XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

LIBRO DE RESÚMENES

22, 23 y 24 de Julio de 2026

Universidad Católica del Uruguay

Av. 8 de Octubre 2733

Montevideo, Uruguay

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

ÍNDICE

Página

Programa..... 3

Disertantes 10

Resúmenes de conferencias 22

Resúmenes de presentaciones orales 42
Área Ambiental.....43
Área Salud.....47
Área Biotecnología.....51
Área Básica.....55

Resúmenes de pósteres.....59
Área Básica.....60
Área Biotecnología.....77
Área Ambiental.....102
Área Salud.....135

SUM / SOCIEDAD URUGUAYA DE Microbiología

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

Directiva / Comité organizador

Paola Scavone (Presidenta)

Lucía Yim (Vice-presidenta)

Paula Vico (Secretaria)

Virginia Ferreira

Romina Papa-Ezdra

Claudia Etchebehere

Mabel Berois

Pablo Zunino

Victoria Iribarnegaray

Belen Corallo

Florencia Cancela

Eloisa Poey

Mariana Barraco

Diego Roldán

Comité científico

Integrado por el Comité Organizador y las siguientes personas:

Dinorah Pan

Andrea Villarino

Ángela Cabezas

Mairan Guigou

Natalia Bajsa

Silvana Vero

Colaboradoras

Matilde Alarcón

Micaela González

Dana Bentancor

Tamara Iglesias

Carolina Croci

Andrea Martínez

Natalia Deutsch

Sol Pandolfo

Federica Ferreira

Camila Raimonda

Yamila Figueroa

Fernanda Ramos

SUM / SOCIEDAD URUGUAYA DE Microbiología

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

SUM

Auspician:

UCU Universidad Católica del Uruguay

FACULTAD DE CIENCIAS UDELAR

Facultad de Química UDELAR - Uruguay

FVET Facultad de Veterinaria Universidad de la República Uruguay

FACULTAD DE MEDICINA

FACULTAD DE INGENIERÍA UDELAR

Descubrí MONTEVIDEO

FACULTAD DE AGRONOMÍA

iibce INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS CLEMENTE ESTABLE

Instituto de Higiene Prof. Arnoldo Berta Facultad de Medicina Universidad de la República

UruguaySorprende Ministerio de Turismo

Ministerio de Educación y Cultura | Declarado de Interés Ministerial

CSIC COMISIÓN SECTORIAL DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA URUGUAY | Prorrectorado de Investigación

Patrocinan:

biko

BIODIAGNÓSTICO

ELECO Al servicio de la ciencia

Biologística Un estilo de venta

BIRIDEN INSTRUMENTAL CIENTÍFICO

tanirel BIOTECNOLOGÍA

BZ LABORATORIO BELTRAN ZUNINO

Biosystems Corp®

PEDECIBA MEC-UDELAR | Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas

FUNDECIBA FUNDACIÓN PARA EL DESARROLLO DE LAS CIENCIAS BÁSICAS

fundaQuim Fundación para el progreso de la Química

FAICE Fundación de Apoyo al Instituto Clemente Estable

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA URUGUAY | Prorrectorado de Investigación

CSIC COMISIÓN SECTORIAL DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA

Apoyan:

HÍSTICA

user Centro de Impresión Digital

Layer IMPRESIÓN DIGITAL

ÍNDICA BEER

Biologística Un estilo de venta

COMIC BACTERIAS

ASM Microbes Make Our World

BIO TECH Supplies

PIEDRAS RÚSTICAS JOYAS DE DISEÑO

UruguaySorprende Ministerio de Turismo

POSGRADO EN BIOTECNOLOGÍA

los nietitos Hecho con gusto

El Trigal

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

"Program at a glance"

Miércoles - 22 Julio		
13:30 - 14:30	**Acreditaciones**	
14:30 - 16:00	**Apertura y Conferencia Inaugural**	Auditorio
16:00 - 16:30	**Coffee break**	
16:30 - 18:00	**Simposio: Eje intestino-cerebro**	Auditorio
18:00 - 19:00	**Un minuto, un póster y una cerveza**	Auditorio
Jueves - 23 Julio		
9:00 - 10:30	**Presentaciones orales: Área Ambiental**	Auditorio
	Presentaciones orales: Área Salud Humana y Animal	SJ 401 A y B
10:30 - 11:00	**Coffee break**	
11:00 - 12:30	**Simposio SUR**	Auditorio
12:30 - 14:00	**Almuerzo**	
14:00 - 15:30	**Mesa Redonda: Bioinsumos**	Auditorio
15:30 - 17:00	**Posters: Biotecnología/ Básica - Coffee**	SJ 402/403
17:00 - 18:00	**Conferencia Plenaria**	Auditorio
Viernes - 24 Julio		
9:00 - 10:30	**Simposio: Organoides**	Auditorio
10:30 - 12:00	**Posters : Ambiental/ Salud Humana y Animal - Coffee**	SJ 402/403
12:00 - 13:30	**Presentaciones orales: Área Biotecnología**	Auditorio
	Presentaciones orales: Área Básica	SJ 401 A y B
13:30 - 14:30	**Almuerzo**	
14:30 - 16:00	**Mesa Redonda: Microorganismos Antárticos**	Auditorio
16:00 - 16:30	**Coffee break**	
16:30 - 17:30	**Conferencia Plenaria**	Auditorio
17:30 - 19:00	**Entrega de premios**	Auditorio
19:00 - 20:00	**Brindis final**	

SUM / SOCIEDAD URUGUAYA DE Microbiología

Programa

22 DE JULIO DE 2026

13:30 - 14:30 — Auditorio San José

Acreditaciones

14:30 - 16:00

Apertura y Conferencia Inaugural

"El pulso oculto del océano: Las matas microbianas del mar profundo"

Dra. Claudia Piccini 🇺🇾

16:00 - 16:30 — **COFFEE BREAK**

16:30 - 18:00 — Auditorio San José

Simposio

Eje Intestino-Cerebro: nuevos enfoques multidisciplinarios

- Conexión entre comportamientos inducidos por drogas psicoestimulantes y microbiota intestinal

Dra. Cecilia Scorza 🇺🇾

- La microbiota intestinal influye en la conducta de recompensa dependiente del sexo y en el comportamiento social: oportunidades para desarrollar estrategias farmacológicas para tratar los trastornos neuropsiquiátricos

Dr. Javier Bravo 🇨🇱

18:00 - 19:00

Un minuto, un póster y una cerveza

20:30 - 22:30 — **Actividad social y entrega de premios** — **Indica Beer**, Obligado 1259

Programa

23 DE JULIO DE 2026

8:30 - 9:00 — Colocación de pósteres — **SJ 402/403 (Piso 4)**

MAÑANA

SESIÓN ÁREA AMBIENTAL

9:00 - 10:30 — **Auditorio San José**

9:00 Bulking filamentoso en Uruguay: Un problema ambiental no resuelto

Dra. Ángela Cabezas

Presentaciones Orales Seleccionadas

9:30 Elementos genéticos móviles de bacterias antárticas resistentes a la radiación UV

Hanna Zehnle

9:45 Caracterización e identificación de bacterias aisladas de nódulos de la leguminosa forrajera nativa *Desmodium incanum*

Ionel Hernández

10:00 Presencia de cianotoxinas y bacterias patógenas en abrevaderos: análisis de riesgo desde la perspectiva de una salud

Andrea González Izaguirre

SESIÓN ÁREA SALUD HUMANA Y ANIMAL

9:00 - 10:30 — **SJ 401 A y B (Piso 4)**

9:00 Micotoxinas en Uruguay

Dra. Dinorah Pan

Presentaciones Orales Seleccionadas

9:30 Microbioma oral e intestinal en pacientes con periodontitis

Marisabel Charlo

9:45 Respuesta serológica asociada a la vacunación en leptospirosis bovina

Ana Acosta

10:00 Integración genómica y fenotípica en cepas STEC: genes de regulación génica en la formación de biofilms y adaptación ambiental

Yamila Figueroa

10:30 - 11:00 — **COFFEE BREAK**

Programa

23 DE JULIO DE 2026

MAÑANA

11:00 - 12:30 — **Simposio SUR** — **Auditorio San José**

Microorganismos como aliados en salud humana, animal y vegetal

- Bioinsumos en agroecología: rol en la salud del suelo y de las plantas

  Dra. Natalia Bajsa

- Microbiomas de animales antárticos: aliados invisibles en ambientes extremos

  Dra. Julieta Orlando

- Vacuna multivalente bovina bajo enfoque Una Salud: Prevención de la diarrea neonatal y *Escherichia coli* enterohemorrágica O157:H7 zoonótico

  Dr. Mariano Larzabal

12:30 - 14:00 — **ALMUERZO**

TARDE

14:00 - 15:30 — **MESA REDONDA BIOINSUMOS** — **Auditorio San José**

- Leguminosas nativas como reservorio estratégico de microorganismos promotores del crecimiento vegetal

  Dra. Cecilia Taulé

- Hongos entomopatógenos como bioinsumos multifuncionales: avances en investigación, formulación y validación en Uruguay

  Dr. Federico Rivas

- Desarrollo de inoculantes rizobianos para leguminosas forrajeras

  Dra. María Morel

15:30 - 17:00 — **Sesión de pósteres: Área Biotecnología / Área Básica** — **SJ 402/403 (Piso 4)**

COFFEE BREAK

17:00 - 18:00 — **PLENARIA** — **Auditorio San José**

Evaluación sistemática de la virocélula mimivirus - *Acanthamoeba*

Dr. Hugo Bisio

Programa

24 DE JULIO DE 2026

8:30 - 9:00 Colocación de pósteres — SJ 402/403 (Piso 4)

9:00 - 10:30 — Auditorio San José

Simposio
Organoides como modelos para la investigación en microbiología

- Organoides humanos como modelo para el estudio de interacciones entre microbioma y hospedador

Dra. Fernanda Schreiber

- Organoides intestinales no humanos como modelo experimental en microbiología

Dra. Mariela Bollati

10:30 - 12:00 Sesión de pósteres: Área Ambiental / Área Salud Humana y Animal — SJ 402/403 (Piso 4)

COFFEE BREAK

12:00 - 13:30 — Auditorio San José

SESIÓN ÁREA BIOTECNOLOGÍA

12:00 Biología sintética: de circuitos genéticos a soluciones biotecnológicas

Dra. Vanesa Amarelle

Presentaciones Orales Seleccionadas

12:30 - Nanopartículas de ZnO:MgO encapsuladas en liposomas para el control selectivo de uropatógenos con compatibilidad con el urobioma

Nicolás Navarro Martínez

12:45 - Valorización de residuos de té verde para la producción de tanasa fúngica por *Aspergillus uvarum*

Erika Arbildi Ferreira

13:00 - Dinámica microbiana bajo estrés por amonio en la digestión anaerobia de lodos lácteos como pretratamiento para compostaje

Lucía Gutiérrez

MAÑANA

Programa

24 DE JULIO DE 2026

MAÑANA

12:00 - 13:30 — **SESIÓN ÁREA BÁSICA** — **SJ 401 A y B (Piso 4)**

12:00 Estrategias de *Mycobacterium tuberculosis* para alterar el metabolismo del macrófago durante la infección

Dra. Andrea Villarino Rufener

Presentaciones Orales Seleccionadas

12:30 Explorando el rol de la sinapsis virológica y los nanotubos como mecanismos de transmisión célula-célula del virus de la leucemia bovina

Yrupé Arhancet

12:45 Exploración genómica y fenotípica de la resistencia a la radiación UV de aislamientos antárticos pertenecientes al género *Pseudomonas*

Cecilia Letona Mindel

13:00 Complementación de un aislamiento de *Salmonella* Dublin con genes del operón *prp* para revertir su deficiencia en el metabolismo anaeróbico de compuestos presentes en el intestino

Josefina Alejandro Peraza

13:30 - 14:30 — **ALMUERZO**

Programa

24 DE JULIO DE 2026

TARDE

14:30 - 16:00 — Auditorio San José

MESA REDONDA

Microorganismos antárticos: Dispersión atmosférica y biorremediación a bajas temperaturas

- Dos estilos de vida termodinámicamente distintos gobiernan la acumulación de biopolímeros en la bacteria antártica *Pseudomonas frigusceleri*
  Dr. Ignacio Poblete
- Transporte de bioaerosoles patagónicos a la Península Antárctica impulsado por ríos atmosféricos
  Dr. Eduardo Castro
- Variaciones paleoambientales y dinámicas de comunidades microbianas en lagos de la Antártida Marítima
  Dra Florencia Bertoglio

16:00 - 16:30 — **COFFEE BREAK**

16:30 - 17:30

PLENARIA

Cómo una bacteria patógena se adapta a vivir exclusivamente en el xilema de las plantas

Dr. Leonardo de la Fuente

17:30 - 19:00 — **CIERRE: entrega de premios** — Auditorio San José

19:00 - 20:00 — **BRINDIS FINAL**

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

Apertura

Paola Scavone
Presidenta SUM

Dra. Cindy Mels
Vicerrectora de Investigación

Dr. Rodrigo Achicar
Decano

Facultad de Ingeniería y Tecnologías de la Universidad Católica del Uruguay

22 de Julio 2026

Conferencia inaugural

“El pulso oculto del océano:
Las matas microbianas del mar profundo”

22 de Julio 2026

Dra. Claudia Piccini

Departamento de Microbiología

Instituto de Investigaciones Clemente Estable, Uruguay

Modera: Dra. Paola Scavone

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

22 de Julio 2026 Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

MESA REDONDA

Eje intestino-cerebro: nuevos enfoque multidisciplinarios

Modera: Dra. Claudia Etchebehere

"Conexión entre los comportamientos inducidos por drogas psicoestimulantes y microbiota intestinal"

Dra. Cecilia Scorza

Departamento de Neurofarmacología Experimental

Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay

"La microbiota intestinal influye en la conducta de recompensa dependiente del sexo y en el comportamiento social: oportunidades para desarrollar estrategias farmacológicas para tratar los trastornos neuropsiquiátricos"

Dr. Javier Bravo

Grupo de NeuroGastroBioquímica, Laboratorio de Quimica Biológica, Instituto de Química, Facultad de Ciencias.

Centro Interdisciplinario en Biomedicina, Biotecnología y Bienestar (CID3B)

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile

SESIONES

ÁREA AMBIENTAL

“Bulking filamentoso en Uruguay: Un problema ambiental no resuelto”

Dra. Ángela Cabezas

Universidad Tecnológica, Uruguay

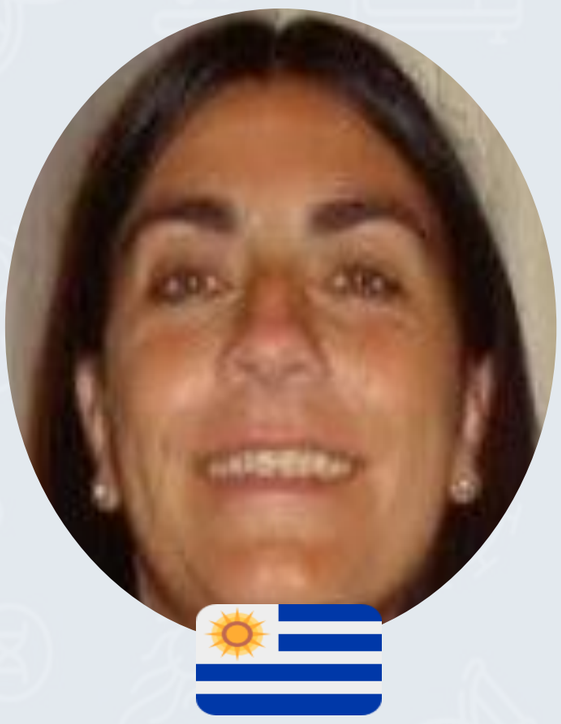
Presenta: Dra. Claudia Etchebehere

PRESENTACIONES ORALES

- **Elementos genéticos móviles de bacterias antárticas resistentes a la radiación UV** - Hanna Zehnie (FCien)
- **Caracterización e identificación de bacterias aisladas de nódulos de leguminosa forrajera nativa *Desmodium incanum*** - Ionel Hernández (IIBCE)
- **Presencia de cianotoxinas y bacterias patógenas en abrevaderos: análisis de riesgo desde la perspectiva de una salud** - Andrea González Izaguirre (IIBCE)

SESIONES

ÁREA SALUD HUMANA Y ANIMAL



“Micotoxinas en Uruguay”

Dra. Dinorah Pan

Facultad de Ciencias, Facultad de Ingeniería
Universidad de la República, Uruguay

Presenta: Dra. Belén Corallo

PRESENTACIONES ORALES

Microbioma oral e intestinal en pacientes con periodontitis - Marisabel Charlo (IPMont)

Respuesta serológica asociada a la vacunación en leptospirosis bovina - Ana Acosta (FVet)

Integración genómica y fenotípica en cepas STEC: genes de regulación génica en la formación de biofilms y adaptación ambiental - Yamila Figueroa (IIBCE)

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

23 de Julio 2026 Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

MESA REDONDA: SIMPOSIO SUR

Microorganismos como aliados en salud humana, animal y vegetal

Modera: Dr. Pablo Zunino

“Bioinsumos en agroecología: rol en la salud del suelo y las plantas”

Dra. Natalia Bajsa

Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana, Instituto de Investigaciones Clemente Estable, SUM, Uruguay

“Microbiomas de animales antárticos: aliados invisibles en ambientes extremos ”

Dra. Julieta Orlando

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile

SOMICH, Chile

“Vacuna multivalente bovina bajo enfoque Una Salud: Prevención de diarrea neonatal y *Escherichia coli* enterohemorrágica 0157:H7 zoonótico”

Dr. Mariano Larzabal

Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular

IABIMO-INTA/CONICET, SAMIGE. Argentina

MESA REDONDA

BIOINSUMOS

Modera: Dr. Raúl Platero

“Leguminosas nativas como reservorio estratégico de microorganismos promotores de crecimiento vegetal”

Dra. Cecilia Taulé

Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay

“Desarrollo de inoculantes rizobianos para leguminosas forrajeras”

Dra. María Morel

Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay

“Hongos entomopatógenos como bioinsumos multifuncionales: avances en investigación, formulación y validación en Uruguay”

Dr. Federico Rivas

Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay

PLENARIA

Modera: Dra. Mabel Berois

“Evaluación sistemática de la virocélula mimivirus - *Acanthamoeba*”

Dr. Hugo Bisio

Aix-Marseille University/ CNRS. Francia

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

24 de Julio 2026 Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

SIMPOSIO

Organoides como modelos para la investigación en microbiología

Modera: Dra. Lucía Yim

“Organoides humanos como modelo para el estudio de interacciones entre microbioma y hospedador”

Dra. Fernanda Schreiber

Microbiotica Ltd, Reino Unido

“Organoides no humanos como modelo experimental en microbiología”

Dra. Mariela Bollati

Unidad de Biología Celular, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay

SESIONES

ÁREA BIOTECNOLOGÍA

“Biología sintética: de circuitos genéticos a soluciones biotecnológicas”

Dra. Vanesa Amarelle

Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay

Presenta: Dra. Paola Scavone

PRESENTACIONES ORALES

- **Nanopartículas de ZnO:MgO encapsuladas en liposomas para el control selectivo de uropatógenos con compatibilidad con el urobioma** - Nicolás Navarro Martínez (IIBCE)
- **Valorización de residuos de té verde para la producción de tanasa fúngica por *Aspergillus uvarum*** - Erika Arbildi (FQ)
- **Dinámica microbiana bajo estrés por amonio en la digestión de lodos lácteos como pretratamiento para compostaje** - Lucía Gutiérrez (FIng)

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

24 de Julio 2026 Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

SESIONES

ÁREA BÁSICA

"Estrategias de *Mycobacterium tuberculosis* para alterar el metabolismo del macrófago durante la infección"

Dra. Andrea Villarino Rufener

Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay

Presenta: Dra. Mabel Berois

PRESENTACIONES ORALES

- **Explorando el rol de la sinapsis virológica y los nanotubos como mecanismos de transmisión célula-célula del virus de la leucemia bovina** - Yrupé Arhancet (IPMont)

- **Exploración genómica y fenotípica de la resistencia a la radiación UV de aislamientos antárticos pertenecientes al género *Pseudomonas*** - Cecilia Letona Mindel (FCien)

- **Complementación de un aislamiento de *Salmonella* Dublin con genes del operón *prp* para revertir su deficiencia en el metabolismo anaeróbico de compuestos presentes en el intestino** - Josefina Alejandro (IH/FMed)

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

24 de Julio 2026 Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

MESA REDONDA

Microorganismos Antárticos: Dispersión Atmosférica y Biorremediación a Bajas Temperaturas

Modera: Dr. Diego Roldán

“Dos estilos de vida termodinámicamente distintos gobiernan la acumulación de biopolímeros en la bacteria antártica *Pseudomonas frigusceleri*”

Dr. Ignacio Poblete

Universidad de Santiago de Chile, Chile

“Transporte de bioaerosoles patagónicos a la Península Antárctica impulsado por ríos atmosféricos”

Dr. Eduardo Castro

Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, Chile

“Variaciones paleoambientales y dinámicas de comunidades microbianas en lagos de la Antártida Marítima”

Dra. Florencia Bertoglio

Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay

PLENARIA

Modera: Dra. Virginia Ferreira

“Cómo una bacteria patógena se adapta a vivir exclusivamente en el xilema de las plantas”

Dr. Leonardo de la Fuente

Department of Entomology and Plant Pathology,
Auburn University, Alabama, United States

RESÚMENES

CONFERENCIAS

CONFERENCIA INAUGURAL

El pulso oculto del océano

Dra. Claudia Piccini

Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable

claudia.piccini@gmail.com

Situada en la región subtropical (entre los 33° S y los 38° S) del margen suroccidental del océano Atlántico, la zona económica exclusiva de Uruguay (ZEE) constituye un punto clave para comprender la dinámica ecológica y biogeoquímica de nuestros océanos y, por consiguiente, el funcionamiento del océano global. Esta zona alberga ecosistemas quimiosintéticos recientemente descubiertos durante la expedición realizada por el Programa Uruguay Sub200, que se centró en la campaña de muestreo Fkt250812 del B/I (Buque de Investigación) Falkor (too). Dichos ecosistemas se encuentran a grandes profundidades, donde no llega la luz solar, por lo que la fuente principal de energía no es la fotosíntesis sino las reacciones de oxidación de compuestos como el sulfuro de hidrógeno (H2S). Quienes llevan a cabo estas reacciones son bacterias que habitan justo en la interfaz donde el oxígeno y el H2S se encuentran. De esta manera, las bacterias constituyen la base de las tramas tróficas en esos ambientes y propician la vida animal, siendo su papel sumamente relevante en los ciclos del azufre y del carbono. En este trabajo haremos énfasis en algunos hallazgos realizados durante la campaña Fkt250812, donde se identificaron matas microbianas a ca. 1800 m de profundidad compuestas por bacterias del género *Beggiatoa*, una bacteria filamentosa capaz de desplazarse activamente y oxidar H2S acumulando azufre elemental en sus células, produciendo biomasa mediante quimiosíntesis. La charla hará énfasis en la relevancia ecológica de estos sistemas, la diversidad microbiana asociada a las matas de *Beggiatoa* y su conexión con la diversidad y los procesos que ocurren en la zona fótica, conectando estos procesos con impactos humanos como la eutrofización y la expansión de zonas hipóxicas.

