazonian ecosystems affected by gold mining

**Cardona, G.I.<sup>1\*</sup>, Escobar, M.C.<sup>1,2</sup>, Acosta-González, A.<sup>3</sup>, Niño-García, J.P.<sup>2</sup> y Marqués, S.<sup>4</sup>**

<sup>1</sup>Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas Sinchi, Bogotá, Colombia. <sup>2</sup>Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. <sup>3</sup>Universidad de la Sabana, Chía, Colombia. <sup>4</sup>Estación Experimental del Zaidín, Granada, España.

\*Correo electrónico: gcardona@sinchi.org.co

En tres sitios de la región amazónica colombiana (Tarapacá, Taraira y Puerto Sábalo los Monos), afectados por la extracción artesanal de oro, se tomaron muestras de aguas superficiales, sedimentos y suelos de bosque inundable. En estos sitios se encontró que las concentraciones de mercurio (Hg) en los suelos ( $2,0 \pm 8,1$  mg Hg Kg<sup>-1</sup>) son más altas, en comparación con las concentraciones de Hg en las aguas superficiales ( $0,01 \pm 0,03$  mg Hg L<sup>-1</sup>) y en los sedimentos ( $0,4 \pm 1,5$  mg Hg Kg<sup>-1</sup>). Con estas muestras se realizó el aislamiento de cepas resistentes a Hg, con diferentes metodologías, a partir de medios sólidos y/o líquidos suplementados con 10 - 80 mg HgCl L<sup>-1</sup>, logrando así el aislamiento de 100 bacterias y 10 levaduras. De acuerdo con la secuenciación del gen ARNr 16S, se identificaron los géneros: *Achromobacter*, *Acidovorax*, *Acinetobacter*, *Bacillus*, *Brevundimonas*, *Burkholderia*, *Enterococcus*, *Lysinibacillus*, *Microbacterium*, *Paenibacillus*, *Pantoea*, *Pseudarthrobacter*, *Pseudomonas*, *Psychrobacillus*, *Ralstonia*, *Serratia*, *Shewanella*, *Staphylococcus* y *Stenotrophomonas*. Adicionalmente, con el marcador ITS (18S-5S) se identificaron las levaduras *Rhodotorula*, *Yarrowia*, *Aureobasidium*, *Rhodococcus* y *Cryptococcus*. También, se comprobó la presencia del gen *merA* en 24 de las cepas evaluadas, encargado de realizar la reducción de Hg<sup>+2</sup> a Hg<sup>0</sup>, estado en el que el Hg es volátil, relativamente inerte y menos tóxico. La mayoría de las cepas bacterianas altamente resistentes a Hg (CMI > 40 mg HgCl<sub>2</sub> L<sup>-1</sup>) se aislaron de muestras de suelo y sedimentos. Dos cepas pertenecientes a los géneros, *Pseudomonas* sp. (TP30) y *Burkholderia contaminans* (TR100) presentaron mayores niveles de resistencia (MIC = 64 y 71 mg L<sup>-1</sup> HgCl<sub>2</sub>, respectivamente), lo que las convierte en buenas candidatas para su aplicación en estrategias de biorremediación de Hg. Para ello se propone la co-aplicación de un consorcio microbiano diseñado a partir de las cepas candidatas y un biochar generado de sub-productos agroindustriales provenientes de la región amazónica.

## IV Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### El mucílago de *Opuntia ficus-indica* y extracto de *Stevia rebaudiana* como protectores al ataque de *Penicillium digitatum* en frutos de *Citrus sinensis*

*Opuntia ficus-indica* mucilage and *Stevia rebaudiana* extract as protectors against the attack of *Penicillium digitatum* in *Citrus sinensis* fruits

**Betancourt-Muñoz, F.<sup>1\*</sup> y Chico-Ruiz, J.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Trujillo, Trujillo, Perú. <sup>2</sup>Laboratorio de Fitopatología, Universidad Nacional de Trujillo, Trujillo, Perú.

\*Correos electrónicos: jbetancourt@unitru.edu.pe; jchico@unitru.edu.pe

Varias especies del género *Penicillium* causan la mayoría de pérdidas en *Citrus sinensis* “mandarina” en condiciones de post cosecha a nivel mundial. Se controla usando fungicidas, pero estas sustancias causan daño a la salud del hombre, planta y medio ambiente. Una alternativa debe ser el uso de productos naturales de plantas, por consiguiente, el objetivo de este trabajo fue demostrar el efecto protector del mucílago de *Opuntia ficus indica*, “tuna” y extracto acuoso de la hoja de *Stevia rebaudiana* en las mandarinas contra el ataque de *Penicillium digitatum*. El diseño experimental al azar consistió de extractos al 0%, 1%, 5% y 10% para *Opuntia ficus indica*, “tuna”, de extractos al 0%, 1%, 3% y 5% para *Stevia rebaudiana* y extractos al 0%, 1%+1%, 1%+3%, 1%+5%, 5%+1%, 5%+3%, 5%+5%, 10%+1%, 10%+3%, 10%+5% de las combinaciones de ambos extractos vegetales respectivamente con tres repeticiones cada uno, a ocho días de evaluación. También se realizaron experiencias *in vitro* con el “medio envenenado” (Agar Papa + Extracto Acuoso) con las mismas concentraciones, el cual se sembró el patógeno *Penicillium digitatum* en cada tratamiento, así mismo también se realizó experiencia *in vivo*. Los resultados *in vitro* muestran que el tratamiento del 10% de mucílago, el 5% para el extracto de estevia y la combinación 1%+5% respectivamente fueron los que permitieron elevados porcentajes de inhibición. La experiencia *in vivo* mostró que el tratamiento del 10% de mucílago, el 5% el extracto de Stevia y las combinaciones 5% + 3% y 1%+5% de tuna+estevia fueron los que no permitieron el desarrollo de la enfermedad en estos frutos. Se concluye que los extractos ensayados si cumplen su función protectora contra el ataque de *Penicillium digitatum* en los frutos de mandarina en condiciones de laboratorio.



UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

**UCM**



Instituto de Investigaciones Agropecuarias



UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

UCM

SINIA

Instituto de Investigaciones Agropecuarias

**Resúmenes**

# V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

Talca, Chile – 11 y 12 de octubre de 2023

Revive las jornadas



Jornada 1



Jornada 2



## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Importancia de la preservación y la identificación de microorganismos fitopatógenos: descubrimientos y avances

Importance of the preservation and identification of phytopathogenic microorganisms: discoveries and advances

**Millas, P.**<sup>1\*</sup>, Castro, J.F.<sup>1</sup>, Cisterna-Oyarce, V.<sup>1</sup>, Muñoz-Reyes, V.<sup>1</sup> y Carrasco-Fernández, J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chillan, Chile.

\*Correo electrónico: pmillas@inia.cl

La importancia de identificar correctamente y preservar microorganismos fitopatógenos (causantes de enfermedades en plantas) tienen impacto directo en la salud y productividad de las plantas ornamentales, agrícolas o forestales, pero también sobre el patrimonio fitosanitario del país. El ingreso de fitopatógenos al territorio nacional puede provocar el cierre de mercados de exportación en países donde estas especies no están presentes. Las herramientas moleculares han permitido identificar de forma más precisa y desarrollar técnicas de detección rápida y específica como qPCR. Con estas técnicas se ha detectado el ingreso de fitopatógenos, nuevas enfermedades o nuevos síntomas en el país, algunos ejemplos son: *Rhizobium rhizogenes* causando agalla de la corona en arándanos y cerezos, *Cytospora sorbicola* causando cancro en cerezos o *Colletotrichum fioriniae* causando pudrición de la fruta por antracnosis en arándano en Chile. La conservación de estos microorganismos es crucial a la hora de revisar identificaciones anteriores, sobre todo si ha habido reclasificaciones de especies o géneros. En 2022 se identificó por primera vez en Chile a *Gnomoniopsis smithogilvyi* como causante de pudrición parda de castañas, sin embargo, un aislado causando los mismos síntomas había sido descrito en 1986 como *Phomopsis castanea*, gracias a la conservación del aislado en una colección de cultivos del CABI en UK, se pudo re-identificar este fitopatógeno. La identificación y conservación de fitopatógenos también permite evaluar: la diversidad de poblaciones, desarrollo de resistencias, grados de virulencia. Por otra parte, fitopatógenos conservados en colecciones de cultivos pueden ser usados en el desarrollo de herramientas de manejo de enfermedades, como es el caso de la colección núcleo de *Pseudomonas syringae* que se encuentra caracterizada y conservada en la Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianos (CChRGM) del Banco de Recursos Genéticos de INIA Quilamapu, con la cual se han podido hacer evaluaciones de productos químicos o biológicos para su control. También es posible con este tipo de colecciones realizar la búsqueda de resistencia varietal a enfermedades en programas de fitomejoramiento.





## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Los microorganismos como fuente de innovación, estudiados mediante IA y bioinformática

Microorganisms as a source of innovation, studied through AI and bioinformatics

Salinas-Arenas, M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Centro de Bioinformática, Simulación y Modelado (CBSM), Universidad de Talca, Talca, Chile.

\*Correo electrónico: marenas@utalca.cl

La actividad económica de la región del Maule principalmente es silvoagropecuaria. En donde la fruticultura se destaca debido a las condiciones climáticas de la región. Resaltando la producción de manzanas, peras, cerezas y uva de mesa. Se ha cuantificado que la producción de tomates en conserva, frambuesas congeladas, vinos, aceite de oliva, manzanas deshidratadas, jugos y pulpas generan residuos que pueden alcanzar las 100 mil toneladas y 1,6 millones de m<sup>3</sup>/año de residuos líquidos, en la región. Considerando las problemáticas que está ocasionando el cambio climático en la calidad y capacidad de mantener estos cultivos, se hace relevante el poder innovar en el sector agroalimentario. Una de las vías es a través de la valorización de subproductos de esta industria. En nuestro grupo de investigación Protech buscamos darle valor a los desechos de esta industria. Para esto utilizamos la biotransformación utilizando microorganismos y enzimas. Para esto hemos desarrollado varias herramientas bioinformáticas que nos permiten identificar enzimas provenientes de microorganismos extremófilos que realicen reacciones catalíticas adecuadas para nuestros objetivos. Dentro de nuestros estudios realizamos análisis en lipasas para biotransformar aceites y grasas en biodiesel. Así como también identificamos varias pectinasas que estamos evaluando bioquímicamente para determinar sus funcionamientos en la degradación de pectina a bajas temperaturas. Con los desarrollos en nuevas tecnologías computacionales como es la inteligencia artificial, la exploración de datos biológicos se hace más interesante y brinda la oportunidad de generar nuevos desarrollos con aplicaciones biotecnológicas, en donde una fuente inmensa de oportunidades se encuentra en la exploración de los microorganismos.



## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Remediación integral de metales pesados utilizando lodos geotermales

Integral remediation of heavy metals using geothermal muds

Gallicet, M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (CINDEFI - CONICET), La Plata, Argentina

\*Correo electrónico: micaelagallicet@gmail.com

El progreso tecnológico, si bien ha impulsado el desarrollo de la sociedad moderna, ha generado un impacto significativo en el ambiente. La extracción de recursos, el manejo inadecuado de desechos y su disposición sin tratamiento han provocado una considerable contaminación de distintos componentes, entre ellos metales pesados. Estos elementos no se degradan, se acumulan y persisten en el tiempo, por lo que su tratamiento se basa en: retenerlos en el caso de matrices líquidas, solubilizarlos para remediar suelos o transformarlos a estados menos tóxicos (por ejemplo, cromo hexavalente a trivalente). Existen diversas técnicas para remediar metales pesados, cada una con sus ventajas y desventajas. En los últimos años, se ha tendido a combinarlas para superar sus limitaciones. En este contexto, los lodos geotermales de Copahue (Neuquén, Argentina) se presentan como una alternativa promisoriosa debido a su fina granulometría (favorece la adsorción física) y la presencia de microorganismos tolerantes a condiciones extremas (potencialmente útiles para la remoción de metales pesados). Por lo tanto, el objetivo principal de este trabajo ha sido caracterizar físico-químicamente y evaluar la capacidad de adsorción de estos lodos y sus comunidades microbianas para su uso en remoción de metales pesados. Se realizaron ensayos de adsorción, obteniendo altos porcentajes de remoción (mayores al 90%) para concentraciones iniciales de hasta 400 ppm (Cd), 220 ppm (Cu) y 105 ppm (Cr<sup>6+</sup>). Los análisis de DRX y Espectroscopía FTIR revelaron que las muestras estaban compuestas principalmente por caolinita, mineral arcilloso que favorece y explica la adsorción de iones metálicos. Además, se aislaron bacterias sulfatoreductoras (BSR) que generan sulfuro de hidrógeno por su metabolismo reductor. Este gas reacciona con los iones metálicos, precipitándolos. En conclusión, los lodos geotermales de Copahue demostraron capacidad para retener metales y se confirmó la presencia de BSR con potencial para bioprecipitar iones metálicos. Se espera optimizar el proceso de adsorción y evaluar la tolerancia de las comunidades sulfatoreductoras a concentraciones elevadas de metales pesados en estudios futuros.



## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Panorama de la producción de polihidroxicanoatos a partir de sustratos de bajo costo por *Cupriavidus necator*

Overview of the production of polyhydroxyalkanoates from low-cost substrates by *Cupriavidus necator*

**Ascencio, M.**<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidad del Valle (UNIVALLE), Cali, Colombia

\*Correo electrónico: martha.ascencio@correounivalle.edu.co

Los cambios demográficos y el aumento de la demanda de consumo mundial, junto con la aparición de nuevas aplicaciones y productos más sofisticados, han provocado un resurgimiento de los volúmenes de producción de plásticos convencionales de aquí al año 2023. Estos plásticos, debido a su alta resistencia y a que no son biodegradables, están imponiendo una pesada carga a la biosfera, desencadenando problemas medioambientales y sanitarios en todo el mundo. De los más de 400 millones de toneladas de plástico producidas anualmente, sólo el 0,5% corresponde a bioplásticos. A pesar de los esfuerzos de investigación para encontrar alternativas que sustituyan estos plásticos derivados del petróleo por otros biodegradables, este segmento produjo 2,18 millones de toneladas en 2023, y se espera que aumente hasta aproximadamente 7,43 millones de toneladas en 2028. Se llevó a cabo un análisis bibliométrico para investigar las tendencias de la producción de PHA por *Cupriavidus necator* con el fin de proporcionar una perspectiva clara de la investigación actual, destacando las fuentes de carbono renovables y de bajo costo. La búsqueda y recopilación de datos se realizó en las bases de datos Scopus y Web of Science, ya que ambas se encuentran entre las mayores bases de datos de literatura revisada por pares de todo el mundo en el ámbito de la ciencia, la tecnología, etc. El tipo de documento se restringió sólo a artículos. Para la visualización y el análisis de los datos se utilizó VOSviewer 1.6.10. De acuerdo con los resultados generados por el análisis bibliométrico es posible resaltar que la tendencia actual es el uso de materias primas de bajo costo (como almidón, grasas y aceites residuales, melazas e hidrolizados de celulosa) para la producción de PHA por *C. necator*, así mismo, cabe mencionar que América Latina por su posición geográfica cuenta con una gran cantidad de materias primas que son potenciales para la producción de este bioplástico, sin embargo hay que aunar esfuerzos para que los procesos y las políticas giren en torno a la producción y usos de bioplásticos como los PHA.