MESA REDONDA
EJE INTESTINO-CEREBRO: NUEVOS ENFOQUES MULTIDISCIPLINARIOS

Conexión entre comportamientos inducidos por drogas psicoestimulantes y microbiota intestinal

Dra. Cecilia Scorza

Departamento de Neurofarmacología Experimental, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable

scorzacecilia@gmail.com

Los psicoestimulantes son sustancias psicoactivas que estimulan el sistema nervioso central. Su consumo repetido puede llevar al desarrollo del desorden de uso de sustancias (del inglés Substance Use Disorder, SUD). Cocaína es una de las drogas psicoestimulantes con alto poder adictivo, de origen natural (*Erythroxylon coca*). El desorden por uso de cocaína (CUD) se incluye entre los riesgos más conocidos como el cardiovascular, y las alteraciones en el desarrollo del recién nacido, si el consumo se da durante el embarazo. Si bien se ha avanzado mucho en la comprensión de la neurobiología de base del CUD, hasta el momento, no existen tratamientos aprobados y eficaces para evitar las recaídas y la recuperación de las personas que padecen CUD. En los últimos años, la microbiota intestinal (MI), la comunidad de microorganismos que habitan el tracto gastrointestinal, ha surgido como un factor relevante en la patogénesis del CUD; sin embargo, se requiere más evidencia para avanzar en este campo de investigación. En estudios previos, demostramos que la exposición a cocaína volatilizada (forma fumable de cocaína) altera la composición de la MI en ratas, lo que sugiere que su modulación podría atenuar los efectos de la cocaína. En este sentido investigamos si la modulación de la MI mediante una formulación multicepa a base de lactobacilos, influía en los resultados conductuales y microbiológicos en ratas expuestas repetidamente a cocaína volatilizada. En la presentación se mostrarán los principales resultados obtenidos hasta el momento. Nuestros datos son originales, aunque se necesitan nuevos estudios para dilucidar los mecanismos subyacentes a las interacciones entre MI y el cerebro en los trastornos por consumo de sustancias.

MESA REDONDA
EJE INTESTINO-CEREBRO: NUEVOS ENFOQUES MULTIDISCIPLINARIOS

La microbiota intestinal influye en la conducta de recompensa dependiente del sexo y en el comportamiento social: oportunidades para desarrollar estrategias farmacológicas para tratar los trastornos neuropsiquiátricos

Dr. Javier Bravo

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile
javier.bravo@pucv.cl

Early-life exposure to oral non-absorbable, broad-spectrum antibiotics induced perturbations of the gut microbiota, which generate persistent, sex-dependent effects on behaviour and on neurochemical and enzymatic mediators of brain function. First, perinatal exposure to non-absorbable, broad-spectrum antibiotics altered adult mesocorticolimbic dopamine signalling and increased methylphenidate-induced drug-seeking and locomotor responses, with distinct male–female profiles and changes in D1 receptor and tyrosine hydroxylase expression. Next, juvenile offspring exposed to the same antibiotic regimen displayed reduced social play and grooming, and sex-specific decreases in intestinal β glucuronidase activity, implicating altered oestradiol deconjugation in behavioural dimorphisms. Finally, we developed a methylated analogue of fluoxetine (FLX) that adds a positive charge to the amine group (FLX+), rendering this compound unable to cross biological barriers, including the gut. This pharmacological tool should provide evidence that SSRIs also affect the intestinal lumen. Together, these findings support a timeline in which early microbiota disruption and drug–microbe interactions converge to shape neurodevelopmental trajectories and behavioural outcomes. At the same time, this knowledge highlights the gut microbiota as a novel target for neuropsychiatric interventions.

SESIONES: ÁREA AMBIENTAL

Bulking filamentoso en Uruguay: Un problema ambiental no resuelto

Dra. Angela Cabezas

Universidad Tecnológica, Uruguay
angela.cabezas@utec.edu.uy

En Uruguay y en el mundo la mayoría de los efluentes agroindustriales y urbanos son tratados en sistemas de lodos activados (SLA). Estos sistemas logran disminuir la materia orgánica presente en los efluentes mediante la actividad de bacterias aerobias las cuales la oxidan completamente a CO2 como parte de su metabolismo. Los SLA cuentan con una unidad aireada donde la materia orgánica es oxidada y un sedimentador donde ocurre la separación de las bacterias del efluente tratado. Para lograr una sedimentación adecuada, es necesario contar con una biomasa que forme flóculos compactos. Los SLA presentan diversos problemas operativos como el bulking (falta de sedimentación) y la formación de espumas. Estos fenómenos ocurren por un desbalance de poblaciones en particular el sobre-crecimiento de bacterias filamentosas. El primer paso para poder resolver este problema es identificar las bacterias filamentosas y conocer su potencial metabólico. En el presente proyecto nos enfocamos en estudiar este problema en nuestro país. En una primera etapa se realizó una búsqueda de información y relevamiento de los SLA que se utilizan en el país. En base a este relevamiento, se seleccionaron 11 SLA y se estudió la calidad del lodo y la diversidad microbiana por secuenciación del gen de ARNr 16S con foco en la identificación de bacterias filamentosas. Ocho de las plantas analizadas presentaron problemas de sedimentación y se detectaron problemas de formación de los flóculos y abundancia de bacterias filamentosas. Las comunidades microbianas de cada SLA son específicas y las bacterias filamentosas que predominan pertenecen a la clase Alfaproteobacteria y al filo Chloroflexota. Sin embargo, cada planta presenta bacterias filamentosas diferentes y en general no se comparten los mismos géneros entre diferentes plantas de tratamiento de efluentes.
Esto complejiza el tratamiento del bulking filamentoso debido a que es necesario desarrollar tratamientos específicos para cada planta. Actualmente estamos analizando los datos metagenómicos para comprender mejor el metabolismo de las bacterias filamentosas y encontrar explicaciones a su sobre-crecimiento.

SESIONES: ÁREA SALUD HUMANA Y ANIMAL

Micotoxinas en Uruguay

Dra. Dinorah Pan

Facultad de Ciencias, Facultad de Ingeniería, UdelaR
dpan@fing.edu.uy

La presencia de micotoxinas en los alimentos es un problema de creciente preocupación a nivel mundial, no solo por los efectos que causan en la salud, sino también por las pérdidas económicas que producen en cuanto a producción y comercialización de estos. Sumado a esto, el aseguramiento de la inocuidad de los alimentos se ha convertido en una exigencia básica que deben satisfacer los países exportadores para comercializar sus productos. La Organización Mundial de la Salud ha señalado que la contaminación de los alimentos con micotoxinas es una fuente importante de enfermedades que limita el acceso a alimentos inocuos, y exhorta a controlar que los niveles de micotoxinas en los alimentos cumplan con las reglamentaciones existentes. Uruguay no ha sido la excepción a este problema, severas epidemias de Fusariosis han ocurrido en los cultivos de trigo y cebada generando pérdidas en las cosechas y afectando la inocuidad de los granos y sus derivados por la contaminación con deoxinivalenol. Recientemente también se ha demostrado que los cultivos de maíz, sorgo y soja está expuestos a la colonización por una gran variedad de especies de *Fusarium* que provocan la contaminación de los granos con diferentes micotoxinas como deoxinivalenol, zearalenona y fumonisinas. A pesar de estos antecedentes, continúa sin existir en nuestro país información sobre las especies fúngicas toxicogénicas y micotoxinas presentes en otros cultivos, y la reglamentación existente es limitada a algunas micotoxinas y alimentos. Frente a esta realidad, Uruguay debe profundizar en el conocimiento de las especies fúngicas y las micotoxinas que afectan a los cultivos y debe además desarrollar estrategias de prevención y control para mejorar la inocuidad alimentaria, y en consecuencia, mejorar el posicionamiento del país frente al comercio mundial.

MESA REDONDA
SIMPOSIO SUR: MICROORGANISMOS COMO ALIADOS EN SALUD HUMANA, ANIMAL Y VEGETAL

Bioinsumos en agroecología: rol en la salud del suelo y de las plantas

Dra. Natalia Bajsa

Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable
nbajsa@gmail.com

La agroecología propone un cambio en la forma de producir y distribuir alimentos, y de vincularnos con el ambiente y con otras personas. En la práctica agronómica, se buscan formas de manejo que permitan promover la salud de las plantas, conservar la salud del suelo y del ecosistema, y que no afecten la salud humana. Una herramienta son los bioinsumos de elaboración predial o biopreparados, que se utilizan como alternativa a los fertilizantes y plaguicidas de síntesis química, cuyo impacto negativo en la salud del ecosistema y de las personas está cada vez más documentado. Los biopreparados se elaboran a partir de residuos del propio predio o materiales accesibles, a través de recetas simples que incluyen fermentaciones u otros procesos microbianos. Al aplicarse a los cultivos aportan nutrientes disponibles y microorganismos, con acción como biofertilizantes y/o bioplaguicidas. El uso de los mismos está bastante distribuido en la producción agroecológica en Uruguay y Latinoamérica, con buenos resultados de acuerdo a quienes los utilizan. Sin embargo, se conoce poco acerca de su composición microbiológica y química. Su efecto sobre las plantas y el suelo no ha sido investigado y cuantificado, lo que limita su mayor adopción por quienes buscan una transición a la agroecología. En el IIBCE, en colaboración con investigadores/as de la Universidad de la República y productores/as agropecuarios/as de diferentes zonas del país y elaboradores/as de bioinsumos, buscamos aportar en estos aspectos. Hasta el momento se ha descripto la composición microbiana y química de ciertos biopreparados (microorganismos eficientes, supermagro, bokashi, bostol) y se ha medido el efecto de su aplicación en el crecimiento de plantas de lechuga, avena y alfalfa, así como en la actividad y las comunidades microbianas del suelo. Se continúa trabajando en evaluar la aplicación de los biopreparados en condiciones de producción para aportar a fortalecer su uso como herramienta en la producción de alimentos saludables.

MESA REDONDA
SIMPOSIO SUR : MICROORGANISMOS COMO ALIADOS EN SALUD HUMANA, ANIMAL Y VEGETAL

Microbiomas de animales antárticos: aliados invisibles en ambientes extremos

Dra. Julieta Orlando

Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile - Instituto Milenio Biodiversidad de Ecosistemas Antárticos y Subantárticos (BASE); Santiago, Chile - Sociedad de Microbiología de Chile (SOMICH), Santiago, Chile.

jorlando@uchile.cl

Los ecosistemas antárticos representan uno de los ambientes más extremos del planeta, donde las bajas temperaturas, la marcada estacionalidad y la limitada disponibilidad de recursos han impulsado múltiples adaptaciones en los organismos que los habitan. En este contexto, los microbiomas asociados a animales marinos emergen como un componente clave de la biodiversidad, con funciones potenciales vinculadas a la nutrición, el metabolismo, la respuesta al estrés y la evolución de sus hospedadores. El objetivo de esta presentación es mostrar cómo el estudio de los microbiomas de distintos animales antárticos ha permitido identificar posibles interacciones beneficiosas entre microorganismos y sus hospedadores, así como comprender los procesos ecológicos y evolutivos que estructuran estas asociaciones. Mediante enfoques basados en secuenciación masiva, metagenómica y análisis de microdiversidad, estudiamos microbiomas asociados a erizos de mar, lapas, peces y otros modelos antárticos. Los resultados muestran comunidades microbianas altamente específicas en comparación con el ambiente circundante, con taxones que podrían desempeñar funciones relevantes para la fisiología del hospedero, incluyendo fijación de nitrógeno y degradación de compuestos orgánicos complejos. Asimismo, se detectaron patrones de filosimbiosis, cofilogenia y estructuración filogeográfica que evidencian la influencia conjunta de la historia evolutiva de los hospederos y de las barreras oceanográficas sobre la diversidad microbiana. Finalmente, se presentan avances recientes que extienden este enfoque al estudio de microbiomas de suelos influenciados por colonias de pingüinos, explorando su potencial como reservorio de microorganismos capaces de biodegradar microplásticos y su posible aplicación en estrategias de remediación ambiental. En conjunto, estos resultados muestran que los microorganismos antárticos constituyen aliados invisibles tanto para el funcionamiento de sus hospederos como para la mantención y la resiliencia de los ecosistemas polares frente al cambio global.

Financiamiento: ANID – Programa Iniciativa Científica Milenio – ICN2021_002. ANID – FONDECYT – 1241787. **Agradecimientos**: Agradezco al equipo del Instituto Milenio BASE su colaboración en la obtención de los resultados presentados.

MESA REDONDA
SIMPOSIO SUR : MICROORGANISMOS COMO ALIADOS EN SALUD HUMANA, ANIMAL Y VEGETAL

Vacuna multivalente bovina bajo enfoque Una Salud: Prevención de la diarrea neonatal y *Escherichia coli* enterohemorrágica O157:H7 zoonótico

Dr. Mariano Larzábal

Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular - IABIMO - INTA/CONICET - SAMIGE
larzabal.mariano@inta.gob.ar

Antecedentes y objetivos: *Escherichia coli* enterohemorrágica (EHEC) O157:H7 es un patógeno zoonótico endémico en Argentina, responsable del Síndrome Urémico Hemolítico (SUH) en humanos. Su reservorio principal es el ganado bovino, en el que también prevalece la diarrea neonatal bovina (DNB), causada por ETEC, *Salmonella* spp., Coronavirus (BCoV) y Rotavirus tipo A (BRoVA). Para abordar ambas problemáticas, se diseñó una proteína quimérica (EspB–Int280γ) expresada en la membrana de *Salmonella* Dublin y ETEC inactivadas como vectores vacunales.

Métodos: La inmunogenicidad de la quimera fue previamente validada en ratones y cobayos, confirmando su capacidad para inducir una respuesta mixta Th1/Th2/Th17 sin interferir con las respuestas contra los antígenos de DNB. En el presente estudio, 37 vacas Holstein preñadas se asignaron a un grupo control (n=10, vacuna comercial) o vacunado (n=27, vacuna experimental), recibiendo dos dosis intramusculares con 30 días de intervalo. Se recolectaron suero e hisopados rectales a los días 0, 30 y 60, calostro post-parto y muestras de terneros durante su primer mes de vida.

Resultados: Las vacas vacunadas desarrollaron una respuesta IgG sérica significativamente superior contra EspB e Int280γ, siendo esta última consistentemente más robusta. Los anticuerpos específicos se transfirieron eficientemente al calostro y se detectaron en suero de terneros neonatos durante el primer mes de vida. El calostro hiperinmune inhibió la adherencia de EHEC O157:H7 a células epiteliales humanas HCT-8, con una reducción de aproximadamente dos órdenes logarítmicos respecto al control.

Conclusiones: La vacunación materna con el antígeno quimérico induce una respuesta humoral robusta con transferencia eficiente de anticuerpos funcionales al ternero vía calostro. Esta estrategia representa un enfoque prometedor bajo el paradigma Una Salud para reducir simultáneamente la carga de DNB y el riesgo de transmisión de SUH a humanos.

MESA REDONDA
BIOINSUMOS

Desarrollo de inoculantes rizobianos para leguminosas forrajeras

Dra. Maria Morel

Facultad de Ciencias, UdelaR
mmorel@fcien.edu.uy

Las leguminosas forrajeras introducidas en Uruguay, entre ellas lotus, tréboles y alfalfa, utilizadas en pasturas cultivadas y mejoramientos, tienen inoculantes comerciales desarrollados hace décadas, seleccionados bajo condiciones de suelos, cultivares y sistemas de manejo muy diferentes a los actuales. En sistemas agrícolas con larga historia de uso de leguminosas, como los nuestros, existen poblaciones rizobianas con eficiencias simbióticas variables que compiten con los inoculantes comerciales y ocupan los nódulos. Cada leguminosa presenta particularidades y riesgos para la implantación, lo que refuerza la necesidad de desarrollar inoculantes basados en cepas autóctonas (nativas o naturalizadas), adaptadas a las condiciones locales. En alfalfa y tréboles, las poblaciones rizobianas ineficientes presentes en algunos suelos son un problema. En Lotus, la situación es particularmente compleja: algunas especies no cuentan aún con inoculantes específicos como es el caso de *L. angustissimus* y los híbridos interespecíficos, *L. uliginosus* × *L. corniculatus* y su recíproco, además de existir incompatibilidad entre ciertos géneros de rizobios y grupos de Lotus. En tréboles y lotus avanzamos en la selección de cepas eficientes, persistentes y competitivas, mientas que, en trébol blanco y alfalfa, los esfuerzos se orientan a dimensionar el impacto de los rizobios ineficientes sobre las plantas. En el híbrido *L. uliginosus* x *L. corniculatus* el inoculante comercial de *L. uliginosus* (madre) es más eficiente que el de *L. corniculatus* (padre). Mientras que en *L. uliginosus* los mesorizobios suelen ser incompatibles, encontramos cepas de *Mesorhizobium* aisladas de nódulos del híbrido que resultaron más eficientes que las cepas usadas como inoculantes de los progenitores. Además, identificamos entre los rizobios autóctonos potenciales nuevas especies de *Bradyrhizobium*, *Mesorhizobium* y *Rhizobium* evidenciando una diversidad microbiana no conocida y favorecida por la presión selectiva. Así, el microbioma del suelo se consolida como una fuente estratégica para mejorar la productividad de las leguminosas.

MESA REDONDA
BIOINSUMOS

Hongos entomopatógenos como bioinsumos multifuncionales: avances en investigación, formulación y validación en Uruguay

Dr. Federico Rivas

Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, Uruguay
frivas@inia.org.uy

El desarrollo de hongos entomopatógenos como bioinsumos constituye una herramienta fundamental para una producción agropecuaria en transición hacia la agroecología. Concebidos originalmente como bioinsecticidas para controlar insectos plaga y otros artrópodos, algunas especies del género *Metarhizium* pueden también colonizar la rizósfera, interactuar con las plantas, inhibir fitopatógenos y contribuir a la protección y promoción del crecimiento vegetal. En el marco del proyecto FONTAGRO ATN/RF-20643, la cepa *Metarhizium robertsii* ILB440 fue estudiada mediante aproximaciones genómicas, fenotípicas y ecológicas. Su genoma contiene genes y agrupamientos biosintéticos relacionados con virulencia, metabolitos secundarios, antagonismo frente a fitopatógenos, tolerancia a condiciones adversas e interacción con las plantas. Estudios realizados demostraron su patogenicidad contra insectos de suelo, la garrapata bovina *Rhipicephalus microplus* y *Diaphorina citri*, así como actividad antagonista frente a fitopatógenos asociados a enfermedades de implantación en soja y capacidad de persistir en la rizósfera tras su aplicación mediante recubrimiento de semillas. Además, se comprobó su compatibilidad con bacterias fijadoras de nitrógeno utilizadas como inoculantes comerciales. La cepa de *M. robertsii* ILB440 puede producirse mediante fermentación sólida o líquida, lo que le otorga versatilidad para diseñar formulaciones en gránulos, polvos o recubrimientos de semillas, que buscan mejorar la estabilidad, persistencia y eficacia del microorganismo bajo condiciones productivas. Estos avances se insertan en un contexto regional en el que los bioinsumos adquieren importancia como alternativas para reducir la dependencia de insumos químicos, fortalecer la sostenibilidad y promover innovaciones locales. Las capacidades de interés agronómico detalladas de esta cepa de *Metarhizium* permiten considerar a los hongos entomopatógenos como bioinsumos multifuncionales, con propiedades bioinsecticidas, biofungicidas y biofertilizantes. En este sentido, los resultados plantean la necesidad de repensar los esquemas de evaluación y registro de bioinsumos, de forma que contemplen la multifuncionalidad microbiana y faciliten su adopción.

PLENARIA

Evaluación sistemática de la virocélula mimivirus - *Acanthamoeba*

Dr. Hugo Bisio

Aix-Marseille University/CNRS, Francia
bisio@igs.cnrs-mrs.fr

El concepto de virocélula postula que la célula huésped infectada, en lugar del virión, representa el estado funcional del virus. Si bien las interacciones virus-huésped se han caracterizado exhaustivamente, la dinámica de la propia virocélula aún no se comprende por completo. Los virus gigantes constituyen un sistema modelo particularmente potente, ya que sus grandes genomas codifican más de mil proteínas, muchas de las cuales, según se predice, modulan la fisiología celular e influyen en la aptitud de la virocélula. En este trabajo, presentó los resultados de un análisis proteómico espaciotemporal del ciclo de la virocélula del mimivirus, con especial énfasis en la organización de las fábricas virales, el secuestro de la actividad ribosomal y la optimización de la actividad mitocondrial. En conjunto, demostramos que la actividad de la virocélula evoluciona durante el ciclo de infección del virus y se adapta para optimizar funciones metabólicas específicas.

SIMPOSIO: ORGANOIDES COMO MODELOS PARA LA INVESTIGACIÓN EN MICROBIOLOGÍA

Organoides humanos como modelo para el estudio de interacciones entre microbioma y hospedador

Dra. Fernanda Schreiber

Microbiótica Ltd, Reino Unido
fschreiber@microbiotica.com

Lo modelos animales han sido el modo tradicional de testeo de productos para el tratamiento de enfermedades humanas. Estos modelos, aunque claramente útiles, tiene sus desventajas y los resultados obtenidos no siempre se replican cuando se pasa del modelo a pacientes. El disminuir este salto entre modelos animales y la realidad de efectos en humanos es un gran desafío para la industria, en particular para el estudio de microbiomas. El sistema in vitro de organoides, basado en la regeneración de tejido impulsada por células madre, ha explotado en los últimos años, produciendo una variada gama de modelos que permite el estudio de respuestas humanas fisiológicamente más relevantes. Microbiótica se especializa en el desarrollo de productos bioterapéuticos vivos de precisión con programas en inmuno-oncología y enfermedad inflamatoria intestinal. Utilizamos organoides intestinales primarios para el estudio de interacciones entre bacteria y hospedador, con particular énfasis en respuestas epiteliales. Esto nos ha ayudado en distintas etapas durante el desarrollo de productos, desde el screening inicial al descubrimiento de mecanismos de acción y validando el proceso de selección de end points exploratorios para el ensayo clínico.

SIMPOSIO: ORGANOIDES COMO MODELOS PARA LA INVESTIGACIÓN EN MICROBIOLOGÍA

Organoides intestinales no humanos como modelo experimental en microbiología

Dra. Mariela Bollati

Unidad de Biología Celular, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay
mbollati@pasteur.edu.uy

El estudio de las interacciones hospedador–patógeno está siendo abordado desde una nueva perspectiva gracias al desarrollo de los organoides. Estas estructuras tridimensionales, derivadas de células madre, logran replicar con elevada fidelidad la arquitectura, la diversidad celular y la funcionalidad de los órganos in vivo. En esta charla se discutirá cómo los organoides intestinales de origen no humano se han consolidado como una herramienta de vanguardia, capaz de superar las limitaciones de los cultivos celulares tradicionales en 2D. Durante la primera parte se expondrán los aspectos generales de esta tecnología.Se analizará cómo estos “mini-órganos” recrean el eje cripta–vellosidad, mantienen la polaridad celular y conservan gran parte de su funcionalidad y complejidad, fundamental para estudiar infecciones en un entorno que simula con precisión la fisiología real del hospedador. En la segunda sección, se compartirá nuestra experiencia de investigación, ilustrando el potencial de estos modelos frente a distintos organismos patógenos: i) *Salmonella*: utilizada para comparar la infectividad e invasión de dos cepas de *Salmonella enterica* empleando organoides intestinales de diferentes especies. ii) *Toxoplasma gondii*: para analizar cómo los organoides permiten obtener estadios del parásito que ocurren exclusivamente en el intestino de los félidos, un paso crítico de su ciclo biológico difícil de modelar in vitro. iii) *Trypanosoma cruzi*: mediante el uso de estos modelos para desentrañar la transmisión oral —una vía de infección de gran relevancia epidemiológica aún poco comprendida— y para estudiar la fase crónica de la enfermedad, en la cual el colon constituye un sitio clave de reservorio del parásito. En conjunto, estos sistemas no solo reducen la dependencia de modelos animales in vivo, sino que también ofrecen una herramienta altamente predictiva de los eventos celulares que definen la patogénesis microbiana, permitiendo un enfoque de “Una Salud” al integrar especies animales de interés veterinario y zoonótico.

SESIONES ÁREA BIOTECNOLOGÍA:
SESION GENERAL

Biología sintética: de circuitos genéticos a soluciones biotecnológicas

Dra. Vanesa Amarelle

Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay.
amarelle.iibce@gmail.com

La biología sintética apunta al diseño racional de sistemas biológicos, aplicando principios de ingeniería para crear organismos “a la carta”. Se basa en el uso de partes biológicas discretas, caracterizadas, y estandarizadas, para generar circuitos génicos que otorguen a los organismos nuevas características.
Esta charla pretende introducir algunos conceptos básicos de la disciplina, las herramientas utilizadas, así como ejemplos puntuales de su aplicación en el diseño racional de microorganismos. Mencionaré algunos aportes de nuestro grupo, así como las herramientas que tenemos a disposición para la comunidad científica. También presentaré los esfuerzos que se vienen realizando para la formación de recursos humanos en una disciplina en auge y con un enorme potencial para aportar soluciones biotecnológicas a problemas locales.

SESIONES ÁREA BÁSICA:
SESION GENERAL

Estrategias de *Mycobacterium tuberculosis* para alterar el metabolismo del macrófago durante la infección

Dra. Andrea Villarino

Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay
avillarino@fcien.edu.uy

La respuesta inmunitaria innata contra *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) culmina en la formación de granulomas, donde predominan los macrófagos espumosos. Estas células acumulan gotas de lípidos (LDs) compuestas por triacilgliceroles y ésteres de colesterol, las cuales sirven como fuente de energía para la persistencia del patógeno. Para sobrevivir, Mtb secreta factores de virulencia como la proteína tirosina fosfatasa A (PtpA) al citosol del huésped. Aunque se conoce su rol en la inhibición de la maduración del fagosoma y la apoptosis, este estudio propone que PtpA también modula el metabolismo lipídico mediante su interacción con dos proteínas humanas clave: hTFPα (esencial para la β-oxidación mitocondrial de ácidos grasos de cadena larga) y hSQOR (responsable del consumo de sulfuro de hidrógeno, H2S). Ambas proteínas presentan una pérdida de localización mitocondrial durante la infección. Nuestro grupo demostró que PtpA desfosforila a hTFPα en el residuo Tyr-271, reduciendo su actividad enzimática y promoviendo la acumulación de LDs. Simultáneamente, la inhibición de hSQOR por PtpA podría elevar los niveles de H2S, favoreciendo la supervivencia bacteriana. Hemos identificado el residuo p-Tyr 434 de hSQOR como un blanco potencial de PtpA desarrollado variantes recombinantes para caracterizar esta regulación. Los resultados sugieren que PtpA es un factor crítico en el cambio de localización y actividad de estas proteínas, alterando el metabolismo del huésped para facilitar la cronicidad de la infección. Profundizar en estas interacciones permitirá identificar dianas terapéuticas para el diseño de fármacos dirigidos a eliminar la bacteria o modular el metabolismo del huésped, limitando la proliferación de Mtb.

MESA REDONDA: MICROORGANISMOS ANTÁRTICOS: DISPERSIÓN ATMOSFÉRICA Y BIOREMEDIACIÓN A BAJAS TEMPERATURAS

Dos estilos de vida termodinámicamente distintos gobiernan la acumulación de biopolímeros en la bacteria antártica *Pseudomonas frigusceleri*

Dr. Ignacio Poblete Castro

Universidad De Santiago de Chile
ignacio.poblete.c@usach.cl

Pseudomonas frigusceleri es una bacteria psicrotolerante aislada del continente antártico, donde sobrevive bajo presión simultánea de bajas temperaturas, hidrocarburos, metales y compuestos aromáticos. En este estudio mostramos que esta cepa acumula polihidroxialcanoatos de cadena media (mcl-PHA) (biopolimeros) durante la fase de crecimiento cuando metaboliza glicerol, lo que plantea una pregunta central: ¿qué fracción de la biomasa corresponde a polímero de reserva y cuál es el sentido fisiológico de acumularlo durante el crecimiento balanceado? Empleando cultivos continuos en quimiostato bajo limitación de carbono (glicerol), demostramos que el patrón es reproducible y robusto. La célula mantiene aproximadamente un 15% del peso seco como mcl-PHA en estado estacionario. Al someter *P. frigusceleri* a limitación de nitrógeno con exceso de carbono, la composición del polímero cambia drásticamente, la célula acumula una mezcla de aproximadamente 75% de polihidroxibutirato (PHB) y el resto como mcl-PHA. El análisis transcriptómico comparativo entre ambos estados estacionarios reveló que bajo limitación de nitrógeno opera un programa de regulación transcripcional clásico que activa la maquinaria de biosíntesis PHB; en contraste, bajo limitación de carbono no existe un programa transcripcional dedicado, sino que la acumulación de mcl-PHA emerge como la solución termodinámicamente óptima para mantener un ciclo de homeostasis metabólica, acoplando completamente anabolismo y catabolismo y evitando la sobrecarga de la cadena respiratoria a tasas de crecimiento elevadas. Mediante experimentos de marcaje isotópico con 13C de glucosa seguido de cambio a glicerol no marcado, demostramos además que el PHB heredado se diluye por crecimiento sin depolimerización activa detectable, mientras que el mcl-PHA se sintetiza de novo de manera continua vía rutas PhaG-independientes. Estos resultados redefinen el sentido funcional de los polímeros de reserva en *Pseudomonas* y revelan dos estilos de vida bioenergéticos distintos—uno regulado, otro termodinámicamente impuesto—que coexisten en una misma cepa según el balance C:N del ambiente.

MESA REDONDA: MICROORGANISMOS ANTÁRTICOS: DISPERSIÓN ATMOSFÉRICA Y BIOREMEDIACIÓN A BAJAS TEMPERATURAS

Transporte de bioaerosoles patagónicos a la Península Antártica impulsado por ríos atmosféricos

Dr. Eduardo Castro

Universidad de Talca, Chile
ecastron@utalca.cl

La atmósfera transporta microorganismos a escala continental, pero los mecanismos sinópticos que regulan su entrega episódica a la Antártica permanecen sin caracterizar. Los ríos atmosféricos (RAs) —corredores estrechos de transporte intenso de vapor de agua— concentran la mayor parte de la humedad y aerosoles que alcanzan la Península Antártica; sin embargo, sus consecuencias biológicas no han sido evaluadas. Muestreamos bioaerosoles, suelo y rizásfera en cinco sitios patagónicos y en dos bases antárticas (isla Robert e isla Doumer) durante el verano austral de 2022, con muestreo diario de aire en el sitio impactado por el RA. Integramos datos de secuenciación amplicon (16S rRNA V4, ITS1) con reanálisis ERA5, trayectorias retrógradas HYSPLIT forzadas por Polar-WRF, y trazadores químicos de fuente continental (polvo mineral patagónico y aerosol orgánico secundario de isopreno terrestre) modelados con CHIMERE. Encontramos que las comunidades aéreas antárticas son composicionalmente distintas de los suelos locales y del aire marino sobre el Océano Antártico (PERMANOVA $R^2 = 0{,}56$, $p = 0{,}001$), y que el gradiente latitudinal de 1.500 km se recapitula en el espacio de diversidad beta. El evento de RA del 7–8 de febrero de 2022 coincidió con una reorganización significativa de la comunidad bacteriana aérea (PERMANOVA $R^2 = 0{,}28$, $p = 0{,}001$), un aumento en diversidad filogenética (Faith's PD: 38,7 → 96,7; $p = 0{,}024$), la aparición de géneros de origen patagónico (*Psychrobacter*, *Methylophilus*, *Empedobacter*) y picos de ~100× en polvo mineral y~20× en aerosol orgánico secundario. El rastreo de fuentes con FEAST reveló una caída del aporte de aire patagónico (56 % → 10 %; $p = 0{,}011$) y un incremento en fracción desconocida (34 % → 80 %), indicando entrega de una comunidad microbiana previamente no representada en los reservorios muestreados. Estos resultados demuestran que los ríos atmosféricos actúan como vectores de dispersión microbiana transcontinental, conectando la Patagonia con la Península Antártica en escalas de tiempo de días y con una huella composicional detectable.

MESA REDONDA: MICROORGANISMOS ANTÁRTICOS: DISPERSIÓN ATMOSFÉRICA Y BIOREMEDIACIÓN A BAJAS TEMPERATURAS

Variaciones paleoambientales y dinámicas de comunidades microbianas en lagos de la Antártida Marítima

Dra. Florencia Bertoglio

Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay
florbertoglio@gmail.com

En esta presentación integrará los resultados obtenidos durante diversos estudios realizados en la Península Fildes (PF), una de las regiones antárticas con mayor intensidad de actividades humanas y fuertemente afectada por el calentamiento global. El objetivo de estas investigaciones fue evaluar y reconstruir la estructura de las comunidades bacterianas en diferentes tiempos, para comprender sus expuestas ante las variaciones en el medio ambiente. Se incluyeron muestras de sedimento y de agua de lagos de la PF comprendiendo diferentes escalas temporales: milenaria (4900-1070 años atrás), centenaria (últimos 100 años) y anual (estaciones del año). La metodología combinó análisis geoquímicos y cronológicos con metabarcoding del gen ARNr 16S bacteriano y experimentos in situ con muestras de agua. El análisis de sedimento más antiguo permitió inferir tres etapas paleoambientales durante el retroceso glaciar y su transición hacia la formación de los lagos, con ensambles bacterianos característicos de cada etapa. A partir del incremento en las concentraciones de metales y de la identificación de bacterias indicadores de contaminación, se confirmó impacto antropogénico coincidente con la llegada del humano a la zona. El estudio de muestras de agua reveló que la cobertura de hielo invernal se asocia a una mayor riqueza y diversidad bacteriana, mientras que los aportes de escorrentía durante el deshielo afectan a las comunidades bacterianas en términos de diversidad y actividad. Estos resultados demuestran que el aumento de la temperatura modifica a la criosfera repercutiendo sobre la diversidad y el metabolismo bacteriano. Los hallazgos presentados respaldan el empleo del ADN sedimentario bacteriano como proxy para reconstruir los cambios ocurridos en el pasado, lo que nos acerca a la predicción de los cambios en el futuro.

PLENARIA

Cómo una bacteria patógena se adapta a vivir exclusivamente en el xilema de las plantas

Dr. Leonardo de la Fuente

Department of Entomology and Plant Pathology, Auburn University, Alabama, United States
lzd0005@auburn.edu

Xylella fastidiosa es una bacteria fitopatógena confinada al xilema que se transmite exclusivamente mediante insectos vectores que se alimentan de savia. Se sabe que este patógeno infecta a más de 700 especies vegetales, aunque muchas de ellas no desarrollan síntomas. La enfermedad de Pierce en la vid se conoce en Estados Unidos desde hace aproximadamente 150 años; sin embargo, en las últimas décadas, esta y otras enfermedades emergentes causadas por *X. fastidiosa* se han detectado en otras partes del mundo. Aunque históricamente la mayoría de los casos se registraron en el continente americano, en la última década se ha detectado su presencia en Europa y Asia, causando notablemente el devastador síndrome de decaimiento rápido del olivo en el sur de Italia. Esta bacteria es uno de los pocos fitopatógenos conocidos que se restringen al xilema, por lo que nos interesa comprender las características moleculares y microbiológicas que le permiten sobrevivir con éxito en el interior de los vasos xilemáticos. Estamos estudiando el proceso de competencia natural —la capacidad de una bacteria para adquirir y recombinar fragmentos de ADN del entorno— debido a su posible papel en la adaptación al nicho y en la evolución de *X. fastidiosa*. En la búsqueda de genes determinantes de la especificidad de hospedador, hemos estudiado la composición de pseudogenes en diversos genomas, demostrando que los genotipos difieren en cuanto a su estilo de vida generalista o especialista. El crecimiento de cepas in vitro en medios enriquecidos con savia se utiliza como indicador para comprender el rango de hospedadores de las cepas patógenas emergentes en todo el mundo. Comprender las estrategias que emplea *X. fastidiosa* para vivir exclusivamente en el xilema contribuirá a desarrollar enfoques dirigidos a atacar aspectos vulnerables de este patógeno con el fin de controlar la enfermedad.

PRESENTACIONES ORALES

ÁREA AMBIENTAL

ID 37

Elementos genéticos móviles de bacterias antárticas resistentes a la radiación UV

Hanna Zehnle[1]; Cecilia Letona Mindel[2]; Patricia Opiolo de Arteaga[2]; Juan José Marizcurrena[2]; Susana Castro-Sowinski[1]; César García Laviña[1]

[1] Sección Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República; [2]Antarka, Parque de Innovación del LATU

hanna.zehnle@fcien.edu.uy

En ambientes extremos, como la Antártida, la adquisición de elementos genéticos móviles (EGMs) puede ser clave para moldear la adaptación de la microbiota nativa. En este contexto, analizamos una colección de 13 cepas bacterianas (UV1–UV13) aisladas de la Antártida y seleccionadas por su alta resistencia a la radiación UV. Nos propusimos caracterizar los EGMs de las cepas e inferir sus posibles contribuciones adaptativas. Secuenciamos las cepas mediante tecnologías Nanopore e Illumina y desarrollamos un pipeline bioinformático ramificado para el ensamblado de novo y la anotación funcional. Curamos los contigs extracromosómicos (CEs) para descartar artefactos en función de su cobertura y alineamientos. Evaluamos la similitud entre cepas con FastANI y dDDH. Por último, con la herramienta geNomad clasificamos los CEs e identificamos profagos. Para todas las cepas obtuvimos genomas completos, con un total de 45 contigs circulares, de los cuales 32 se corresponden a CEs (tamaños entre 3.6-238 kb). El análisis de similitud redujo el conjunto a nueve especies con 27 CEs distintos, de los cuales 18 pertenecieron a UV11. Aunque los CEs circulares se consideran típicamente plásmidos, solo 15 fueron clasificados como tales por geNomad, uno como viral y 11 permanecieron sin clasificar. Los CEs codificaron funciones diversas, incluyendo resistencia a metales pesados, capacidades metabólicas ampliadas, producción de exopolisacáridos, respuesta a estrés, sistemas CRISPR y transferencia conjugativa. Además, se identificaron 22 profagos en los cromosomas (0-4 por genoma). Tres de los profagos portan el operón *umuDC*, marcador de resistencia a UV que codifica la ADN polimerasa de translesión Pol V. Este operón también se detectó en tres plásmidos y, de hecho, para dos cepas (UV5 y UV7) se encontró codificado exclusivamente en EGMs. En conjunto, estos resultados subrayan el papel de los EGMs circulantes en la adaptación bacteriana a condiciones extremas y de estrés ambiental en la Antártida.