Agradecimientos a la Universidad del Valle y al Ministerio de Ciencia Tecnología e Innovación.



## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Diversidad y aplicaciones de hongos micorrícicos en Chile central

Diversity and applications of mycorrhizal fungi in Central Chile

Silva-Flores, P.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Ecología de Hongos y Micorrizas, Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule (CIEAM), Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

\*Correo electrónico: [psilva@ucm.cl](mailto:psilva@ucm.cl)

Los hongos micorrícicos son microorganismos presentes en los suelos cuyas hifas forman una simbiosis con las raíces de un estimado de 90% de especies vegetales. La simbiosis micorrícica es reconocida por sus funciones nutricionales, así como también por facilitar la ocurrencia de especies vegetales en múltiples condiciones bióticas y abióticas. Estas funciones escalan a distintos niveles ecológicos y por lo tanto actualmente se reconoce como un componente fundamental de las comunidades vegetales y como modulador clave del funcionamiento de los ecosistemas. Chile central Mediterráneo comprende un importante *hotspot* de biodiversidad, el cual tiene un alto endemismo de especies vegetales y que a su vez se encuentra altamente amenazado por factores antropogénicos. En esta charla magistral daré a conocer 10 años de investigación que he realizado con múltiples colaboradores respecto a la simbiosis micorrícica en Chile central, la cual, hasta estas investigaciones, había sido muy escasamente estudiada a pesar de su gran relevancia. Les daré a conocer la frecuencia de tipos micorrícicos para Chile Central, en la cual predomina la micorriza arbuscular. Conocerán la diversidad de hongos micorrícicos arbusculares asociados a bosque esclerófilo de Chile central y los factores tanto bióticos como abióticos que modulan su distribución. Igualmente compartiré resultados respecto al cultivo de estos hongos y sus funciones en algunas plantas de bosque esclerófilo. Por último, les compartiré investigaciones aplicadas del uso de hongos micorrícicos arbusculares en contextos de restauración ecológica, así como también en contextos de agricultura sostenible. A lo largo de toda la charla se hará énfasis en la importancia del uso aproximaciones morfológicas clásicas como de aproximaciones moleculares para el completo estudio de esta simbiosis micorrícica. Por último, se recapitularán los avances de la investigación micorrícica para Chile central y se plantearán futuras direcciones de investigación en el área.

Proyecto SPUN Underground explorers; proyecto Fondecyt Iniciación N° 11230870; proyecto FIBN 013/2020; proyecto Fondecyt Regular N° 1211655, Viña Concha y Toro; proyecto CORFO N° 16PIRE-60390; proyecto CONICYT Programa Regional N° R08i1001; proyecto CONICYT PFCHA N° 21140639.



## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Prospección de diversidad viral en ambientes termales del Maule

Prospecting viral diversity in thermal environments of Maule

Jara-Gómez, J.<sup>1,2\*</sup> y Cuadros-Orellana, S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

<sup>2</sup>Laboratorio de Genómica y Ecología Microbiana Aplicada, Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio), Universidad Católica del Maule (UCM), Talca, Chile

\*Correo electrónico: jose.jara@alu.ucm.cl

Los virus termales son agentes infecciosos que se encuentran en ambientes de alta temperatura como fuentes termales, géiseres y sistemas hidrotermales submarinos. Estos virus poseen adaptaciones únicas que les permiten sobrevivir y replicarse en condiciones extremas. Su estudio puede proporcionar conocimientos valiosos sobre la evolución viral y los mecanismos de adaptación, además de tener aplicaciones en biotecnología. Este trabajo se centra en el análisis y comparación de metagenomas virales en ambientes termales de la región del Maule, Chile. Se recolectaron muestras de biopelículas microbianas encontradas en dos piscinas hidrotermales del sistema Campanario (35°56,045'S, 70°35,162'O, 1.530 msnm): CAMPP1 (47 °C) y CAMPP2 (54 °C), que están conectadas por el mismo flujo de agua hidrotermal. Se realizaron secuenciaciones masivas y controles de calidad para eliminar adaptadores, secuencias de baja calidad y contaminantes. Utilizando la base de datos NCBI y el programa Kaiju, se realizó la asignación taxonómica de las secuencias metagenómicas. En CAMPP1, el 0.02% de las secuencias clasificadas eran virales, predominando los *Caudovirales*, aunque también se encontraron *Polydnaviridae* del género *Bracovirus*. En CAMPP2, el 0,01% de las secuencias eran virales, con una alta prevalencia de *Caudovirales*, y en este sitio se detectaron *Bicaudaviridae* y *Monodnaviria*. En los ambientes geotermales, los virus termófilos juegan un papel clave en la regulación de poblaciones microbianas y poseen una notable diversidad genética. La predominancia de *Caudovirales* en los ambientes termales del Maule podría indicar su participación activa en la regulación del ecosistema a través de la lisis de sus células huésped y la transferencia horizontal de genes. La diversidad viral observada en este estudio coincide con estudios previos en ambientes termales de Chile y del mundo, donde los *Caudovirales* son comúnmente encontrados. Estos virus tienen potenciales aplicaciones ecológicas y biotecnológicas, aunque su estudio enfrenta desafíos técnicos debido a las condiciones extremas y disponibilidad de hospederos cultivables, necesarios para su aislamiento. Se requiere más investigación para comprender plenamente su diversidad y funciones.



## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Reconstrucción metabólica de la cepa LH1 y análisis del pangenoma de *Alicyclobacillus acidocaldarius*

Metabolic reconstruction of strain LH1 and pangenome analysis of *Alicyclobacillus acidocaldarius*

**Fuentes, F.**<sup>1\*</sup>, Flores, J.<sup>1</sup>, Moraga, F.<sup>1</sup>, Ortega, D.<sup>1</sup> y Cuadros-Orellana, S.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile. <sup>2</sup>Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CeNBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

\*Correo electrónico: francisca.fuentes.04@alu.ucm.cl

Los ambientes extremos son el lugar óptimo para encontrar microorganismos tolerantes a temperaturas extremas, pH, salinidad y compuestos tóxicos. Es por esto que se estudió el genoma de *Alicyclobacillus acidocaldarius* LH1. Cepa ubicada en “Los Hoyos” solfataras del complejo volcánico Laguna del Maule ubicadas a 118 km de Talca, a más de 2.000 msnm, dentro de un área de concesión de explotación geotérmica en la comuna de San Clemente, con temperatura de 70 °C. Este genoma tiene un tamaño de 2.595.963 pb y un contenido de GC del 63,72%. El ensamble contiene 420 contigs, con 2.591 CDS predichas, lo que corresponde a un 89% y 84% del total de CDS predichas en los dos genomas completos de *A. acidocaldarius* disponibles en NCBI, que son los de la cepa DSM 466 y de la cepa Tc-4-1, respectivamente. La comparación del genoma de la cepa LH1 con los otros dos genomas conocidos indica que el pangenoma de *A. acidocaldarius* es muy conservado, y las cepas aisladas de China (Tc-4-1), Estados Unidos (DSM 446) y Chile (LH1) poseen un perfil metabólico casi idéntico. Asimismo, pese a que el ensamble genómico de la cepa LH1 es aún incompleto, este posee características que no habían sido descritas anteriormente para esta especie como, por ejemplo, la ruta M00046 de degradación de pirimidina, que la convierte a 3-aminoisobutirato, un precursor de acetyl-CoA y succinil-CoA, y la M00880, responsable por la biosíntesis del cofactor molibdeno (Moco), que forma el sitio activo de muchas molibdoenzimas, que son responsables por el catabolismo de reacciones que son parte del metabolismo de nitrógeno, azufre y carbono. Esta última observación sugiere que el uso de molibdeno como cofactor de enzimas podría reflejar una adaptación de esta especie a las condiciones ambientales de las solfataras de la cordillera de los Andes, algo que no se había observado en los otros ambientes hidrotermales estudiados anteriormente.

Proyecto Fondecyt Regular 1201692.

## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Plataforma de Clasificación Celular y Secuenciación: Proyecto Fondecip EQM210185

Cell Sorting and Sequencing platform: Project Fondecip EQM210185

Muñoz-Flores, M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Genómica y Ecología Microbiana Aplicada, Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio), Universidad Católica del Maule (UCM), Talca, Chile.

\*Correo electrónico: mmunozf@ucm.cl

La clasificación de células activadas por fluorescencia, o FACS, es un método de citometría de flujo que permite la separación de poblaciones celulares en función de la presencia de biomarcadores fluorescentes, además del tamaño y/o complejidad interna de las células. Representa el enfoque de alto rendimiento más utilizado para separar una muestra en células individuales, que pueden procesarse posteriormente mediante diferentes enfoques, tales como la genómica unicelular o el microcultivo. La plataforma de Clasificación Celular y Secuenciación de la UCM fue establecida en 2022, y cuenta con tres equipos principales: un clasificador celular modelo FACSMelody (Becton Dickinson), un secuenciador modelo MiSeq (Illumina) (proyecto Fondecip EQM210185), y un secuenciador MinION (Oxford Nanopore Technologies) (proyecto Fondecyt Regular 1201692). La plataforma tiene capacidad para procesar muestras celulares en un rango de tamaño de 0,5  $\mu\text{m}$  a 100  $\mu\text{m}$ , tiene configuración de 3 láseres (405, 488 y 640 nm), con detección de hasta 9 parámetros de fluorescencia, y purificación de hasta 4 poblaciones distintas simultáneamente. Dependiendo de los objetivos deseados, es posible elegir entre las configuraciones que priorizan rendimiento o pureza, y realizar un "post-sorting", el cual enriquece la muestra. La recuperación celular puede hacerse en diferentes formatos, como la superficie de porta-objetos, tubos de ensayo o placas multipocillos, y la cantidad y tipos de células a recuperar lo define el operador, pudiendo ser desde una (1) hasta cientos o miles de células. Posterior a esto, es posible realizar la extracción de ácidos nucleicos a través de métodos de amplificación genómica, como el *Multiple Displacement Amplification* y obtener suficiente material genético para realizar una secuenciación, ya sea vía MiSeq (genómica, transcriptoma o epigenómica) o MinION (genómica, secuenciación directa de ARN, epigenética), dependiendo del análisis e información que se quiera obtener. Debido a esto, las posibles aplicaciones de esta plataforma van desde el estudio de la heterogeneidad genética, genómica unicelular, fisiología unicelular (vía BONCAT-FACS), enriquecimiento de cultivos, y vigilancia de calidad en procesos. La plataforma funciona en el Laboratorio de Genómica y Ecología Microbiana Aplicada, en el Campus San Miguel de la UCM, bajo la coordinación de la Dra. Sara Cuadros Orellana.

## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Evaluación genómica del perfil metabólico de *Geobacillus thermoleovorans* cepa THC23A aislada de fuentes termales de la región del Maule

Genomic evaluation of the metabolic profile of *Geobacillus thermoleovorans* strain THC23A isolated from hot springs in the Maule region

Vásquez, J.<sup>1\*</sup>, Flores, J.<sup>1</sup>, Moraga, F.<sup>1</sup>, Ortega, D.<sup>1</sup> y Cuadros-Orellana, S.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile. <sup>2</sup>Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

\*Correo electrónico: javiera.vasquez.01@alu.ucm.cl

En la región del Maule, Chile, existen fuentes termales asociadas a complejos volcánicos que se caracterizan por presentar amplios rangos de temperatura, pH y composición mineral. Dadas las características mencionadas existe un repertorio de microorganismos vivos adaptados a la vida en condiciones extremas (extremófilos). En los últimos años se ha incrementado la búsqueda de microorganismos extremófilos productores de enzimas como una alternativa prometedora y sustentable para optimizar procesos industriales nuevos o ya existentes. Dentro de los microorganismos que cumplen con estas características, se encuentra *Geobacillus thermoleovorans*. Las tecnologías de secuenciación, análisis genómico y funcional han estimulado el estudio de estas comunidades microbianas permitiendo analizar la composición de su genoma en búsqueda de estas enzimas. Este estudio se basó en la evaluación del perfil metabólico de *G. thermoleovorans* cepa THC23A aislada de un área geotermal de Tierra Humeante del Colorado (75 °C, pH 6,7) perteneciente al Complejo Volcánico Caldera-Calabozo, en Chile, caracterizando funcionalmente su genoma. Para esta caracterización se realizó secuenciación en plataforma Illumina NovaSeq 6000, ensamble genómico (SPAdesv3.9.1 y MEGAHIT v1.2.9) y anotación (RAST versión 2.0), y se realizó una anotación automática y mapeo de CDS contra la base de datos KEGG. Se realizó también una comparación en BLAST contra la base de datos LED v4.1.0 para complementar los genes codificantes de lipasas. Este estudio ha revelado características del genoma de la cepa THC23A en cuanto al perfil metabólico identificando dentro de su genoma un gen de lipasa termoestable, con 418 residuos de aminoácidos. BLAST contra la base de datos LED confirmaron su anotación demostrando sobre un 98% de identidad con otras lipasas identificadas en especies de *Geobacillus*. Se concluye que microorganismos de ambientes hidrotermales de alta temperatura pueden producir y secretar lipasas termoestables, una característica que puede ser clave para la adaptación a un ambiente altamente oligotrófico, donde la adquisición de nutrientes desde biomoléculas complejas producidas por otros microorganismos podría representar una ventaja, además de contribuir al ciclaje de los elementos.

Proyecto Fondecyt Regular 1201692.





## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Evaluación del potencial genético de bacterias halófilas para promoción de crecimiento vegetal

Evaluation of the genetic potential of halophilic bacteria for plant growth promotion

Azócar-Vásquez, A.<sup>1,\*</sup> y Cuadros-Orellana, S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule (UCM), Talca, Chile. <sup>2</sup>Laboratorio de Genómica y Ecología Microbiana Aplicada, Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule (UCM), Talca, Chile.

\*Correo electrónico: alexis.azocar@alu.ucm.cl

La acumulación de sales en los suelos es una limitación importante que afecta la producción de cultivos de hortalizas solanáceas a nivel mundial. Las bacterias halotolerantes habitan en ambientes con altas concentraciones de sal, inclusive el ambiente de rizósfera de plantas halófitas, y es posible que desempeñen un rol en el desarrollo y crecimiento vegetal. En efecto, se ha propuesto el uso de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) como inoculantes podría contribuir a la tolerancia de las plantas no halófitas a la baja actividad de agua ( $w_a$ ), lo que sería una estrategia importante en el contexto de cambio climático y escasez hídrica. Con la finalidad de investigar los rasgos promotores de crecimiento vegetal en el genoma de bacterias halotolerantes pertenecientes al género *Fodinibius*, se tomaron los genomas de referencia de *F. halophilus*, *F. saliphilus* y *F. salicampi* de la base de datos RefSeq de NCBI para análisis *in silico*. BlastKOALA permitió la reconstrucción metabólica del 40,6%, 44,7% y 47% de las proteínas predichas, respectivamente, de cada genoma. En cuanto a la biosíntesis de alcaloides indol, el gen K01593 (TDC) que codifica la enzima descarboxilasa de aminoácidos aromáticos (AADC) se detectó en todos los genomas analizados. En las plantas, los AADC participan en la síntesis de alcaloides indol, que pueden actuar como precursores de auxinas. En las bacterias, la enzima AADC cataliza la descarboxilación de aminoácidos aromáticos como el triptófano, que puede desempeñar un papel en la biosíntesis de auxinas. La comparación del proteoma en PLABase reveló la presencia de genes de factores de interacción con plantas. El apartado de hormonas, con un 7%, incluye genes relacionados con la enzima salicilato hidroxilasa y la isopentenil transferasa. El primero actúa sobre el metabolismo del ácido salicílico, regulando el crecimiento y desarrollo de las plantas. El segundo, clave para la regulación de los niveles de citoquininas y la respuesta fisiológica de las plantas. Estos hallazgos apuntan a un posible papel de estas bacterias en la promoción del crecimiento vegetal, lo que indica que este género posee un potencial importante, y aún poco estudiado, en la agricultura, en especial en zonas áridas.