ID 58

Caracterización e identificación de bacterias aisladas de nódulos de la leguminosa forrajera nativa *Desmodium incanum*

Ionel Hernández[1,2]; Catalina Telechea[1,2]; Antonela Rivoir[2]; Felipe Lezama[3]; María Morel[2,4]; Raúl Platero[2]; Cecilia Taulé[1,2]

[1] Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismo, Laboratorio de Microbiología Ambiental. Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales (CICA). [2] Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas (BIOGEM). Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Ministerio de Educación y Cultura (MEC). Uruguay; [3] Departamento de Sistemas Ambientales, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. Uruguay; [4] Laboratorio de Microbiología de Suelos, Facultad de Ciencias, Universidad de la República. Uruguay. Laboratorio de Microbiología Molecular, BIOGEM, IIBCE, MEC. Uruguay.

ionel.hdez09@gmail.com

Las leguminosas desempeñan un papel clave en el campo natural uruguayo, mejorando la fertilidad del suelo mediante la fijación biológica de nitrógeno, proceso que ocurre durante la simbiosis con bacterias llamadas rizobios. *Desmodium incanum* es una leguminosa nativa que destaca por adaptarse a condiciones locales e integrarse en sistemas pastoriles. Sin embargo, en Uruguay no se cuenta con cepas de rizobio nativos compatibles y eficientes en la simbiosis con esta leguminosa, y por ende se carece de cepas recomendadas para su uso como inoculante. El objetivo del trabajo fue estudiar la diversidad de rizobios asociados a *D. incanum* en Uruguay. Se obtuvieron muestras de plantas en doce puntos de colecta de ocho departamentos. Sus nódulos se desinfectaron, maceraron y el contenido se cultivó en medio Extracto de Levadura Manitol. Los aislamientos se identificaron molecularmente secuenciando los genes *nifH* y ADNr 16S y se caracterizaron según su capacidad de nodular in vitro plantas de *D. incanum* en medio Jensen. Complementariamente, se caracterizaron in vitro según atributos relacionados con la promoción del crecimiento vegetal. Se construyó una colección de 56 aislamientos, provenientes de 15 plantas y 9 sitios. La amplificación del gen nifH se corroboró en el 14% de los aislamientos y la secuenciación del gen rrs permitió identificar los géneros *Bradyrhizobium* y *Rhizobium*. La capacidad de algunos aislamientos de nodular plantas de *D. incanum* permitió confirmar su pertenencia al grupo de los rizobios. Se identificaron aislamientos que solubilizaron fosfato de calcio (21%), produjeron compuestos indólicos (39%) y sideróforos (45%), formaron biopelículas (77%), con actividad proteasa (27%), celulasa (18%) y antagonismo frente a los fitopatógenos *Botrytis cinérea* (14%) y *Pythium debaryanum* (11%). Estos resultados aportan al conocimiento de la diversidad de rizobios y otras bacterias asociados a *D. incanum* en Uruguay destacando su potencial para el desarrollo de bioinsumos agrícolas.

Palabras claves: rizobios, leguminosa nativa, simbiosis, campo natural, pega-pega.

ID 70

Presencia de cianotoxinas y bacterias patógenas en abrevaderos: análisis de riesgo desde la perspectiva de una salud

Andrea González Izaguirre[1]; Gabriela Martínez de la Escalera[1]; Alvaro González-Revello[2]; Carla Kruk[3]; Angel Segura[4]; Fabrizio Tiscornia[3]; Federico Gallego[3]; Pablo Zunino[1]; Gervasio Piñeiro[5]; Juan Manuel Piñeiro[4]; Claudia Piccini[1]

[1] Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; [2] Facultad de Veterinaria, Uruguay; [3] Facultad de Ciencias, Uruguay; [4] CURE, Universidad de la República, Rocha, Uruguay; [5] Universidad de Buenos Aires, Argentina

agonzalez@fcien.edu.uy

La contaminación del agua es un problema muy grande que afecta al ambiente y a la salud en todo el mundo. La presencia de cianobacterias tóxicas y bacterias patógenas causan problemas graves en el ambiente, la economía y en la salud de las personas y los animales. En nuestro país, las floraciones de cianobacterias ocurren todo el año, lo que genera una alerta debido a que pueden causar problemas de salud e incluso la muerte de animales. El objetivo de este trabajo es evaluar cómo afectan las cianobacterias tóxicas y las bacterias patógenas presentes en el agua a la salud del ganado. Para ello, se analizaron distintos ecosistemas acuáticos (tajamares, ríos, estuarios y embalses) mediante muestreos in situ y análisis satelitales, en cada sitio se recolectaron muestras de agua y muestras de sangre. La caracterización microbiana se estudió aplicando tecnología AmpliSeq con un panel diseñado por el grupo de investigación, compuesto por 548 juegos de primers dirigidos a 71 genes de virulencia bacteriana y de producción de cianotoxinas. Se contó además con información ambiental (temperatura, turbiedad, conductividad, nutrientes y oxígeno disuelto) y datos de contaminación fecal para cada sitio muestreado. En tajamares y pequeños embalses predominó la contaminación fecal, mientras que en grandes embalses, remansos y el estuario del Río de la Plata dominaron los genes asociados a cianotoxinas. Los perfiles renal y hepático de las vacas revelaron leve daño a moderado en ecosistemas con floraciones intensas de *Microcystis* sp., compatible con exposición crónica a microcistinas. En sitios con floraciones escasas, el daño fue leve, sugiriendo exposición intermitente. El riesgo para el ganado es mayor en embalses y remansos. Los patógenos zoonóticos en tajamares y la exposición recreativa a cianotoxinas en grandes embalses, ríos y estuarios amenaza la salud del medio, lo que refuerza la necesidad de un monitoreo integrado del agua.

ÁREA SALUD HUMANA Y ANIMAL

ID 17

Microbioma oral e intestinal en pacientes con periodontitis

Marisabel Charlo[1]; Ernesto Andrade [2]; Valentina Colistro[3]; Pilar Casal[1]; Magdalena Mayol[2,4]; Bruno Manta[1]

[1] Institut Pasteur de Montevideo - Uruguay; [2] Departamento de Odontología Preventiva y Restauradora, Facultad de Odontología, Universidad de la República - Montevideo - Uruguay; [3] Departamento de Medicina Social y Preventiva, Facultad de Medicina, Universidad de la República - Montevideo - Uruguay; [4] Departamento de Especialidades Clínicas Odontológicas, Facultad de Odontología, Universidad Complutense de Madrid - Madrid - España

marisabelcharlo27@gmail.com

La periodontitis es una enfermedad inmunoinflamatoria crónica asociada a disbiosis del microbioma oral y a la activación de mecanismos de defensa del huésped, lo que conduce a la destrucción de los tejidos de soporte dental. La instrumentación subgingival (IS) es el tratamiento de elección para el control del biofilm supra y subgingival y busca modificar la composición y funcionalidad del microbioma oral, pudiendo afectar también el microbioma intestinal debido a la conexión física e inmunológica entre boca e intestino. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar, por primera vez en Uruguay, los microbiomas oral e intestinal de pacientes con periodontitis antes y después de la IS, así como analizar su relación con variables clínicas y de estilo de vida. El estudio incluyó 40 pacientes asistidos en la Clínica de Periodoncia de la Facultad de Odontología. Se realizaron dos entrevistas de salud y nutrición, análisis sanguíneos y recolección de muestras de saliva y heces antes y después del tratamiento. Las muestras fueron analizadas mediante secuenciación del gen ARNr 16S. Los resultados muestran que el tratamiento periodontal induce cambios composicionales y estructurales principalmente en el microbioma oral, y en menor medida en el intestinal. Tras la IS, se observó un aumento de especies comensales asociadas a salud, especialmente *Streptococcus* del grupo *mitis*, que además adquirieron un rol central en las redes ecológicas postratamiento. En el microbioma intestinal se identificó un aumento global de la diversidad alfa luego de la intervención, junto con cambios composicionales y de red más modestos. La integración de metadatos y microbiomas mostró que las asociaciones más consistentes del microbioma oral basal se relacionaron principalmente con variables dietarias y clínico-metabólicas, más que con parámetros periodontales o hábitos de higiene oral.

ID 21

Respuesta serológica asociada a la vacunación en leptospirosis bovina

Ana Acosta[1]; Matilde López Lucas[1]; Tamara Iglesias[2]; Gustavo Varela[2]; Laureana De Brun[1]

[1] Facultad de Veterinaria; [2] Instituto de Higiene, Facultad de Medicina

anakaacosta292@gmail.com

La leptospirosis bovina, zoonosis de relevancia productiva y sanitaria cuyo control se basa principalmente en la vacunación. En sistemas endémicos, la respuesta serológica en animales vacunados puede estar influenciada tanto por la inmunización como por la exposición ambiental al agente. El objetivo fue analizar la respuesta humoral posvacunal incorporando la cinética de anticuerpos y la interpretación integrada de metodologías serológicas. Se utilizaron sueros de un rodeo Hereford (Lavalleja, Uruguay), distribuidos en ocho grupos experimentales (n=35), incluyendo animales vacunados con diferentes formulaciones comerciales (solas o combinadas) y un grupo control. Los animales recibieron dos dosis (días 0 y 30) y se realizaron muestreos en días 0, 30 y 60. La respuesta humoral se evaluó frente a ocho serovares de *Leptospira* mediante la técnica de microaglutinación (MAT) y un ELISA indirecto para IgG total e isotipos IgG1 e IgG2. Al inicio, la mayoría de los animales no presentó anticuerpos aglutinantes detectables. Tras la vacunación, la respuesta aumentó desde el día 30 y se consolidó hacia el día 60, en concordancia con la cinética esperada de la respuesta humoral posvacunal. En MAT, la seroconversión se evidenció principalmente frente a Canicola y Tarassovi, en concordancia con su inclusión en vacunas comerciales utilizadas en el país, reflejando la orientación de la respuesta hacia los antígenos vacunales. El análisis de isotipos permitió complementar esta lectura, evidenciando diferencias en el perfil de respuesta entre esquemas vacunales. La vacuna D mostró una respuesta temprana de IgG2, mientras que la combinación A+D presentó mayor producción de IgG1 en fases tardías. En conjunto, los resultados muestran que la incorporación de la dimensión temporal de la respuesta humoral, junto con la lectura integrada de MAT y ELISA, permite una interpretación más completa de los resultados serológicos, aportando elementos para el análisis comparativo de esquemas vacunales en condiciones de campo.

ID 59

Integración genómica y fenotípica en cepas STEC: genes de regulación génica en la formación de biofilms y adaptación ambiental

Yamila Figueroa[1,2]; Carla Stoletniy[1,2]; Juan Silvera[1,2]; Erlen Cruz Jorge[3]; Ana Caetano[4]; Paola Scavone[2,3]; Pablo Zunino[1,2]; Gustavo Varela[4]; Claudia Piccini[2,5]; Ana Umpiérrez[1,2]

[1] Depto. de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo; [2] Centro de Investigación en Ciencias Ambientales. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo; [3] Laboratorio de Biofilms Microbianos, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo; [4] Unidad de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Montevideo; [5] Laboratorio de Ecología Microbiana Acuática, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo.

yfigueroa89@gmail.com

Escherichia coli productora de toxina Shiga (STEC) es un patógeno zoonótico, responsable de cuadros que van desde diarrea hasta síndrome urémico hemolítico. Su circulación en ambientes y hospederos plantea interrogantes sobre sus mecanismos para persistir y adaptarse. Se analizaron 44 cepas de STEC aisladas en Uruguay (agua de arroyo, animales silvestres, alimentos y casos clínicos humanos y animales), con el objetivo de integrar el genoma y el fenotipo para identificar determinantes asociados a persistencia/adaptación. El análisis genómico incluyó filogenia, genes de virulencia, resistencia antimicrobiana y replicones plasmídicos. En cuanto a fenotipo se evaluó formación de biofilm (20°C y 37°C) y resistencia a pH-ácido. La integración de datos incluyó la búsqueda de marcadores genómicos y el análisis de regiones reguladoras asociadas a la formación de biofilms y la resistencia al ácido. La formación de biofilm estuvo significativamente influenciada por el origen y la temperatura (p=0,001), con mayor producción a 20°C, especialmente en STEC de agua y animales silvestres. Estas cepas presentan la isla de patogenicidad LAA, previamente descrita por nuestro grupo, lo que podría contribuir a su capacidad de persistencia/formación de biofilm. La resistencia a pH-ácido también varió según origen (p=0,015), destacando las cepas bovinas como más resistentes y las de alimentos como más sensibles (diferencias hasta ~3 órdenes). No se observó correlación entre contenido génico y fenotipo. Sin embargo, se identificaron polimorfismos en la región *csgB–csgD* y en regiones reguladoras del gen *csgD* (regulador transcripcional de la formación de biofilm), en STEC O157:H7 con baja formación de biofilm, lo que podría sugerir una modulación de la expresión. Los resultados sugieren que la variabilidad fenotípica de STEC estaría determinada principalmente por mecanismos de regulación génica y adaptación al nicho ecológico. Se destaca la importancia de integrar enfoques genómicos y funcionales para comprender la diversidad de STEC.

ÁREA

BIOTECNOLOGÍA

ID 45

Dinámica microbiana bajo estrés por amonio en la digestión anaerobia de lodos lácteos como pretratamiento para compostaje

Lucía Gutiérrez[1]; Cecilia Callejas[1]; Mauricio Passeggi[1]; Liliana Borzacconi[1]; Iván López[1]

[1] Facultad de Ingeniería, Universidad de la República
lgutierrez@fing.edu.uy

Introducción: Los lodos de pretratamiento de efluentes lácteos por flotación por aire disuelto son residuos con potencial de valorización energética y agronómica dada su carga orgánica y nutricional. Sin embargo, su contenido de lípidos les confiere una estructura que impide un compostaje eficiente. La digestión anaerobia constituye un pretratamiento clave para degradar estas grasas, mejorando la textura del residuo; aunque su alto contenido proteico genera riesgo de inhibición por amoníaco para la microbiota. En este contexto, el objetivo fue evaluar la digestión anaerobia previa al compostaje, caracterizando la dinámica microbiana para comprender las respuestas biológicas asociadas a la estabilidad. Materiales y Métodos: Se operó un reactor de 3 L a 35 °C durante 32 semanas bajo una estrategia escalonada de aumento de carga. Para mitigar la inhibición por amoníaco, se aplicó remoción del sobrenadante para extender la retención de biomasa y, posteriormente, co-digestión con residuos hortifrutícolas para balancear la relación C/N. La comunidad microbiana se caracterizó mediante secuenciación del gen 16S rRNA (Illumina NovaSeq6000) y análisis con QIIME 2. Resultados y discusión: Se alcanzó una operación estable a 4,8 $gSV \cdot L^{-1} \cdot d^{-1}$ con una reducción del 70% en grasas, mejorando la textura del residuo para compostaje. Pese a concentraciones de amoníaco de 80-100 $mgN \cdot L^{-1}$, la co-digestión estabilizó el proceso. Su introducción disminuyó la diversidad alfa, reflejando especialización comunitaria, y promovió un desplazamiento desde filos degradadores de lípidos y proteínas (Desulfobacterota, Cloacimonadota) hacia grupos hidrolíticos (Bacteroidetes). La producción de metano se correspondió con la dominancia de *Methanothrix* y con un recambio de metanógenos hidrogenotróficos (*Methanobacterium*, *Methanospirillum* y no clasificados), sugiriendo redundancia funcional frente al estrés por amoníaco. Conclusión: La digestión anaerobia resultó un pretratamiento eficaz del residuo lácteo, donde la resiliencia de *Methanothrix* y la adaptación de la comunidad bacteriana permitieron, pese a la inhibición por amoníaco, obtener un material apto para compostaje. Agradecimientos: Los autores agradecen el apoyo financiero del Fondo Maggiolo (Universidad de la República, Uruguay) a través del proyecto “Evaluación de la integración de una etapa anaerobia en la elaboración de compost” (ID de subvención 84).

ID 50

Nanopartículas de ZnO:MgO encapsuladas en liposomas para el control selectivo de uropatógenos con compatibilidad con el urobioma

Nicolás Navarro Martínez[1]; María José González[1]; Erlen Cruz Jorge[1]; Luciana Robino[1]; Sofía Sánchez[2]; Javier O. Morales[2]; Paola Scavone[1]

[1] Laboratorio de Biofilms Microbianos, Depto. de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; [2] Drug Delivery Laboratory, Departamento de Ciencias y Tecnología Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile

nicolas.navarro.mm@gmail.com

La creciente prevalencia de infecciones del tracto urinario (ITU) por bacterias resistentes a antibióticos exige estrategias terapéuticas alternativas que actúen eficazmente sobre biofilms uropatogénicos sin comprometer el urobioma comensal. Se sintetizaron y caracterizaron nanopartículas de ZnO:MgO y su formulación liposomal (Lipo–ZnO:MgO), evaluando actividad antimicrobiana y antibiofilm frente a *S. aureus* ATCC 6538, *P. aeruginosa* ATCC 9027, aislamientos clínicos (*E. coli* 144 y *P. aeruginosa* A1121AS), y dos especies comensales del urobioma *S. haemolyticus* 2BS2100 y *S. saprophyticus* 122AS1, en medios BHI, LB, DMEM y orina artificial (OA). La encapsulación liposomal invirtió la carga superficial de +13,86 mV a −55,77 mV, incrementó el diámetro hidrodinámico y preservó el contenido de Zn^{2+} con un rendimiento del 98,46%. Los valores de CIM y CBM superaron los 12,5 µg/mL para la mayoría de las cepas. Los efectos antibiofilm resultaron dependientes de la especie, cepa y medio: ZnO:MgO sin encapsular estimuló consistentemente la formación de biofilm de *S. aureus* en todos los medios, mientras que el efecto sobre *P. aeruginosa* fue dependiente del medio y la formulación empleada. Lipo–ZnO:MgO no tuvieron efecto sobre los biofilms de las cepas comensales en OA, *S. haemolyticus* y *S. saprophyticus*, y redujo el biofilm de *S. aureus* patógeno. A concentraciones en las que ZnO:MgO incrementó el biofilm, identificando 3,125 µg/mL como la concentración de máxima selectividad en el sistema liposomal. En los ensayos de adhesión bacteriana, Lipo–ZnO:MgO mantuvo la viabilidad de las células epiteliales T24 a 12,5 µg/mL, reduciendo simultáneamente la adhesión de *E. coli* uropatogénica en ~80% a MOI 10. Ambas formulaciones no fueron citotóxicas en la línea celular Vero. En conjunto, Lipo–ZnO:MgO se posiciona como candidato para profilaxis intravesical compatible con el microbioma frente a ITU recurrentes.

ID 61

Valorización de residuos de té verde para la producción de tanasa fúngica por *Aspergillus uvarum*

Erika Arbildi Ferreira[1]; Silvana Vero[1]; Rosario Duran[2]; Karen Ovsejevi[1]

[1] Área de Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [2] Unidad de Bioquímica Analítica y Proteómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable e Instituto Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay.

eri.arbildi@gmail.com

La tanasa (tannin acil hidrolasa) es una enzima clave en la degradación de taninos, compuestos fenólicos que interfieren con los procesos de sacarificación y fermentación en la producción de bioetanol. Su aplicación permite reducir el efecto inhibitorio de estos compuestos en materias primas vegetales, mejorando el rendimiento fermentativo. En este contexto, el trabajo evalúa la producción de tanasa por una cepa de *Aspergillus uvarum* HT4 utilizando residuos de té verde como sustrato, con el objetivo de revalorizar este subproducto. La cepa fue seleccionada por su alta actividad tanasa y su capacidad de crecer utilizando taninos como única fuente de carbono. Se determinó su curva de crecimiento en un rango de 25–40°C, observándose un óptimo a 30°C. A partir de estos resultados, se evaluó la producción enzimática en fermentación en estado sólido sobre residuos de té verde, analizando el efecto de temperatura, tiempo y humedad mediante un diseño factorial. Se identificó un efecto sinérgico entre temperatura y tiempo, siendo 30°C y 6 días las condiciones más favorables dentro del rango ensayado.Posteriormente, se aplicó metodología de superficie de respuesta (RSM) para optimizar las condiciones de cultivo. Se realizaron 17 experimentos variando temperatura (21,6–38,4°C), tiempo (4,3–7,7 días) y humedad (0,659–2,341mL). El análisis estadístico indicó que la temperatura y el tiempo fueron los principales factores determinantes de la actividad enzimática, mientras que la humedad no presentó efecto significativo. El modelo predictivo estimó condiciones óptimas de 35°C, 7 días y 1,5mL de humedad, alcanzando una actividad de 64,6 UA. El análisis proteómico permitió identificar la expresión de 2 de las 15 tanasas codificadas en el genoma, evidenciando regulación diferencial. Estos resultados demuestran la viabilidad del uso de residuos de té verde como sustrato sostenible para la producción de tanasa fúngica, con potencial aplicación en la reducción de taninos y mejora de procesos fermentativos.

ÁREA

BÁSICA

ID 15

Explorando el rol de la sinapsis virológica y los nanotubos como mecanismos de transmisión célula-célula del virus de la leucemia bovina

Yrupé Arhancet[1]; Natalia Olivero Deibe[1]; Rosa García[2]; Camila Irina Sagasti Jaime[3]; Mariana Salinas[1]; Melissa De Leon[3]; Agustín Demarco[4]; Florencia Rammauro[5]; Martín Fló Díaz[4]; Federico Carrión[4]

[1] Institut Pasteur de Montevideo; [2] Laboratorio de Interacciones Hospedero-Patógeno, Institut Pasteur de Montevideo; [3] Laboratorio de Inmunovirología, Institut Pasteur de Montevideo - Unidad Académica de Inmunobiología, Facultad de Medicina, UdelaR; [4] Laboratorio de Inmunovirología - Unidad Biofísica de Proteínas "Prof. Dr. Otto Pritsch" - Institut Pasteur de Montevideo; [5] Facultad de Medicina, UdelaR / Institut Pasteur de Montevideo

lyarhancet@gmail.com

Antecedentes: El virus de la leucemia bovina (VLB) es un deltaretrovirus oncogénico que infecta bovinos y causa la leucosis bovina enzoótica, una enfermedad linfoproliferativa crónica de alto impacto sanitario y económico. La transmisión mediante partículas virales libres es ineficiente, mientras que el contacto célula-célula incrementa la diseminación. En otros deltaretrovirus como el virus linfotrópico de células T humanas (HTLV), este proceso involucra estructuras como la sinapsis virológica (SV) y los nanotubos intercelulares (TNTs), aún poco caracterizados en VLB. Objetivos: Evaluar si VLB induce y utiliza TNTs y SV como mecanismos de transmisión célula-célula, y analizar el rol de la proteína viral Tax, en la reorganización del citoesqueleto celular. Metodología: Se emplearon co-cultivos de células persistentemente infectadas con VLB y células reporteras, combinados con microscopía confocal e inmunofluorescencia. Se analizaron la formación de estructuras intercelulares, la localización de proteínas virales (cápside y Env) y la dinámica del citoesqueleto. Complementariamente, se integraron datos proteómicos de células que expresan Tax. Resultados: Se identificaron redes extensas de TNTs, con estructuras que superan las 150 µm, conectando células infectadas y no infectadas. Se observó transferencia de GFP y localización de proteínas virales, sugiriendo su participación en la diseminación. Además, se detectaron eventos compatibles con SV, con acumulación polarizada de proteínas virales y reorganización del citoesqueleto hacia la interfaz. Los análisis proteómicos evidenciaron enriquecimiento de factores celulares asociados a dinámica del citoesqueleto y transporte intracelular, en particular la proteína pericentriolar, PCM1. Discusión: Los resultados indican que VLB utiliza TNTs y SV como rutas eficientes de transmisión célula-célula, mostrando paralelismos con HTLV. La participación de proteínas virales en la remodelación celular sugiere un rol activo en la modulación del hospedero. Estos hallazgos aportan evidencia sobre la biología del VLB y podrían contribuir al desarrollo de estrategias para limitar su propagación.

ID 23

Exploración genómica y fenotípica de la resistencia a la radiación UV de aislamientos antárticos pertenecientes al género *Pseudomonas*

Cecilia Letona Mindel[1]; Hanna Zehnle[1]; Patricia Opiolo de Arteaga[1]; Juan José Marizcurrena[2]; Susana Castro-Sowinski[1]; César X. García-Laviña[1]

[1] Sección Bioquímica, Facultad de Ciencias, Udelar; [2] Antarka, Parque de Innovación del LATU.

cletona@fcien.edu.uy

La Antártida alberga una microbiota adaptada a sus condiciones extremas, entre ellas la alta incidencia de radiación ultravioleta (UV). Esta se clasifica en UVA, UVB y UVC según su longitud de onda. Sin embargo, el componente más energético (UVC) se filtra antes de alcanzar la superficie terrestre. En este ambiente es esperable encontrar microorganismos resistentes al UV con mecanismos particulares de protección o de reparación del daño.

Nuestro grupo cuenta con una colección de 13 bacterias antárticas seleccionadas por su resistencia al UVC, que incluye seis cepas del género *Pseudomonas*. Nos propusimos determinar la resistencia de estas seis cepas frente a una radiación similar a la que alcanza la superficie, es decir, UVA/UVB/visible. Para ello se caracterizó su cinética de crecimiento y se realizaron curvas de sobrevida en respuesta a esta radiación, utilizando un dispositivo desarrollado por el grupo que incorpora lámparas LED. Por otro lado, buscamos dilucidar los determinantes genéticos asociados a la resistencia UV, para lo cual se secuenciaron (tecnologías ONT e Illumina) y analizaron los seis genomas.

En los genomas se encontró una gran cantidad de genes involucrados en la reparación del ADN: fotoliasas, sistemas de reparación NER, BER, MMR y polimerasas translesión, así como sistemas de recombinación homóloga y no homóloga. También se encontraron sistemas de detoxificación de especies reactivas del oxígeno, que el UV es capaz de generar, como la superóxido dismutasa, la catalasa y los sistemas glutatión y tiorredoxina. Todos estos componentes podrían explicar la alta resistencia al UV de las cepas. Por otro lado, las curvas de sobrevida demostraron que algunas cepas presentan mayor resistencia al UVA/UVB. Consideramos que estos resultados pueden ser la base para el desarrollo de nuevos activos biotecnológicos de origen antártico que contribuyan a la prevención del fotoenvejecimiento y del cáncer de piel.

ID 41

Complementación de un aislamiento de *Salmonella* Dublin con genes del operón *prp* para revertir su deficiencia en el metabolismo anaeróbico de compuestos presentes en el intestino

Josefina Alejandro Peraza[1]; Laura Betancor[1]; Bruno D'Alessandro[1]; Adriana Martínez Sanguiné[1]; Lucia Yim[1]

[1] Unidad Académica de Desarrollo Biotecnológico, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, UdelaR

jalejandro@higiene.edu.uy

Las infecciones causadas por *Salmonella enterica* constituyen una de las principales enfermedades transmitidas por alimentos en nuestro país y a nivel mundial, siendo *S.* Dublin un serovar de particular interés debido a su mayor capacidad de generar infecciones sistémicas en comparación con *S.* Enteritidis, dos serovares muy cercanos filogenéticamente. En este trabajo se analizaron diferencias metabólicas entre ambos serovares, enfocándose en la utilización de 1,2-propanodiol en condiciones anaerobias, una vía de gran importancia en la capacidad para colonizar el intestino por parte de *Salmonella*. Al analizar la secuencia genética de aislamientos uruguayos de *S.* Dublin se identificaron mutaciones en los genes *prpE* y *prpR* que generan codones stop prematuros e impedirían el correcto funcionamiento del operón *prpBCDE* y su regulador transcripcional (*prpR*), esencial para el metabolismo del 1,2-propanodiol. La estrategia experimental de complementación genética, mediante la introducción de versiones funcionales de *prpE* y *prpR* provenientes de aislamientos de *S.* Enteritidis, permitió restaurar la capacidad de catabolizar 1,2-propanodiol de *S.* Dublin y llevar a cabo respiración anaeróbica. Este resultado confirma el rol determinante de dichas mutaciones en el fenotipo observado. Asimismo, se demostró que la complementación únicamente con *prpE* no revierte la incapacidad metabólica, lo que resalta la importancia del regulador transcripcional *prpR* en el funcionamiento del operón. Por otra parte, el análisis de genomas disponibles evidenció que estas mutaciones no son exclusivas de aislamientos uruguayos, sino que se encuentran ampliamente distribuidas en cepas de *S.* Dublin a nivel mundial, sugiriendo una posible tendencia evolutiva hacia la pérdida de esta vía metabólica. En conjunto, estos resultados destacan el papel de los genes *prpE* y *prpR* en el metabolismo anaerobio del 1,2-propanodiol y aportan evidencia relevante para comprender las diferencias fenotípicas y adaptativas entre estos serovares estrechamente relacionados.

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología

Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

RESÚMENES

PÓSTERES

SUM / SOCIEDAD URUGUAYA DE Microbiología

ÁREA BÁSICA

ID 14 BA 01

Análisis del transposón Tn7 en cepas de *Escherichia coli*

Martina Vazquez Balikian[1]; Eloísa Poey[1]

[1] Facultad de Ciencias, UdelaR

martina.vazquez@fcien.edu.uy

El surgimiento de bacterias resistentes a los antibióticos constituye un problema a nivel mundial, siendo relevante conocer las vías de diseminación de los correspondientes genes. El transposón Tn7 codifica para tres resistencias antibióticas y salta a un sitio específico en el cromosoma de *Escherichia coli* (sitio attTn7), así como a sitios aleatorios de plásmidos, principalmente conjugativos. Previamente, analizamos la presencia cromosómica del Tn7 (por PCR) y plasmídica, (por qPCR y experimentos de conjugación) en una colección de 18 cepas de *E. coli* uropatógeno (UPEC). En 15 cepas el Tn7 estaba en el sitio attTn7. De las conjugaciones UPEC x *E. coli* K12 se obtuvieron transconjugantes en cuatro casos. En tres, el Tn7 se localizó en plásmidos y no fue capaz de saltar al sitio attTn7. En el cuarto caso el Tn7 presentó una localización cromosómica y plasmídica en los transconjugantes, al igual que en la cepa UPEC donante. El objetivo de este trabajo es continuar profundizando en el análisis de la transferencia horizontal del Tn7 mediante conjugación, transformación y transducción a cepas de *E. co*li K12. En los casos en los que no se había obtenido transconjugantes, se introdujo el plásmido conjugativo F´ en las cepas de UPEC, para emplearlas como donantes en las conjugaciones. Además, se estudió la sensibilidad de las cepas de la colección al bacteriófago P1, base para los experimentos de transducción. Hasta el momento, una cepa de UPEC pudo transferir por conjugación el Tn7 al cromosoma de una cepa receptora mediante el plásmido F´. Por otro lado, se obtuvo un transformante y un transductante de *E. coli* K12 Tn7+ y en éstos el transposón saltó al cromosoma. Nuestros resultados indican que el Tn7 tendría la capacidad de diseminarse mediante los tres mecanismos de transferencia horizontal, permitiendo la dispersión de las resistencias dentro de las comunidades bacterianas.

ID 19 BA 02

Evaluación de extractos polifenólicos de arazá (*Psidium cattleyanum*) sobre biofilms de *Pseudomonas aeruginosa*

Barbara Miller[1]; Erlen Cruz[1]; Paola Scavone[1]; Nicolás Navarro[1]; María José González[1]

[1] Laboratorio de Biofilms Microbianos, Depto. de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay

barbimiller44@gmail.com

Los biofilms bacterianos representan una amenaza para la salud humana, causando un 60% de las complicaciones hospitalarias. En este contexto, *Pseudomonas aeruginosa* se destaca como un patógeno prioritario debido a su elevada capacidad de formación de biofilms y resistencia a antibióticos. Frente a esta problemática, los compuestos de origen vegetal, en particular los polifenoles, emergen como alternativas terapéuticas prometedoras. *Psidium cattleyanum* (arazá), fruto nativo de Uruguay, constituye una fuente rica en estos compuestos. El objetivo de este trabajo fue obtener, caracterizar y evaluar la actividad antibacteriana y antibiofilm de un extracto crudo polifenólico de *P. cattleyanum* (ECPC) sobre aislamientos clínicos de *P. aeruginosa*. El extracto fue obtenido mediante Soxhlet con etanol y caracterizado cualitativamente, detectándose flavonoides y taninos, entre otros compuestos. Se emplearon cepas clínicas provenientes de prótesis de cadera y orina, previamente clasificadas según su capacidad de formación de biofilm y perfil de susceptibilidad antimicrobiana. Los resultados evidenciaron que todas las cepas fueron fuertes formadoras de biofilm y uno de los aislamientos resultó ser multirresistente. El ECPC presentó actividad bacteriostática y bactericida, con valores de CIM entre 0,648 - 2,594 mg/mL y CBM de 5,188 mg/mL. En ensayos de biofilm, se observó una inhibición significativa ($p < 0,05$) de la formación a 2,59 mg/mL de ECPC en todas las cepas. La erradicación de biofilms fue dependiente de la cepa, con reducciones de hasta ~60%. La combinación del ECPC con ciprofloxacina mostró sinergia únicamente en el aislamiento urinario en ensayos de inhibición, sin evidenciar ventajas en la erradicación. Como conclusión, se demostró la capacidad antimicrobiana y antibiofilm del ECPC sobre *P. aeruginosa*, siendo el primer trabajo que emplea extracto crudo del fruto nativo Arazá de nuestro país.

ID 25 BA 03

Evaluación de la secreción de dos péptidos hormonales por parte de un exportador ABC bacteriano

Verónica Alonso[1]; Fernanda Azpiroz[1]

[1] Sección Fisiología y Genética Bacterianas, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay

valonso@fcien.edu.uy

En bacterias Gram negativas los exportadores ABC de péptidos se limitan a la secreción de unos antibióticos denominados microcinas de clase II (MccII). Estos péptidos poseen un dominio de secreción N-terminal conservado (DS), que es procesado por el exportador ABC, y difieren en el resto de su secuencia. Dichos exportadores son muy versátiles, pudiendo secretar, a través del reconocimiento del DS, distintas MccII, otras bacteriocinas e incluso péptidos foráneos, conservando siempre la actividad biológica. La plasticidad de estos exportadores junto con su composición simple los hace interesantes para ser utilizados en la secreción de proteínas recombinantes en *Escherichia coli*. En este marco, en la Sección se demostró la capacidad de uno de estos exportadores de secretar dos variantes de la hormona paratiroidea humana, péptidos vinculados al metabolismo del calcio. La estrategia consistió en producir péptidos híbridos formados por un DS fusionado a la porción madura de cada variante hormonal y evaluar su secreción en presencia del exportador. Se comprobó que ambos péptidos carecieron del DS, conservaron su secuencia nativa y fueron estables en el medio extracelular. En este trabajo se plantea evaluar otro exportador ABC de MccII, denominado EF, capaz de exportar naturalmente tres microcinas, que no ha sido utilizado aún para la secreción de péptidos foráneos. Para ello, se clonaron los genes del exportador EF y se verificó su funcionalidad mediante ensayos de secreción heteróloga de una MccII, restando corroborar su secuencia. Posteriormente, se analizará la secreción de las variantes hormonales en presencia del exportador EF mediante geles de SDS PAGE y ensayos de Dot Blot. Asimismo, se verificará el nivel de lisis celular midiendo la actividad β-galactosidasa del sobrenadante de los cultivos. Con este abordaje se apunta a obtener información sobre el potencial de los exportadores ABC de MccII de concebirse como una nueva herramienta biotecnológica.

ID 26 BA 04

Exploración de la resistencia a antifolatos en el microbioma intestinal del roedor subterráneo *Ctenomys pearsoni*

Ludmila Berrueta[1]; Ma. Eloísa Poey[1]; Ivanna Tomasco[2]; Fernanda Azpiroz[1].

[1] Sección Fisiología y Genética Bacterianas, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay; [2] Laboratorio de Evolución, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay.

lberrueta@fcien.edu.uy

El surgimiento de bacterias resistentes, incluso multirresistentes, así como su diseminación y la de sus genes de resistencia al ambiente, constituye un problema prioritario para la Organización Mundial de la Salud. El trabajo se centra en las resistencias a los antifolatos (sulfamidas y trimetoprim), antibióticos sintéticos que bloquean la síntesis del ácido fólico y son de amplio uso en salud. Estas resistencias están muy diseminadas en aislamientos clínicos de bacterias Gram-negativas. En principio, los antifolatos no tienen versiones naturales y tampoco se ha detectado resistencia en aislamientos clínicos de la era preantibiótica. Cabe suponer entonces que la detección de bacterias Gram-negativas resistentes a estos antibióticos en la microbiota intestinal de animales silvestres pueda deberse a la contaminación antrópica del ambiente. Bajo esta hipótesis, se está analizando la microbiota intestinal de *Ctenomys pearsoni*, roedor autóctono subterráneo. A partir de heces de varios individuos que viven en una zona urbana, se aislaron enterobacterias resistentes a antifolatos, cuyo nivel de resistencia fue similar al de sus contrapartes clínicas. Se determinó que dicha resistencia está contenida en distintas especies de enterobacterias, de las que se han descrito clones patógenos. La búsqueda por PCR de los distintos genes de resistencia a antifolatos reveló que muy pocos aislamientos amplificaron algún gen de resistencia a sulfamidas, restando verificar su secuencia. Sin embargo, los metagenomas obtenidos de las heces de los animales mostraron una ausencia total de dichos genes. Paralelamente, se determinó la composición de la comunidad bacteriana a partir de los metagenomas, la que fue similar entre los animales y a las descritas en microbiomas intestinales de otros roedores. Los resultados sugieren que la microbiota intestinal de *C. pearsoni* no estaría sometida a un alto impacto antrópico, aunque se evidencia la presencia de enterobacterias resistentes a antifolatos, incluso que podrían albergar mecanismos de resistencia aún no descritos.

ID 32 BA 05

Caracterización genómica de Candombevirus: una nueva especie del género Cotonvirus

Maria Belen Bargas[1]; Rodrigo Rodrigues[2]; Magela Rodao[3]; Gabriela Casanova[3]; Juan Arbiza[1]; Jônatas Abrahão[2]; Natalia Ramos[1]

[1] Sección Virología, Institutos de Biología y Química Biológica, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay; [2] Laboratorio de Virus, Departamento de Microbiología, Universidade Federal de Minas Gerais, Brasil; [3] Unidad de Microscopía Electrónica, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay

mbargas@fcien.edu.uy

Los Mimivirus son virus gigantes que, entre otras características inusuales, pueden observarse al microscopio óptico debido a su gran tamaño. Durante años fueron clasificados erróneamente como cocos Gram positivos, hasta que en 2003 se identificaron como agentes virales, un hallazgo que transformó el paradigma de la virología. Desde entonces, el muestreo sistemático de ambientes acuáticos ha ampliado la diversidad conocida de la familia Mimiviridae y ha permitido el descubrimiento de nuevos virus gigantes que infectan amebas. En Sudamérica, los primeros aislamientos reportados fueron Megavirus chiliensis en Chile y Sambavirus en Brasil. En Uruguay, nuestro grupo logró aislar por primera vez un virus gigante a partir de una muestra de agua del Arroyo Vizcaíno mediante co-cultivo con *Acanthamoeba castellanii.* La replicación viral fue confirmada por microscopía electrónica de transmisión, que evidenció la presencia de factorías virales y partículas con morfología compatible con la de mimivirus previamente descritos en la región. El objetivo de este estudio fue caracterizar genómicamente este aislado. Tras la extracción de ADN y la secuenciación masiva, se obtuvo un genoma completo de 1.195.391 pb. Los análisis filogenéticos mostraron que el aislado presenta una estrecha relación con Cotonvirus japonicus, especie descrita en Japón en 2021 y propuesta como representante de un nuevo género dentro de la familia Mimiviridae. Además, la anotación de ORFs y el análisis comparativo con integrantes de la subfamilia Megamimivirinae permitieron identificar genes compartidos, así como 93 genes exclusivos de Candombevirus. En conjunto, estos resultados evidencian una divergencia genómica suficiente para respaldar la clasificación de Candombevirus como una nueva especie dentro del género Cotonvirus.

ID 36 BA 06

Evaluación metagenómica de sesgos en primers *mcrA* para arqueas metanogénicas en digestores anaerobios a escala real

Cecilia Callejas[1], Patricia Bovio-Winler[2] ; Claudia Etchebehere[3]

[1] Biotecnología de Procesos para el Ambiente (BIOPROA). Facultad de Ingeniería. Universidad de la República, Uruguay; [2] Departamento de sostenibilidad ambiental, Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica, Durazno, Uruguay; [3] Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana, Centro de Investigación en Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay

ceciliac@fing.edu.uy

Introducción: Las arqueas metanogénicas son fundamentales para la producción de metano en sistemas de digestión anaerobia y la eficiencia de procesos de valorización de residuos. El gen *mcrA* ha sido ampliamente utilizado para cuantificar arqueas metanogénicas en diversos ambientes mediante qPCR, incluyendo digestores anaerobios; sin embargo, la cobertura de los primers disponibles frente a la diversidad microbiana real no ha sido sistemáticamente evaluada. Este estudio aborda esta brecha mediante un enfoque de metagenómica basada en genomas. **Metodología:** Se analizaron 113 genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs) de arqueas, recuperados de 109 digestores anaerobios a escala real que procesan distintos sustratos. Se identificó el gen mcrA y se construyó su marco filogenético. En paralelo, se evaluaron in silico seis sets de primers de qPCR ampliamente utilizados, determinando su cobertura sobre la diversidad metanogénica detectada. **Resultados y discusión:** Se evidenció una comunidad de arques altamente diversa, incluyendo tanto linajes metanogénicos como no metanogénicos, con representación de taxones subrepresentados en bases de datos y estudios basados en amplicones (e.g. Nanoarchaeota). La diversidad estuvo dominada por *Halobacteriota* y *Methanobacteriota*, junto con otros filos como *Thermoplasmatota* y *Thermoproteota*. El gen *mcrA* fue identificado en 55 MAGs, agrupados en nueve clados filogenéticos asociados a distintas rutas metanogénicas. El análisis de primers reveló diferencias sustanciales en la cobertura, con sesgos hacia Methanobacteriales y Methanosarcinales y una subrepresentación de otros grupos relevantes, incluyendo *Methanomassiliicoccaceae*. Estos resultados evidencian limitaciones en herramientas ampliamente utilizadas para el monitoreo de estos sistemas. **Conclusiones:** La metagenómica basada en genomas permitió capturar la amplitud de la diversidad de arqueas en digestores anaerobios, incluyendo linajes metanogénicos y no metanogénicos, así como taxones poco representados en estudios previos. Los resultados evidencian que los primers de mcrA difieren significativamente en su capacidad de detección, estando fuertemente condicionados por su diseño original y la selección de secuencias de referencia, lo que tiene implicancias directas en la cuantificación y monitoreo de metanógenos. Solo un set de primers presentó una cobertura de todos los grupos de metanógenos presentes. En conjunto, este trabajo destaca el valor de integrar metagenómica basada en genomas con herramientas moleculares dirigidas para mejorar las estrategias de monitoreo y avanzar hacia una comprensión más predictiva de los procesos de digestión anaerobia. **Agradecimientos:** Este trabajo fue financiado por el Sistema Nacional de Investigadores (SNI), el Programa de Desarrollo de Ciencias Básicas (PEDECIBA) y la Universidad de la República, Uruguay.