## V Simposio de Valoración y Conservación de los Recursos Microbianos

### Biosíntesis de nanopartículas de cobre mediante bacterias aisladas de muestras antárticas

Biosynthesis of copper nanoparticles using bacteria isolated from Antarctic samples

**Torres-Ponce, N.**<sup>1,3\*</sup>, Blamey, J.M.<sup>2</sup> y Cuadros-Orellana, S.<sup>3,4</sup>

<sup>1</sup>Doctorado de Biotecnología Traslacional, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile. <sup>2</sup>Fundación Científica y Cultural Biociencia, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Centro de biotecnología de los Recursos Naturales (CenBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

\*Correo electrónico: [nidia.torres@alumnos.ucm.cl](mailto:nidia.torres@alumnos.ucm.cl)

Las nanopartículas de cobre (CuNPs) han atraído una gran atención científica debido a su actividad catalítica, eléctrica, óptica, fotónica, textil, nanofluídica y antibacteriana. No obstante, gran parte de la producción de estas nanopartículas es de síntesis química, lo que produce altos niveles de contaminación. Por otro lado, la biosíntesis de nanopartículas metálicas es un enfoque ecológico para sintetizar nanopartículas metálicas bien caracterizadas. Previamente, se ha informado que los microorganismos antárticos son capaces de sobrevivir a temperaturas extremas, alta radiación UV solar y a la presencia de metales pesados, e incluso se ha reportado su capacidad para producir nanopartículas de diversos metales. En este estudio, se evaluó la capacidad de síntesis de CuNPs de cuatro microorganismos aislados desde muestras ambientales de tres diferentes ubicaciones geográficas de la Antártica. Se utilizó 5 mM de sulfato de cobre (CuSO<sub>4</sub>) como fuente de cobre para evaluar la capacidad de estos aislados de producir CuNPs a tres diferentes temperaturas de producción (4 °C, 28 °C y 55 °C) y dos concentraciones de CuSO<sub>4</sub> (1 mM y 4 mM), las que mostraron un cambio de color característico de la producción de CuNPs, estas fueron analizadas mediante microscopía electrónica de barrido (SEM) confirmando la presencia de nanopartículas de Cu de forma esférica en un rango de tamaño de 100 nm a 180 nm. Adicionalmente, se observa que las nanopartículas se forman intracelularmente. Este trabajo aporta al conocimiento sobre la formación de nanopartículas de cobre por microorganismos aislados de Antártica. Experimentos adicionales podrán contribuir para la comprensión del rol de las nanopartículas metálicas en los ciclos biogeoquímicos, la meteorización, unión y transporte de metales, su biodisponibilidad y su ecotoxicidad para los microorganismos y para las plantas. Adicionalmente, se podrán estudiar las propiedades de estas CuNPs para la nano-biorremediación de suelos y buscar formas alternativas de controlar el biodeterioro de monumentos históricos.

Proyecto Fondecyt Regular 1201692; Proyecto Fondecup EQM 210185 y proyecto AFOSR Grant #FA 9550-13-10089.



UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

**UCM**



Instituto de Investigaciones Agropecuarias

## ÍNDICE DE AUTORES

Acevedo-Barrios, R.	17				
Acosta-González, A.	43				
Acuña, A.	33				
Aguilar-Paredes, Ana	13				
Aguilar-Paredes, Andrea	13				
Aguilar, P.	34				
Aguirre, Y.	34				
Alonso-Núñez, A.	28				
Altimira, F.	25				
Andrews, B.	15	18			
Arneodo, J.	11				
Arrua, A.	33	39			
Ascencio, M.	50				
Asenjo, J.A.	15	18			
Asselborn, M.	11				
Ávila, G.	13				
Azócar-Vásquez, A.	56				
Baldone, V.	11				
Barra-Bucarei, L.	14	24			
Barrera, I.	14				
Barrera, V.	11				
Bartra-Rivera, W.	23				
Bazan-Albitez, R.	23				
Bena, G.	37				
Betancourt-Muñoz, F.	44				
Blamey, J.M.	57				
Bocanegra, G.	20	22			
Brihuega, B.	11				
Buddie, A.	19				
Cabrera-Ariza, A.	42				
Cagliore, P. (Caligiore Gei, P.F.)	11	12			
Cambra-González, N.	28				
Campos, P.	11				
Candelas-Delgado, I.A.	41				
Cárcamo-Lucana, J.	23				
Cardona, G.I.	43				
Cares-Gatica, D.	24				
Carrasco-Fernández, J.	19	21	24	40	47
Carrasco, F.	11				