ID 39

BA 07

Evaluación de la actividad antimicrobiana y parámetros físico-químico en mieles de abejas sin aguijón

Giovanni Galietta[1]; Marcela Joan González Ramos[1]; Ivette Roca[1]; Mariana Viera Barreira[1]

[1] Unidad de Tecnología de los Alimentos - Facultad de Agronomía, UdelaR, Uruguay

galietta.giovanni@gmail.com

Las mieles de abejas sin aguijón (tribu Meliponini), presentan características distintivas que han despertado un creciente interés científico, principalmente debido a sus propiedades antimicrobianas y antioxidantes. El objetivo de este trabajo fue evaluar las características fisicoquímicas, microbiológicas y la actividad antimicrobiana de mieles producidas por abejas sin aguijón provenientes de apiarios de diferentes regiones georreferenciadas de Uruguay. Se analizaron 11 muestras de mieles Los parámetros fisicoquímicos evaluados fueron pH, sólidos solubles (°Brix), índice de refracción, humedad (%) y color. Los análisis microbiológicos comprendieron el recuento de microorganismos aerobios totales (PCA), bacterias ácido-lácticas (MRS) y hongos y levaduras (AEM). Asimismo, se evaluó la actividad antimicrobiana frente a cepas de *Staphylococcus aureus* 285 y 382, *Escherichia coli*, *Listeria* sp. y *Enterococcus* sp. 3.3 mediante el método de difusión en agar. Las mieles presentaron valores de pH entre 2,43–4,38, sólidos solubles entre 63,4–80,8 °Brix y humedad entre 17,5–34,6%. Estos resultados fisicoquímicos fueron concordantes con reportes bibliográficos. Los análisis microbiológicos evidenciaron variabilidad entre las muestras. El recuento de aerobios totales el promedio fue de 2,9x101 ufc/ml, y para levaduras 2,7x102ufc/ml. Respecto a las bacterias ácido lácticas y hongos, varias muestras se encontraron por debajo del límite de detección de la técnica, pero en otras se registraron máximos de 8,9x103 ufc/ml y 2,2x103 ufc/ml, respectivamente. El espectro de inhibición observado para las mieles fue amplio, evidenciando actividad frente a diversos microorganismos. El peróxido de hidrógeno (H_2O_2) se perfila como el principal responsable de la actividad antimicrobiana, pero en ciertas mieles los resultados sugieren la participación de otros compuestos bioactivos, que contribuirían a dicho efecto. Estos resultados constituyen los primeros datos reportados en Uruguay sobre mieles de abejas sin aguijón, destacando su perfil fisicoquímico diferencial y potencial actividad antimicrobiana.

ID 46 BA 08

Visualización in situ de microorganismos acumuladores de fósforo y glucógeno en sistemas EBPR mediante FISH

Andrea Martínez Pereyra[1]; Agustina Yelpo[2]; Ángela Cabezas[3]; Axel Ríos[2]; Claudia Santiviago[2]; Elena Castelló[2]; Florencia Caro[2]; Marta Nierychlo[4]; Per H. Nielsen[4]; Claudia Etchebehere[1]

[1] Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Centro de Investigación en Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; [2] Biotecnología de Procesos para el Ambiente, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [3] Laboratorio de Microbiología Ambiental y Biotecnología, Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica, Durazno, Uruguay; [4] Center for Microbial Communities, Department of Chemistry and Bioscience, Aalborg University, Aalborg, Dinamarca

amartinez@iibce.edu.uy

La remoción biológica de fósforo mediante la tecnología EBPR (Enhanced Biological Phosphorus Removal) constituye una estrategia sustentable para el tratamiento de aguas residuales. Este proceso depende de la coexistencia y del intercambio metabólico entre organismos acumuladores de polifosfato (PAOs) y organismos acumuladores de glucógeno (GAOs), los cuales median transformaciones clave de fósforo, carbono y nitrógeno. La dinámica y competencia entre estos grupos microbianos resulta determinante para la eficiencia del proceso; sin embargo, su identificación y cuantificación in situ continúa siendo un desafío. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar la presencia, abundancia relativa y distribución espacial de PAOs y GAOs en reactores EBPR a escala de laboratorio, mediante hibridación fluorescente in situ (FISH). Se emplearon sondas específicas dirigidas a *Candidatus Accumulibacter, Thauera* y *Competibacter*, junto con una sonda general para la visualización de la biomasa bacteriana total. Las observaciones microscópicas permitieron identificar diferencias en la composición y organización espacial de estas poblaciones en distintas condiciones operativas de los reactores, evidenciando una mayor abundancia relativa de PAOs en sistemas con mejor desempeño en la remoción de fósforo. Asimismo, se detectaron coexistencias y patrones de agregación entre PAOs y GAOs dentro de los flóculos. Estos resultados contribuyen a una mejor comprensión de la estructura de las comunidades microbianas en sistemas EBPR y destacan el valor de la técnica de FISH para el estudio in situ de la distribución y organización espacial de estas poblaciones, en complemento con enfoques basados en secuenciación.

ID 55 BA 09

Selección e identificación de bacterias resistentes a radiaciones ionizantes

Ana Karen Malán[1]; Joaquín Irigoyen[2]; Yolma Banguero[2]; Silvia Batista[3]; Nicole Lecot[1]

[1] Laboratorio de Técnicas Nucleares Aplicadas a Bioquímica y Biotecnología, Centro de Investigaciones Nucleares, Facultad de Ciencias, UdelaR; [2] Unidad de Radioprotección, Centro de Investigaciones Nucleares, Facultad de Ciencias, UdelaR; [3] Laboratorio de Microbiología Molecular, BIOGEM, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable

ana.malan@fcien.edu.uy

Las radiaciones ionizantes pueden generar efectos directos en las células, como la ruptura del ADN, o efectos indirectos, en donde se ionizan moléculas de agua (radiólisis) y se generan radicales libres, que luego generan daño en el ADN, proteínas, lípidos, etc. El daño puede ser subletal en donde se generan mutaciones, o letal ocasionando la muerte celular. Existe una variedad de arqueas y bacterias capaces de soportar dosis extremadamente altas de radiación ionizante. La más conocida por su alta resistencia a la radiación gama y a la radiación UV es *Deinoccoccus radiodurans*. Los microorganismos radioresistentes suelen ser resistentes también a la desecación, a la radiación UV, o a altas concentraciones de metales pesados y otros compuestos tóxicos. Los mecanismos de radioresistencia se dividen en dos: los mecanismos involucrados en la reparación del ADN dañado y en mecanismos eficientes para evadir la toxicidad causada por los radicales libres generados. Estos últimos incluyen la habilidad de producir metabolitos primarios y secundarios, conocidos como extremófilos, con actividad antioxidante y enzimas encargadas de detoxificar las especies reactivas de oxígeno. El objetivo de este trabajo es aislar bacterias radioresistentes a partir de muestras tomadas en el interior del cuarto de desechos radiactivos del Centro de Investigaciones Nucleares (CIN), identificarlas y estudiar sus mecanismos de radioresistencia. Se realizaron hisopados de superficies de manera aséptica en el cuarto de desechos radiactivos del CIN, teniendo en cuenta la distribución de los distintos emisores radiactivos allí almacenados, considerando la radiación gamma como predominante, debido al blindaje de las fuentes. Se aislaron diferentes microorganismos en medio TSA a 30°C. Se están identificando las bacterias por secuenciación del ARNr 16S. Para analizar su capacidad de resistir a radiación gamma se están realizando las curvas de supervivencia a distintas dosis empleando un gammacell de cobalto 60.

ID 56 BA 10

Desarrollo de una metodología proteómica para el estudio del resistoma UV de bacterias antárticas

Patricia Opiolo de Arteaga[1]; Hanna Zehnle[1]; Cecilia Letona Mindel[1]; Susana Castro-Sowinski[1]; Juan José Marizcurrena[2]; César X.García-Laviña[1]

[1] Sección Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República; [2] Antarka, Parque de Innovación del LATU

popiolo@fcien.edu.uy

En la Antártida, la elevada exposición a radiación ultravioleta (UV) ejerce una presión selectiva sobre los microorganismos, favoreciendo la evolución de mecanismos de resistencia al daño. El conjunto de proteínas sobreproducidas tras la exposición da cuenta de estas adaptaciones y se denomina resistoma UV. En este contexto, nos propusimos desarrollar un sistema experimental para caracterizar el resistoma UV de la bacteria antártica *Pseudomonas* sp. AU10, el modelo mejor caracterizado del grupo, mediante un abordaje proteómico cuantitativo (LC-MS/MS). La estrategia implicó el uso de lámparas LED UVA/UVB/visible que simulan el espectro solar. Frente a esta radiación, se realizaron curvas de sobrevida y se evaluaron distintas condiciones para los ensayos proteómicos mediante recuento de viables, recuento de totales, turbidimetría y análisis microscópico. Finalmente, se optimizó la obtención de extractos proteicos y su cuantificación.

La curva de sobrevida de AU10 evidenció niveles comparables de resistencia al UV respecto a cepas UV-resistentes de nuestra colección. Con los parámetros obtenidos se ensayaron las condiciones óptimas para la proteómica, evaluando distintos tiempos de exposición y niveles de irradiancia. Una exposición aguda de 30 minutos a un UVindex=14 mantuvo una viabilidad mayor al 85% e indujo una respuesta fisiológica característica de la respuesta SOS (filamentación). Para la proteómica, se definió una serie temporal que incluyó la toma de muestras previo a la exposición (control) y a cuatro tiempos post-exposición (recuperación). La mayor concentración de proteínas de los extractos se obtuvo con una sonicación suave en un buffer de lisis con urea y el detergente CHAPS. La reproducibilidad en la cuantificación fue óptima con el método de Bradford.

Los resultados del análisis proteómico en curso permitirán dilucidar el resistoma UV de AU10 y validar la metodología desarrollada, que podrá transferirse a otras cepas UV-resistentes. Asimismo, se espera contribuir al descubrimiento de nuevos activos biotecnológicos.

ID 66

BA 11

Hacia una mejor identificación del HTLV en Uruguay: optimización de herramientas diagnósticas y caracterización viral

Agustín Demarco[1,2], Nicolás Ducasa[3], Mariana Guirado[4], Victoria Frantchez[4], Belén Facal[5], Fabián Gómez[5], Alba Menyou[6], Camila Sagasti[1,2], Yrupé Arhancet[2], Mariana Salinas[2], Melissa De Leon[2], Martín Fló[1,2], Federico Carrión[2], Natalia Olivero-Deibe[2], Gabriela Rivas[7], Lilia López[6], Zaida Arteta[4], Cristina Vazquez[5], Sofía Grille[8], Julio Medina[4], Sergio Bianchi[2,9], Pilar Moreno[10–12], Mirna Biglione[3], Paula Perbolianachis[10–12], Florencia Rammauro[1,2]

[1] Unidad Académica de Inmunobiología, Facultad de Medicina, UdelaR, [2] Laboratorio de Inmunovirología/Unidad de Biofísica de Proteínas "Prof. Dr. Otto Pritsch", Institut Pasteur de Montevideo, [3] INBIRS, Universidad de Buenos Aires-CONICET, [4] Unidad Académica de Enfermedades Infecciosas, Hospital de Clínicas, UdelaR, [5] Unidad Académica de Neurología, Hospital de Clínicas, UdelaR, [6] Servicio Nacional de Sangre, ASSE, [7] Unidad Académica de Hemoterapia y Medicina Transfusional, Hospital de Clínicas, UdelaR, [8] Unidad Académica de Hematología, Hospital de Clínicas, UdelaR, [9] Unidad Académica de Fisiopatología, Hospital de Clínicas, UdelaR, [10] Laboratorio de Evolución Experimental de Virus, Institut Pasteur de Montevideo, [11] Laboratorio de Virología Molecular, Facultad de Ciencias, UdelaR, [12] Centro de Investigación en Vigilancia Epidemiológica, Institut Pasteur de Montevideo.

ademarco@pasteur.edu.uy

El Virus Linfotrópico de Células T Humanas (HTLV), es un deltaretrovirus envuelto con un genoma de ARN monocatenario de polaridad positiva, de aproximadamente 9 kb. Su organización genética incluye las regiones gag, pol, env y px, flanqueadas por secuencias repetidas terminales largas (LTR) que participan en la regulación transcripcional y la integración del provirus en el genoma hospedador. La región px codifica factores reguladores clave como Tax y HBZ, implicados en la persistencia viral y en la transformación oncogénica de los linfocitos T. Existen cuatro tipos virales (HTLV-1 a HTLV-4), siendo HTLV-1 el más prevalente, con distribución cosmopolita y clínicamente significativo. HTLV-1 se subdivide en siete genotipos (A–G), siendo el subtipo A el de mayor distribución geográfica. La transmisión se produce a través de fluidos corporales que contienen células infectadas, principalmente por vía sexual, vertical (durante la lactancia) y parenteral. En América del Sur, se identifican zonas endémicas (prevalencia mayor a 1 %) en Brasil, Perú y Colombia, mientras que en Uruguay la prevalencia en donantes de sangre ha sido baja (0,13%), según datos del período 2012–2014. A pesar del tamizaje sistemático desde el año 2000, el país carece de métodos moleculares estandarizados para confirmación y genotipificación de la infección. Esta investigación tiene como objetivo desarrollar y validar herramientas moleculares para la detección e identificación molecular de HTLV-1 y HTLV-2 en muestras clínicas circulantes en Uruguay. Se diseñaron dos ensayos de PCR en tiempo real (RT-PCR) tipo multiplex dirigidos a las regiones pol y tax, permitiendo la identificación simultánea de ambos tipos virales. Además, se optimizó una RT-PCR cuantitativa para la medición de carga proviral de HTLV-1. Como parte del análisis genómico, se secuenció la región LTR de muestras positivas de HTLV-1 y HTLV-2 mediante tecnología Nanopore.

ID 69 BA 12

Análisis Genómico de *Listeria monocytogenes* y su relación con la formación de Biopelículas

Ileana Suarez[1]; Giannina Brugnini[1]; Caterina Rufo[2]

[1] Instituto Polo Tecnológico de Pando; [2] Facultad de Quimica

isuarez@fcien.edu.uy

La persistencia de *Listeria monocytogenes* en el ambiente es un fenómeno condicionado por la variabilidad genética y la adaptación al estrés. Este trabajo analiza cepas nacionales de distintos linajes, serogrupos y serotipos. Con el objetivo de evaluar la presencia de marcadores genómicos y su posible relación con la formación de biopelículas se secuenció el genoma completo, se evaluó la formación de biopelículas a 20°C(48hs) y 37°C(24hs) y su resistencia al ácido láctico (AL) como estrategia antimicrobiana. En concordancia con la bibliografía se observó una correlación entre la presencia del SSI-1 (islote de supervivencia al estrés 1) y la formación de biopelículas. Las cepas del serogrupo 1/2b (linaje I), portadoras de SSI-1, fueron productoras de biopelículas. Por el contrario, las del serogrupo 4b (linaje I), carentes de SSI-1, fueron no productoras o débiles. En cuanto al serogrupo 1/2a (linaje II), la formación de biopelículas estuvo ligada a la presencia del islote. Únicamente la cepa P23 (serogrupo 1/2b) representó una excepción al no formar biopelículas pese a poseer el marcador. Finalmente, el caso de la cepa 1/2c resulta complejo ya que a pesar de poseer un perfil genómico asociado a persistencia (ST9, SSI-1, *inlA* trunca), no es capaz de formar biopelículas. Esto podría deberse a la ausencia de genes clave en la cascada regulatoria de SigB (*rsbR*, *rsbS*, *rsbT* y *rsbY*) aunque existe evidencia contrapuesta en este sentido. Tras la aplicación de AL 1% por 5 minutos, solo las biopelículas formadas a 20°C sufrieron una reducción de 1,5 log en su viabilidad celular revelando que la la robustez de las mismas es superior a 37°C(24h) frente a 20°C(48hs). Este estudio permitió evaluar la heterogeneidad en la capacidad formadora de biopelículas entre diferentes cepas de *L. monocytogenes* y su relación con marcadores genómicos.

ID 76 BA 13

Diversidad de *Fusarium* spp. asociada a granos de cebada en Uruguay y caracterización de un aislamiento no asignado a especies descritas

Angie Alvarez Vicente[1]; Gabriela Garmendia[1]; Silvia Pereyra[2]; Silvana Vero[1]

[1] Facultad de Química; [2] Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA)

angiedaisyav@gmail.com

La cebada (*Hordeum vulgare* L.) es uno de los principales cultivos de invierno en Uruguay. Su rendimiento, calidad e inocuidad pueden verse afectados por la fusariosis de la espiga, enfermedad causada por especies del género *Fusarium*, algunas de las cuales son productoras de micotoxinas. Dado que en los últimos años se han reportado cambios en la composición de especies asociadas a cereales, resulta necesario actualizar la información disponible a nivel nacional. El objetivo de este trabajo fue determinar la incidencia de *Fusarium* spp. en granos de cebada provenientes de distintas variedades y departamentos del país, e identificar molecularmente los aislamientos obtenidos. La infección de los granos fue determinada mediante cultivo, y los aislamientos fueron identificados molecularmente mediante la amplificación y secuenciación del gen TEF-1α. Los niveles de infección variaron entre 2 % y 36 %, con predominio de *F. graminearum* y *F. poae*. En uno de los aislamientos, el análisis de TEF-1α no permitió una asignación taxonómica concluyente a nivel de especie, por lo que se amplificaron y secuenciaron adicionalmente regiones parciales de los genes *rpb2* y calmodulina. Los análisis filogenéticos multilocus y de distancia genética ubicaron este aislamiento dentro del complejo de especies *Fusarium sambucinum* y lo posicionaron consistentemente como un linaje distinto, por lo que su identidad taxonómica permaneció no resuelta. En consecuencia, se secuenció su genoma completo y se comparó con cepas tipo filogenéticamente cercanas mediante FastANI, obteniéndose valores < 90 %. Estos resultados respaldan la hipótesis de que este aislamiento podría corresponder a una especie no descrita dentro del género *Fusarium*. Actualmente, esta caracterización molecular y genómica se complementa con la determinación de la CE50 del aislamiento frente a tebuconazol y metconazol, principios activos utilizados en fungicidas aplicados al cultivo de cebada en el país.

ID 82 BA 14

Generación de cepas mutantes para el gen de la fosfatasa micobacteriana PtpA mediante CRISPR-Cas9 interferente.

Valentina Hergatacorzian[1]; Gabriela Betancour[1]; Gabriela Gago[2]; Mariana Margenat[1]; Andrea Villarino[1]

[1,]Instituto de Biología, Sección Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [2] Laboratorio de Fisiología y Genética de Actinomycetes, Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR-CONICET), Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina

valentinahergatacorzian@gmail.com

Mycobacterium tuberculosis (Mtb) es el agente etiológico de la tuberculosis, enfermedad que en los últimos 20 años ha causado la muerte de 30 millones de personas a nivel mundial. Este patógeno es capaz de evadir la respuesta inmune sobreviviendo y replicándose dentro de los macrófagos, introduciendo en el citosol diversos factores de virulencia, como la fosfatasa de tirosina PtpA. Por lo tanto, la obtención de cepas de micobacterias mutantes en el gen *ptpA* resulta de gran interés para su estudio en modelos de infección. Con el método CRISPR interferente se puede modular el nivel de expresión del gen de interés, insertando en el genoma bacteriano la secuencia de la proteína dCas9 y el sgRNA. La enzima dCas9 es incapaz de cortar la doble hebra de ADN debido a mutaciones en sus dominios nucleasa y es capaz de unirse al sgRNA, cuya secuencia fue diseñada de forma de que complemente y se hibride al gen que codifica para PtpA, formando un complejo que inhibe la transcripción de dicho gen. En el presente trabajo se logró avanzar en la obtención y caracterización de las cepas mutantes para el gen ptpA de *Mycobacterium bovis* BCG (idéntico al de Mtb) y de *Mycobacterium smegmatis* (75,64% de homología con el de Mtb). La evaluación de la expresión de PtpA se determinó mediante inmunodetección utilizando un anticuerpo contra PtpA en condiciones de cultivo diferentes. Los mutantes generados, en los que se puede modular la expresión de PtpA mediante el agregado de anhidrotetraciclina, serán útiles en el estudio de cuáles son las cepas y señales que inducen que PtpA sea secretada. En conjunto, estos resultados aportan herramientas clave para profundizar en los mecanismos de evasión inmune de Mtb.

ID 106 BA 15

Aislamiento e identificación de especies de *Fusarium* provenientes de trigo con sensibilidad disminuida a fungicidas triazólicos

Valentina Giuliana Charlo Leguisamo[1]; Angie Alvarez Vicente[1]; Gianella Brancatti[1]; Gabriela Garmendia[1]; Silvana Vero[1]

[1] Área de Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

valech2000@gmail.com

La fusariosis de la espiga de trigo es una enfermedad causada por *Fusarium* spp. que afecta significativamente la producción de cereales en Uruguay. Disminuyen el rendimiento y la calidad del grano y producen micotoxinas representando un importante problema sanitario y económico. El control se basa principalmente en el uso de fungicidas azólicos, como metconazol y tebuconazol. Sin embargo, el uso reiterado de estos compuestos puede favorecer la aparición de cepas con sensibilidad disminuida.El objetivo de este trabajo fue actualizar la información sobre la sensibilidad a metconazol y tebuconazol de cepas de *Fusarium* spp. presentes en trigo de producción nacional. Los aislados fueron obtenidos de 10 muestras de trigo, sembrando 50 semillas por muestra en medio PCNB suplementado con fungicidas. Las colonias identificadas fenotípicamente como *Fusarium* spp. fueron reaisladas y posteriormente purificadas mediante cultivos de punta de hifa. Se obtuvieron ocho aislados de *Fusarium* spp. con sensibilidad disminuida a los triazoles, los cuales fueron identificados mediante amplificación y análisis de la región tef-1α como *F. graminearum* (5), *F. poae* (1), *F. lacertatum* (1) y *F. incarnatum* (1). La sensibilidad a los fungicidas fue evaluada mediante la determinación de la concentración efectiva media (EC50). Dos aislados de *F. graminearum* y el aislado de *F. incarnatum* presentaron valores de EC50 para tebuconazol cercanos a 10 ppm, superiores a los máximos registrados en 2018 por nuestro grupo (Brancatti et al., 2022). Para metconazol, la mayoría de los aislados mostraron valores de EC50 cercanos al máximo observado en 2018, pero *F. incarnatum* presentó un EC50 cercano a 2 ppm. Estos resultados muestran una disminución progresiva en la sensibilidad de poblaciones de *Fusarium* a fungicidas triazólicos en trigo uruguayo lo que podría comprometer la eficacia de las estrategias actuales de control químico y resalta la necesidad de continuar monitoreando la sensibilidad en poblaciones de campo.

ID 112 BA 16

Compuestos antimicrobianos producidos por bacterias aisladas de muestras de origen Antártico

Verónica Saravia[1]; Manuel Alfonso[1]

[1] Departamento de Ingeniería Bioquímica y Bioprocesos, IIQ, Facultad de Ingeniería, Udelar

vsaravia@fing.edu.uy

Los ecosistemas extremos como la Antártida constituyen potenciales reservorios de bacterias capaces de biosintetizar nuevos compuestos bioactivos. El objetivo del trabajo fue aislar cepas bacterianas con actividad antimicrobiana, resolver su filogenia mediante el gen 16S rARN y estudiar la estabilidad de la actividad antimicrobiana de los caldos producidos. A partir de la siembra en placa de 51 muestras ambientales se obtuvieron 306 aislamientos. Se realizó un screening de actividad antimicrobiana mediante ensayos de difusión en agar sembrando los aislamientos puntualmente y usando *Escherichia coli* y *Listeria innocua* como antagonistas. Se confirmó la actividad antimicrobiana mediante ensayos de antibiosis en pocillos de agar de 28 aislados. Se seleccionaron 13 para ser identificados mediante secuenciación del gen 16S rRNA. Se estudió el sobrenadante libre de células (SLC) de la cepa que presentó mayor actividad antimicrobiana, mediante ensayos de estabilidad frente a la temperatura (35–121°C), pH (3–11) y proteólisis (proteinasa K, tripsina y pepsina). También se evaluó la influencia de la temperatura en crecimiento del aislamiento. Las cepas identificadas corresponden 8 al género *Bacillus* y 4 a *Pseudomonas*. La cepa MA6-4, *Bacillus velezensis* (99,72% ID), exhibió el mayor halo de inhibición frente a *L. innocua*, por lo que se la seleccionó para continuar con su estudio. La actividad antimicrobiana del SLC fue afectada por la temperatura con pérdida total de actividad a 121ºC por 15 minutos, el pH no tuvo efectos significativos, y fue susceptible frente a la pepsina. Cabe resaltar que en los ensayos de antibiosis se observó la presencia de dobles halos, lo que dificultó la interpretación de resultados. Finalmente, la cepa MA6-4 fue capaz de crecer en placa entre 20-45ºC. En conclusión, la cepa *Bacillus s*p. MA6-4 produce compuestos antimicrobianos frente a *L. inoccua* que son estables frente a cambios pH, pero sensibles a pepsina y altas temperaturas.

ÁREA

BIOTECNOLOGÍA

ID 12 BT 01

Elongación de cadena: una nueva tecnología para obtener compuestos con valor agregado a partir de residuos

Matias Regina[1]; Elena Castelló[2]; Claudia Etchebehere[1]

[1]Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable;[2] Laboratorio de Bioprocesos Ambientales, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República

matiregina2@gmail.com

La elongación de cadena es una nueva tecnología mediada por microorganismos anaerobios que permite la valorización de residuos mediante la producción de carboxilatos de cadena media (CCMs, C5 – C8), compuestos con un valor de mercado hasta cinco veces superior al del metano. A la fecha, se han aislado una veintena de microorganismos pertenecientes a las familias *Clostridiaceae*, *Oscillospiraceae*, *Eubacteriaceae* y *Veillonellaceae*, capaces de realizar este proceso principalmente a través de la vía reversa de la beta-oxidación, empleando un dador de electrones (generalmente etanol o lactato) y un cebador (típicamente acetato). Sin embargo, continúa el interés por la búsqueda de nuevos microorganismos, el entendimiento del bioproceso y las variables que lo determinan. En este contexto, este trabajo se plantea el aislamiento y caracterización de microorganismos elongadores de cadena, junto con la evaluación de su potencial de producción de CCMs y el estudio del efecto del pH como variable relevante del proceso. Para los aislamientos se utilizaron muestras de biomasa de reactores productores de CCMs, contenido ruminal vacuno y lodo de un reactor de tratamiento de aguas residuales. Se emplearon distintas estrategias metodológicas, incluyendo enriquecimiento y aislamiento en medio mínimo, así como aislamientos directos en medios ricos con y sin suplementación de ácido hexanoico. La identificación molecular se realizó mediante secuenciación del gen ARNr 16S, y la producción de CCMs se evaluó por GC-FID. Los resultados muestran que los distintos aislados presentan perfiles de fermentación variados con producción de ácidos carboxílicos que abarcan desde ácido propiónico (C3) hasta ácido octanoico (C8). Se continuará evaluando el potencial de producción de CCMs sobre aguas residuales y residuos prefermentados, junto con el efecto del pH. De este modo, se busca profundizar en el entendimiento del proceso microbiano de elongación de cadena.

ID 27 BT 02

Efecto del pH y la refrigeración en la actividad anticlostridial de extractos concentrados de cepas de *Lacticaseibacillus*

Jorge Olivera Rodi[1]; Mariana Viera Barreira[1]; Marcela Joan González Ramos[1]

[1] Unidad de Tecnología de los Alimentos - Facultad de Agronomía

jolivera3@gmail.com

La hinchazón tardía es uno de los principales defectos en quesos semiduros y duros, asociado al crecimiento de *Clostridium* spp. durante la etapa de maduración. Los métodos empleados para prevenir el desarrollo de *Clostridium* en quesos no son completamente efectivos, lo que impulsa la búsqueda de alternativas de control, como el empleo de cepas de bacterias ácido lácticas con actividad anticlostridial. El objetivo de este trabajo fue estudiar el efecto inhibitorio de extractos concentrados pertenecientes a las cepas anticlostridiales 26 y 95 de *Lacticaseibacillus* frente a las cepas 193.5 y 206.2 de *Clostridium tyrobutyricum*, así como analizar su estabilidad frente a variaciones del pH y condiciones de almacenamiento en frío. La actividad inhibitoria de los extractos concentrados fue evaluada mediante seguimiento de la viabilidad bacteriana (UFC/mL) de las cepas de *C. tyrobutyricum* a lo largo del tiempo. Los resultados obtenidos evidenciaron que ambos extractos tuvieron un efecto bactericida contra las cepas clostridiales, lográndose reducciones cercanas a 1 log10. La estabilidad fue analizada tras la exposición a pH 4, 5 y 6 durante 30 min. y mediante almacenamiento a 4, -18 y -24 °C durante 80 días. No se encontraron diferencias significativas en la actividad inhibitoria tras los tratamientos de pH respecto a los extractos sin tratar (control), evidenciando estabilidad en las condiciones evaluadas. En contraste, el almacenamiento en frío produjo una disminución progresiva de la actividad anticlostridial. A los 80 días, los extractos de la cepa 26 presentaron pérdidas de 25.31, 17.25 y 17.08 % a 4, -18 y -24 °C, respectivamente, mientras que en el caso de la cepa 95 mostraron reducciones de 20.92, 18.32 y 13.51 % en dichas condiciones, siendo menores a -18 y -24 °C. En conjunto, los resultados respaldan el potencial de estas cepas como cultivos bioprotectores para el control de *Clostridium* en quesos.

ID 30

BT 03

Más allá del sitio de administración: Nanoadyuvantes vacunales y su impacto sobre la microbiota intestinal

Diego Roldan[1]; Ana Clara Muniz-Lagos[2]; Gustavo Mourglia-Ettlin[2]; Silvana Alborés Malán[1]

[1] Laboratorio de Biotecnología, Área de Microbiología, Facultad de Química, UdelaR; [2] Área de Inmunología, Facultad de Química, UdelaR

droldan@fq.edu.uy

Los adyuvantes desempeñan un rol esencial en la eficacia de las vacunas de segunda generación, ya que potencian la respuesta inmune; sin embargo, su influencia secundaria sobre la microbiota intestinal del individuo inmunizado aún está poco comprendida. En este estudio, evaluamos los efectos sobre la microbiota fecal de ratones CD-1 inmunizados de manera subcutánea con un adyuvante convencional (alúmina) y con dos prototipos de nanoadyuvantes basados en nanopartículas de plata biogénicas sintetizadas a partir de hongos. Los ratones se inmunizaron con ovoalbúmina -antígeno proteico modelo- mezclada con los distintos adyuvantes, o con solución salina como control. Las inmunizaciones se realizaron siguiendo un esquema de priming (día 0) y booster (día 14), y 30 días post-priming se recolectaron muestras fecales de los animales para procesamiento metagenómico mediante secuenciación masiva de amplicones para la región V3-V4 del gen ARNr 16S. Los datos se analizaron con las herramientas DADA2, Phyloseq y DESeq2 en R, considerando diversidad alfa y beta, así como abundancia diferencial. Firmicutes y Bacteroidota fueron los phyla dominantes en todas las muestras analizadas. En los ratones inmunizados con alúmina se observó una disminución de Firmicutes, grupo asociado a funciones antiinflamatorias, y un aumento relativo de Bacteroidota, vinculados a respuestas proinflamatorias, lo que podría reflejar un estado de activación inmune o inflamación sistémica inducido en respuesta a la inmunización. Un patrón similar se registró en los grupos tratados con nanopartículas, aunque en estos individuos también se detectó un aumento relativo de Actinobacteriota. Los resultados sugieren que tanto las nanopartículas biogénicas como la alúmina utilizadas como adyuvantes vacunales de administración subcutánea, pueden generar alteraciones distales similares en la microbiota intestinal, demostrando la importancia de evaluar el impacto sobre el microbioma del individuo inmunizado en las etapas tempranas del desarrollo de nuevas vacunas.

ID 31 BT 04

Optimización y escalado de la cepa nativa *Lactiplantibacillus plantarum* LPB145 para su aplicación experimental como probiótico en alimentación avícola

Leandro Pla[1] ; Gabrielle Torres[1]; Helena Pacheco[1]; Stefania Alzugaray[1]; María Belén Hernández[1] ; Ana Umpiérrez[2] ; Pablo Zunino[2]; Sebastián Brambillasca[3] ; Álvaro González Revello[4]

[1] Facultad de Veterinaria, Udelar; [2] Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable;[3] Unidad Académica de Avicultura, Facultad de Veterinaria, Udelar; [4] Unidad Académica de Ciencia y Tecnología de la Leche, Facultad de Veterinaria, Udelar

leandropla24400@gmail.com

El crecimiento de la producción avícola ha impulsado el desarrollo de estrategias orientadas al uso de probióticos para optimizar la salud intestinal, modular la microbiota y promover el uso racional de antimicrobianos. *Lactiplantibacillus plantarum* LPB145 es una cepa nativa de suero de quesería uruguaya, caracterizada por producir GABA y presentar propiedades compatibles con su uso como probiótico. El objetivo de este trabajo fue optimizar y escalar su cultivo para obtener un bioinsumo viable y estable para su incorporación en dietas de pollos parrilleros. Se determinaron las cinéticas de crecimiento y producción de ácido láctico en MRS y leche descremada (LPD) mediante recuento viable, DO_{630}, acidez titulable y pH. Se optimizó el medio lácteo mediante suplementación con fuentes de carbono y nitrógeno y el proceso fue escalado en biorreactor. La biomasa fue liofilizada y se evaluó su viabilidad durante el almacenamiento y en mezclas con el alimento balanceado. En MRS la cepa mostró una fase exponencial rápida y sostenida, alcanzando 9,5 log UFC/mL, mientras que en LPD el crecimiento fue más lento y limitado (7,5 log UFC/mL). La suplementación de LPD con glucosa y extracto de levadura mejoró el crecimiento (8,0 log UFC/mL). El escalado en biorreactor requirió una etapa de adaptación del inóculo desde MRS a la matriz láctea (4 h), alcanzándose concentraciones cercanas a 8,0 log UFC/mL. Tras la liofilización se obtuvo una concentración de 9,5 log UFC/g, suficiente para suplementar 3.000 kg de ración a una dosis de 8,0 log UFC/kg MS, compatible con uso probiótico. En la ración, la cepa mantuvo concentraciones cercanas a 10^8 UFC/kg durante al menos 7 días a temperatura ambiente. Fue posible optimizar y escalar el cultivo de la cepa LPB145 en un medio lácteo, obteniendo un bioinsumo viable para su incorporación en raciones y su evaluación experimental en pollos parrilleros.

ID 33

BT 05

Del potencial genómico a la actividad funcional: validación del rol de *Anaerolineae* en sistemas de tratamiento de aguas residuales mediante metatranscriptómica

Patricia Bovio[1,2] ; Claudia Etchebehere[1]; Ángela Cabezas[2]

[1] Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Centro de Investigación en Ciencias Ambientales Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, [2] Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica, Durazno, Uruguay

patricia.bovio@gmail.com

Los sistemas de tratamiento biológico de aguas residuales pueden ser aerobios (la materia orgánica se degrada por respiración aerobia microbiana) o anaerobios (se degrada por microorganismos anaerobios para formar metano). Si bien la composición de sus comunidades microbianas es diferente, el filo Chloroflexota, en particular la clase *Anaerolineae*, es uno de los grupos predominantes en ambos sistemas. A pesar de su abundancia, su rol ecológico y funcional permanece poco comprendido debido a la dificultad para aislarlos. Las especies aisladas de *Anaerolineae* presentan metabolismo fermentativo y morfología filamentosa, lo que sugiere una posible participación en la formación de flóculos y gránulos, estructuras clave para la eficiencia del tratamiento. Sin embargo, su sobrecrecimiento ha sido asociado a problemas operacionales como el bulking, cuyas condiciones aún constituyen un vacío de conocimiento crítico para la operación estable. En un estudio previo, determinamos mediante metagenómica que *Anaerolineae* presenta potencial metabólico para actuar en hidrólisis y fermentación de compuestos complejos, independientemente del tipo de reactor. En sistemas aerobios, se detectaron vías metabólicas asociadas a respiración aerobia en linajes considerados anaerobios estrictos, y un posible rol en la remoción de nitrógeno. Sin embargo, la actividad de estas rutas no había sido validada a nivel de expresión génica. En este trabajo, se abordó este vacío integrando datos metagenómicos y metatranscriptómicos de reactores aerobios y anaerobios. Se determinó la expresión génica de 70 MAGs de *Anaerolineae* provenientes de ambos sistemas. Los resultados evidencian la expresión activa de un core metabólico, incluyendo la hidrólisis de celulosa y el metabolismo fermentativo de aminoácidos y carbohidratos. Además, en sistemas aerobios *Anaerolineae* expresa genes vinculados a la remoción de nitrógeno, aportando evidencia directa de su relevancia funcional en la remoción de carbono y nitrógeno, clave para mejorar el control y la estabilidad de estos procesos.

ID 35

BT 06

Valorización de alperujo mediante la producción de xilanasas microbianas

Camila Barrera[1]; Ana Larocca[1]; Gissel Blanco[2]; Cecilia Dauber[2]; Virginia Aldabalde[3]; Ignacio Vieitez[2]; Paula Rodríguez[1]; Larissa Gioia[1]

[1] Laboratorio de Biocatálisis y Biotransformaciones, Departamento de Biociencias, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, UdelaR, Montevideo. Uruguay; [2] Laboratorio de Grasas y Aceites, Departamento de Ciencia y Tecnología de Alimentos, Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay; [3] Laboratorio de Síntesis Orgánica, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, UdelaR, Montevideo. Uruguay

camilabarrerau@gmail.com

El alperujo es un residuo semisólido generado durante la elaboración de aceite de oliva, caracterizado por su elevado contenido de materia orgánica y compuestos fenólicos, así como por su baja biodegradabilidad, lo que le confiere un alto potencial contaminante. No obstante, su riqueza en polisacáridos estructurales, como celulosa y hemicelulosa, lo convierte en un sustrato atractivo para el crecimiento de microorganismos y la producción de enzimas de interés industrial. En este contexto, la producción de xilanasas a partir de este residuo resulta especialmente relevante, dado que estas enzimas poseen múltiples aplicaciones en distintas industrias. Nuestro grupo evaluó la producción de xilanasas empleando microorganismos xilanolíticos: *Bacillus* sp. 12-22 y *Moesziomyces bullatus*. Con el objetivo de optimizar la producción enzimática, se analizaron variables como el tiempo de incubación, la concentración de alperujo, el tamaño del inóculo y la aplicación de pretratamientos del sustrato. Los resultados mostraron que, en el caso de la levadura, la actividad xilanasa aumentó progresivamente hasta alcanzar un máximo a los 7 días de incubación. Asimismo, la concentración de alperujo influyó significativamente, registrándose la mayor actividad a 100 g/L. El pretratamiento del sustrato resultó determinante, ya que la extracción lipídica con hexano seguida de autohidrólisis térmica incrementó notablemente la actividad enzimática. En cambio, la variación del tamaño del inóculo no evidenció efectos significativos, estableciéndose una concentración de 1×10^6 células/mL como condición de trabajo. Para *Bacillus* sp. 12-22 no se observaron variaciones relevantes, por lo que se continúan explorando nuevas estrategias de cultivo. En conjunto, estos resultados demuestran la viabilidad del alperujo como sustrato para la producción de xilanasas y su potencial en procesos de valorización en economía circular.

ID 40 BT 07

Ambroxol encapsulado en nanopartículas de policianoacrilato de n-butilo: una nueva estrategia contra biofilms bacterianos

Erlen Cruz Jorge[1]; Nicolás Matías Navarro Martínez[1], María José González Candia[1] ; Yaquelin Ramos Carriles[2], Eduardo Mendez[3] , Luciana Robino[1] ; Rubén Álvarez Brito[2], Paola Scavone Guillermo[1]

[1] Departamento de Microbiología, Laboratorio de Biofilms Microbianos, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay ; [2] Facultad de Química, Universidad de la Habana, Cuba, [3] Laboratorio de Biomateriales, Facultad de Ciencias

erlen85@gmail.com

Las infecciones asociadas a *biofilms* en dispositivos médicos constituyen un grave problema clínico y económico global, dado que las bacterias en esta forma de vida exhiben resistencia a los antimicrobianos hasta 1000 veces superior a sus contrapartes planctónicas. Las nanopartículas de policianoacrilato de n-butilo (PBCA-NPs) son polímeros biocompatibles y biodegradables con actividad antimicrobiana documentada, y el ambroxol, conocido mucolítico, ha demostrado actividad inhibitoria sobre biofilms bacterianos, por lo que su combinación representa una estrategia prometedora. El objetivo fue sintetizar PBCA-NPs cargadas con ambroxol y evaluar su actividad antibacteriana y antibiofilm in vitro frente a *Staphylococcus aureus* ATCC 6538, *Acinetobacter baumannii* ATCC 19606, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853, *Staphylococcus epidermidis* M20220221, *Escherichia coli* 144 y *Proteus mirabilis* 2921. Las nanopartículas se obtuvieron por nanoprecipitación y la actividad antibacteriana se determinó mediante CIM y CBM por microdilución en caldo partiendo de 8× (2.336 mg/ml ambroxol - 1.68 mg/ml PBCA), con viabilidad evaluada por resazurina. La actividad antibiofilm se determinó mediante inhibición y erradicación en modelo estático en placa de 96 pocillos con tinción de cristal violeta. Las nanopartículas presentaron diámetro promedio de 250 nm y eficiencia de encapsulación del 58.4%. Las CIM y CBM fueron superiores a las concentraciones máximas evaluadas en todas las cepas, y el ensayo de resazurina confirmó ausencia de citotoxicidad. Las formulaciones presentaron acción sobre la inhibición y erradicación de biofilms, respaldando el potencial del sistema como estrategia para la prevención de infecciones asociadas a dispositivos médicos.