Castillo, A.	32				
Castillo, D.	21				
Castro, J.F.	19	21	24	40	47
Ceron Cucchi, M.	11				
Chávez-Galarza, J.C.	37				
Chico-Ruíz, J.	44				
Chimeno, V.	11				
Cisterna-Oyarce, V.	19	47			
Combina, M.	11				
Cotoras, D.	30				
Cuadros-Orellana, S.	52	53	55	56	57
Dopson, M.	36				
Dorador, C.	16				
Duque-Zapata, J.D.	31				
Eduardo-Muñoz, J.	29				
Eissler, Y.	16				
Enríquez-Vara, J.N.	41				
Escobar, M.C.	43				
Evangelista-Martínez, Z.	41				
Faggioli, V.	11				
Farkas, C.	40				
Fiorentino, A.	11				
Flores, J.	53	55			
Florez, J.	16				
Fontaine, L.	25				
France, A.	19				
Franco-Gasia, I.	20	22			
Fuentes, F.	53				
Gallicet, M.	49				
Gárate-Díaz, H.	23				
García-Lázaro, A.	17				
Gil-Ordóñez, A.	32				
Gini-Álvarez, A.	33	39			
González-Rosales, C.	36				
González, C.	35				
Guerra, M.	21	24	40		
Guzmán-Godoy, V.	42				
Hengst, M.B.	16				
Hernández-Aguilera, V.	20	22			
Hernández, P.	34				

Hirzel, J.	21			
Holmes, D.S.	35	36		
Ibarra-Rivera, G.	41			
Iglesias, J.	11			
Jara, C.	15			
Jara-Gómez, J.	52			
Kanazawa, S.	33			
López-Álvarez, D.	29	31	32	38
López-Pérez, L.	41			
Marcellino, R.	11			
Marchant, F.	18			
Marchuk, C.	39			
Marqués, S.	43			
Martínez, M.	33			
Matus, I.	21			
Meier, S.	21			
Mercado-Molina, B.	17			
Mercado, L.	11			
Millas, P.	19	47		
Molina, V.	16	34		
Moraga, F.	53	55		
Morales, A.	21			
Muñoz-Florez, J.E.	38			
Muñoz-Florez, J.M.	31			
Muñoz-Flores, M.	54			
Muñoz-Reyes, V.	19	21	47	
Neder, V.	11			
Niño-García, J.P.	43			
Núñez, A.	33			
Orellana, R.	34			
Ortega, D.	53	55		
Ortiz-Campos, J.	14	24		
Osman, J.	30			
Panduro-Tenazoa, N.	23			
Panichini, M.	21			
Paolicchi, F.	11			
Paquis, P.	16			
Paredes, T.	20	22		
Parra, K.	14			
Parra, P.	14			

Payan-Almaza, J.D.	41	
Pécora, A.	11	
Pedraza, M.V.	11	
Pérez Brandán, C.	11	
Perticari, A.	11	
Pertile, C.	11	
Pierre Francois, J.P.	34	
Pino, V.	25	
Poo, J.	11	
Posadas, J.	11	
Puente, M.	11	
Quintana-Valdés, E.	42	
Quinteros-Urquieta, C.	34	
Quiñones-Aguilar, E.E.	41	
Ramírez, P.	34	
Ramos-Luna, L.C.	37	
Razmilic, V.	15	
Redondo-Fernández, V.	28	
Reyes-Ardila, W.	29	31
Rincón-Enríquez, G.	41	
Ríos-Sandoval, M.	41	
Rivera-Derpich, D.	35	
Rodríguez-Leo, C.	20	22
Rojas-Mego, K.	23	
Rubiano-Labrador, C.	17	
Rubio, J.	25	
Rugeles-Silva, P.A.	31	38
Ruiz, G.	22	
Saavedra, F.	34	
Sabaini, C.	13	
Salazar, V.	11	
Salinas-Arenas, M.	48	
Sandoval-Vargas, D.	15	
Sandoval-Vergara, A.N.	37	
Santelices, C.	19	
Santelices, R.	42	
Sarmiento, M.	33	
Sarmiento, N.	11	
Sauka, D.	11	
Sieverding, E.	23	

Silva-Flores, P.	42	51
Solís-Sánchez, G.A.	41	
Soria, M.	11	
Tamara-Acosta, A.	17	
Tapia, J.	16	
Torres-Ponce, N.	57	
Valdés, J.	36	
Valdez-Nuñez, R.A.	37	
Valdez, J.	11	
Valdez, J.G.	12	
Valetti, L.	11	
Velazco-Castro, E.	23	
Vásquez, J.	55	
Velez-Martinez, G.A.	31	38
Vergara, E.	36	
Verna, A.	11	
Viedma, P.	30	
Viveros, A.	33	
Ward-Bowie, L.	17	





UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

**UCM**



Instituto de Investigaciones Agropecuarias



UNIVERSIDAD CATOLICA DEL MAULE

ucm

INIA

Instituto de Investigaciones Agropecuarias