ID 44

BT 08

Valorización de residuos avícolas mediante digestión anaerobia para producir biogás y fertilizantes: evaluación operativa y microbiana

Guillermo Zinola[1]; Claudia Etchebehere Arenas[2]

[1] Universidad Tecnológica; [2] Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Centro de Investigación en Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable.

guillermo.zinola@utec.edu.uy

La industria avícola genera el 26% de los residuos agroindustriales, principalmente cama de crianza (CC) compuesta por cáscara de arroz y estiércol y gallinaza (GA) compuesta por estiércol (81.000 y 3.300 tonST/año, respectivamente). Su gestión inadecuada conlleva impactos ambientales que impulsan su valorización mediante digestión anaerobia (DA) para la producción de biogás y digestato. Este trabajo evaluó el bioproceso utilizando CC, GA y la mezcla CC:GA en su proporción real de generación (24:1 en sólidos totales). El objetivo de este trabajo fue determinar las condiciones operativas para maximizar la producción de metano (CH4) y evaluar su efecto en las comunidades microbianas. Se operaron seis reactores en continuo de 2 L (BRS® Bioprocess Control) con un tiempo de retención hidráulico de 20 días, aumentando la carga orgánica volumétrica (COV) de 1 a 3 kgSV/m3.d. El monitoreo incluyó parámetros fisicoquímicos (pH, FOS/TAC y NH4 en el digestato). Para el análisis microbiológico, se tomó biomasa en tres estados estacionarios correspondientes a diferentes COV, inóculo y sustratos. El ADN se extrajo mediante el kit comercial Dneasy Power Soil Pro (Qiagen) y se caracterizaron las comunidades de Bacteria y Archaea mediante secuenciación masiva del gen ARNr 16S utilizando los primers correspondiente. Los parámetros de control se mantuvieron en niveles estables durante el ensayo. La máxima producción de CH4 se registró a una COV de 1 kgSV/m3.d (obteniendo valores de producción de metano de CC: 106; GA: 229; CC:GA: 103 NLCH4/kgSV). Al incrementar la COV, los reactores alimentados con GA permanecieron estables, mientras que aquellos alimentados con CC y CC:GA colapsaron, posiblemente por la acumulación de compuestos lignocelulósicos de la cáscara de arroz. El análisis de las comunidades microbianas (en curso) permitirá profundizar en la dinámica biotecnológica del proceso.

ID 47

BT 09

Desbloqueando el potencial de *Streptomyces*: rediseño de halogenasas nativas para una biocatálisis de amplio espectro

Florencia Cavallaro[1]; Valentina Croce[2]; María Inés Siri[2]; Sofía Zeballos[2]; Agustina Vila[1]; Cesar Iglesias[2]

[1] Laboratorio de Biocatálisis y Biotransformaciones, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar; [2] Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar

fcavallaro@fq.edu.uy

Las halogenasas dependientes de flavina (FDH) son biocatalizadores de alto valor para la funcionalización selectiva de moléculas aromáticas, una reacción compleja para la síntesis química tradicional. En este trabajo, se exploró la biodiversidad microbiana uruguaya mediante la prospección y rediseño de cuatro secuencias de FDH identificadas en 12 genomas de Streptomyces nativos aislados de suelos y cultivos de papa. El objetivo central fue la ingeniería in silico de estas enzimas para expandir su especificidad natural hacia la triptamina, un sustrato de interés biotecnológico. La metodología integró mutagénesis racional evaluada mediante Boltz-2 y simulaciones de dinámica molecular (MD) de 100 ns con el software YASARA. Se analizaron variables termodinámicas críticas como la constante de disociación (Kd) y la energía libre de unión (ΔG), permitiendo identificar mutaciones favorables. Para la cepa FC_1091, destacaron las variantes F116I, P450G y los dobles mutantes P115G_S474Y y F116I_S474Y. En la cepa FC_1141, se seleccionaron E158D, E158G, Q163S, I78A, S453D y las combinaciones E158G_S453D y E158D_Q163S.Las trayectorias de MD confirmaron la estabilidad de los complejos enzima-sustrato y permitieron monitorear la distancia (en Å) entre el nitrógeno de la lisina catalítica y el carbono del núcleo indólico. Actualmente, se están evaluando los mutantes seleccionados en reacciones de halogenación para validar su funcionalidad. Este enfoque combina métricas termodinámicas y simulación temporal para la selección de variantes, facilitando la exploración de enzimas nativas para su potencial aplicación en procesos de biocatálisis.

ID 49 BT 10

Optimización de la expresión in vitro de la Fe-nitrogenasa en la cepa *Kosakonia radicincitans* UYSO10

Inés Darré Díaz[1]; Federico Battistoni[1];Cecilia Taulé[1]

[1] Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable - MEC, Uruguay

darreines@gmail.com

Kosakonia radicincitans UYSO10 es una cepa diazótrofa y endófita con capacidad demostrada para promover el crecimiento vegetal en caña de azúcar. Estudios genómicos previos revelaron la presencia de dos operones codificantes para las enzimas Mo-nitrogenasa y Fe-nitrogenasa, ambas implicadas en la fijación biológica de nitrógeno. La funcionalidad de ambas fue comprobada mediante el uso de cepas mutantes en los genes estructurales *nifH* y *anfH*, codificantes para la subunidad dinitrogenasa reductasa de la Mo- y Fe-nitrogenasa, respectivamente. Ensayos de inoculación en plantas mostraron que ambas participan en la promoción del crecimiento vegetal. Posteriormente, se construyeron cepas reporteras en las que la expresión de la proteína msfGFP quedó bajo control de los promotores de *nifH* y *anfH*, permitiendo identificar condiciones de crecimiento específicas donde se expresa cada enzima. Si bien la Mo-nitrogenasa ha sido más estudiada, la expresión y regulación de la Fe-nitrogenasa, en particular en el contexto de la interacción planta-microorganismo sigue poco explorada.El objetivo fue optimizar las condiciones de crecimiento que inducen la expresión de la Fe-nitrogenasa en la cepa UYSO10, para luego poder estudiar los mecanismos de regulación de dicha enzima. Para ello, fueron evaluadas distintas condiciones de crecimiento, combinando diferentes fuentes de carbono y nitrógeno y ensayando distintas presiones de oxígeno. La expresión de la enzima se detectó inicialmente mediante el uso de un fluorímetro y se complementó con imágenes capturadas con Invitrogen iBright, resultados que fueron posteriormente confirmados por citometría de flujo. Luego, se diseñaron y validaron cebadores específicos para la amplificación y cuantificación de la expresión del gen *anfH* y de su regulador transcripcional *anfA*. Posteriormente, se realizó un ensayo de crecimiento en viales bajo las condiciones de crecimiento optimizadas durante 5 días, procediendo luego a la extracción de ARN bacteriano y síntesis del ADNc. Se mostrarán los resultados de la cuantificación de los genes *anfH* y *anfA* por qPCR con cebadores específicos.

Financiación: Proyecto ANII FCE_180647

ID 57

BT 11

Bioprospección de bacterias antárticas como potenciales productoras de lipasas

Florencia Villalba[1]; Eugenia Vila[1]; Laura Camesasca[2]

[1] Departamento de Bioingeniería, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Uruguay: [2] Departamento de Bioprocesos y Bioingeniería, Facultad de Ingeniería

flor.villalba123@gmail.com

Los ecosistemas antárticos, caracterizados por temperaturas extremas, actúan como presiones selectivas que favorecen la presencia de microorganismos psicrotolerantes. Estos organismos producen enzimas, como las lipasas, con adaptaciones estructurales que permiten mantener una alta actividad catalítica en condiciones de baja energía térmica. Dichas enzimas son de gran relevancia biotecnológica para industrias como la alimentaria y farmacéutica debido a su versatilidad en reacciones de hidrólisis y transesterificación. El objetivo de este proyecto es aislar y seleccionar cepas bacterianas psicrotolerantes a partir de muestras de suelo de la Isla Rey Jorge con potencial actividad lipolítica a bajas temperaturas. Para ello se trabajó con medios de cultivos diferenciales, con presencia de tributirina. Esto permitió seleccionar aquellas colonias que formaron un halo de hidrólisis a su alrededor. De estos ensayos se aislaron 27 número de cepas con actividad lipolítica. Se evaluó la actividad de las mismas de manera cualitativa, mediante la medida de los halos a diferentes temperaturas. De todos los aislamientos estudiados, el aislamiento ES-5 presentó el mayor desempeño a 10 °C con un halo de 6,7 cm. A 20 °C y 4 °C, el aislamiento GL-3 destacó con halos de 4,5 cm y 3,7 cm respectivamente. Estos resultados confirman que el ambiente antártico es una fuente atractiva para el hallazgo de enzimas funcionales a bajas temperaturas. Como etapa posterior de este trabajo, se prevé la caracterización cuantitativa de la actividad enzimática y la identificación taxonómica de las cepas seleccionadas.

ID 67

BT 12

Evaluación fermentativa y trazabilidad molecular de la cepa autóctona *Saccharomyces cerevisiae* T19-3FS durante la fermentación de mosto Tannat

Sofía Giménez[1]; Gabriela González Soler[1]

[1] Facultad de Quimica, UdelaR, Uruguay

sofiafernanda98@gmail.com

El uso de levaduras autóctonas representa una estrategia clave para el desarrollo de fermentaciones vínicas con identidad regional y desempeño tecnológico controlado. En este estudio se evaluó el comportamiento fermentativo y la trazabilidad molecular de la cepa autóctona *Saccharomyces cerevisiae* T19-3FS, cuya biomasa fue producida en fermentador utilizando un medio de bajo costo formulado con 1 % de melaza y 10 % de vinaza. Las fermentaciones se realizaron en mosto de uva Tannat tanto a escala de laboratorio como en condiciones de bodega, comparando un tratamiento inoculado con la cepa T19-3FS y un control espontáneo. La cinética fermentativa se monitoreó mediante pérdida de peso por liberación de CO_2, recuentos en medio WL y análisis por HPLC de azúcares, etanol y metabolitos. La composición poblacional se evaluó mediante aislamiento diferencial, crecimiento en agar lisina y tipificación molecular por PCR de regiones interdelta. El mosto inicial presentó 23,56 % de azúcares fermentables (glucosa 12,03 % y fructosa 11,53 %). En ambos tratamientos se observó un incremento poblacional desde 1×10^6 hasta 10^7–10^8 UFC/mL. Al final de la fermentación (día 21), se alcanzaron concentraciones de etanol de 13,06 ± 0,72 % en el tratamiento inoculado y 13,72 ± 0,54 % en el control. La glucosa fue completamente consumida, detectándose niveles no significativamente diferentes de fructosa residual y producción de glicerol. El análisis interdelta permitió diferenciar claramente los aislamientos del control respecto a los del tratamiento inoculado, confirmando la persistencia y dominancia de la cepa T19-3FS al final de la fermentación. Estos resultados demuestran el potencial de esta cepa autóctona como cultivo iniciador en vinificaciones, combinando eficiencia fermentativa con trazabilidad molecular. Como perspectiva, se propone el uso de secuenciación masiva para profundizar en la dinámica microbiana durante el proceso.

ID 75

BT 13

Producción de lipasa bacteriana en biorreactor y evaluación de métodos de conservación de la enzima

Mairan Guigou[1]; Carol Rodríguez[1]; Felipe Gancio[1]; María Eugenia Vila[2]; Laura Camesasca[2]

[1] Facultad de Ingeniería, Universidad de la República; [2] Departamento de Ingeniería Bioquímica y Bioprocesos, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República

mairang@gmail.com

Las lipasas son enzimas que catalizan la hidrólisis de ésteres formados por glicerol y ácidos grasos de cadena larga. Son utilizadas como catalizadores eficientes en la síntesis enzimática de materiales poliméricos gracias a su alta selectividad, versatilidad en las condiciones de reacción (temperatura y pH) y estabilidad en solventes orgánicos. En el presente trabajo se utilizó una bacteria psicrotolerante extraída de la isla Rey Jorge, que proporciona ciertas ventajas respecto a las extraídas de otros microorganismos: a) adaptabilidad a trabajar a temperaturas bajas sin perder su actividad enzimática, permitiéndole realizar síntesis en condiciones más templadas, reduciendo así costos energéticos; b) estabilidad en condiciones variables de pH y temperatura, lo que amplía su rango de aplicación y les permite mantener su efectividad en condiciones menos controladas; c) versatilidad en sustratos y reacciones. El objetivo general del trabajo fue producir lipasas a escala de biorreactor de laboratorio y estudiar las técnicas de congelado y liofilización para su conservación, midiendo pérdida de la actividad enzimática. La producción de la lipasa se realizó en un biorreactor Sartorius Stedim BIOSTAT Aplus de 4 L, utilizando 2 L de medio de producción a pH 7.5, 22.5°C, 300 rpm y OD 5% de saturación. A las 48 h el sobrenadante presentó una actividad lipolítica de 2830 mU/mL. El crudo enzimático se purificó mediante precipitación con sulfato de amonio 70%, diálisis con membranas Pur-A-Lyzer de Sigma Aldrich, seguida de cromatografía hidrofóbica con columna Hi Trap Phenyl Sepharose 6 Fast Flow. Las lipasas fueron congeladas a -80°C y liofilizadas a –55°C, 0.05 mbar durante 48 h en el liofilizador Martin Christ Alpha 1-2 LSCbasic. Se evaluaron varios crioprotectores en diferentes concentraciones (manitol, xilitol, sacarosa y glicerol). Durante el congelado el crioprotector con menor pérdida de actividad (34%) fue manitol 5%, y para el liofilizado funcionó mejor la mezcla manitol:glicerol.

ID 80

BT 14

De metales pesados a microplásticos: estrategias microbianas de detoxificación y transformación de contaminantes

Pilar Iturria[1]; Diego Roldan[1]; Silvana Alborés Malán[1]

[1] Laboratorio de Biotecnología, Área de Microbiología, Facultad de Química, UDELAR

pili.iturria@gmail.com

Hongos y bacterias han desarrollado diversos mecanismos de tolerancia a metales pesados, lo que les otorga un alto potencial para aplicaciones en biorremediación. Entre estos mecanismos destaca la biosíntesis de nanopartículas metálicas, mediante la cual los microorganismos transforman iones tóxicos en formas menos reactivas. Estas nanopartículas presentan interés en áreas como catálisis, biomedicina y remediación ambiental, debido a su elevada reactividad superficial y capacidad de adsorción. Asimismo, numerosos microorganismos pueden colonizar y transformar contaminantes emergentes, como los microplásticos, ampliando su potencial biotecnológico. En este trabajo se evaluaron tres cepas previamente aisladas en Uruguay con antecedentes en biorremediación: *Pseudomonas putida* ML2, *Phanerochaete chrysosporium* 12G y *Punctularia atropurpurascens* H2126. El objetivo fue analizar su tolerancia a metales pesados y explorar su capacidad para transformar contaminantes, incluyendo metales y microplásticos. La tolerancia a $AgNO_3$, $CdCl_2$, $CoCl_2$, $CuSO_4$, $NiCl_2$ y $ZnSO_4$ se determinó mediante ensayos de microdilución, estableciendo la concentración inhibitoria mínima (MIC) y la concentración bactericida o fungicida mínima. Además, se evaluó la síntesis de nanopartículas en contacto con la biomasa microbiana. Para el estudio de microplásticos, se determinó el porcentaje de degradación de microesferas de polietileno (PE) en diferentes tiempos y condiciones de fermentación, en función de la pérdida de masa. Los resultados evidenciaron distintos niveles de tolerancia a metales, destacándose *P. putida* por presentar valores elevados de MIC frente a varios metales. Asimismo, se observó la síntesis biológica de nanopartículas de plata en la biomasa de *P. chrysosporium*, caracterizadas por espectroscopía UV-visible, DLS y SEM-EDS. De forma preliminar, *P. putida* mostró una tendencia a la degradación de microplásticos tras 45 días de incubación. En conjunto, estos resultados evidencian el potencial de estas cepas para aplicaciones en bioadsorción, biosíntesis de nanopartículas y remediación de contaminantes emergentes.

ID 84

BT 15

Desarrollo de una plataforma de levadura para la producción de glicoproteínas con perfiles de glicosilación modulables mediante ingeniería de manosiltransferasas con sistemas CRISPR

Julieta Garcé Martínez[1]; Mariana Barraco[1]; Emiliana Botto[1]; Sonia Rodríguez[1]

[1] Facultad de Química

garcejulieta@gmail.com

Saccharomyces cerevisiae, un organismo utilizado frecuentemente para la producción de proteínas recombinantes, presenta limitaciones en la producción de glicoproteínas ya que hay grandes diferencias en la glicosilación respecto a los mamíferos que impactan en la actividad, inmunogenicidad y estabilidad del producto. Debido a esto es de interés modificar las rutas de glicosilación. En la levadura, todos los N-glicanos comienzan con una estructura base conservada de 2 residuos de N-acetilglucosamina (GlcNAc) y 9-10 residuos de manosa formando un precursor que luego es extensamente modificado. Sobre la estructura de este núcleo, se añaden ramificaciones laterales de α-1,2-manosa. En los extremos de estas ramificaciones, se añaden residuos de α-1,3-manosa. Todos estos pasos se llevan a cabo mediante diferentes manosiltransferasas. En particular, la enzima Mnn1p, que actúa en la etapa final de la elongación de la cadena, añade residuos de manosa en α-1,3 en las cadenas laterales. El objetivo de este trabajo es sustituir el promotor de Mnn1 por un promotor regulable utilizando CRISPR y validar las construcciones generadas mediante la comparación de los niveles de expresión del gen *MNN1* en la cepa nativa y en la cepa modificada. Para lograr esto se construyó un cassette de sustitución del promotor pMnn1 por PCR de ligación. Luego se clonó mediante la técnica de Golden Gate Assembly el ARN guía en el el vector pCEC Red, que combina la Cas9 y el sgRNA en un solo vector. Posteriormente se transformó *S. cerevisiae* con dicho vector y el cassette, La optimización de la transformación fue un paso clave para mejorar la eficiencia. Actualmente se están analizando los clones obtenidos, verificando la presencia del promotor sustituído por PCR. Una vez se haya verificado la modificación génica se procederá a evaluar mediante qRT-PCR los niveles de expresión transcripcional de la cepa modificada en comparación a la cepa nativa. Se presentarán los avances obtenidos.

ID 90 BT 16

Defensinas al ataque: péptidos vegetales contra bacterias fitopatógenas

Constanza Ceretta García[1]; Mariana Barraco-Vega[1]; Roberto Castro Rosas[1]; Gianna Cecchetto[1]; María Fernanda Ramos Arangüena[2]; María Inés Siri[3]

[1] Laboratorio de Microbiología Molecular, Microbiología, DEPBIO, Facultad de Química, UdelaR; [2] Facultad de Química; [3] Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar

cceretta@fcien.edu.uy

El aumento de la resistencia a antimicrobianos constituye un desafío creciente para la producción agrícola, impulsando la búsqueda de estrategias innovadoras y sostenibles para el control de fitopatógenos. En este contexto, las defensinas vegetales, una superfamilia de péptidos antimicrobianos (AMPs) con mecanismos de acción multiobjetivo, emergen como candidatos particularmente atractivos debido a su amplio espectro de actividad. Trabajos previos de nuestro grupo permitieron identificar y seleccionar siete defensinas vegetales derivadas de plantas nativas, representativas de distintos motivos estructurales. Estas moléculas han mostrado actividad antimicrobiana diferencial frente a bacterias de importancia clínica y hongos de importancia en postcosecha. Sin embargo, hasta el momento no se ha evaluado su actividad frente a bacterias fitopatógenas. En este contexto, el objetivo del presente trabajo es evaluar la actividad de estas defensinas frente a bacterias fitopatógenas de relevancia agrícola. Para ello, las proteínas fueron expresadas en Escherichia coli como fusiones recombinantes (HisTag:Trx:defensina) y recuperadas en fracciones solubles, permitiendo su evaluación directa en ensayos de actividad sin etapas de purificación. Este enfoque experimental permite un screening comparativo rápido y costo-eficiente del perfil antimicrobiano.Actualmente, se está evaluando la actividad de estas fracciones frente a un panel de bacterias fitopatógenas, incluyendo *Ralstonia solanacearum*, *Clavibacter michiganensis* y especies de los géneros *Pantoea* y *Xanthomonas*, con el fin de extender su caracterización funcional a patógenos bacterianos de relevancia agrícola. Hasta el momento, se cuenta con resultados preliminares correspondientes a ensayos frente a *Xanthomonas translucens* y *Xanthomonas vesicatoria*. En estos, cuatro de las siete defensinas evaluadas mostraron actividad frente a *X. translucens*, mientras que tres resultaron activas frente a *X. vesicatoria*, con dos de ellas mostrando actividad en ambas especies. Estos resultados evidencian diferencias en los perfiles de actividad antimicrobiana entre las defensinas analizadas.En conjunto, este enfoque permite discriminar diferencias en los perfiles de actividad de las defensinas evaluadas y priorizar candidatos para su caracterización. Se espera identificar péptidos con potencial aplicación en el manejo sustentable de enfermedades en cultivos.

ID 91 BT 17

Aislamiento e identificación de actinobacterias de sedimentos marinos profundos del talud continental uruguayo para la búsqueda de nuevos BGCs

Santiago Romero[1]; Valentín Braga[1]; María Inés Siri[1]; Mariana Barraco[1]; Andrés Costa[1]; Claudia Piccini[2]; César Iglesias[1]

[1] Laboratorio de Microbiología Molecular, Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República; [2] Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay

sromero1203orioli@gmail.com

Los microorganismos del orden Actinomycetales son la fuente más prolífica de compuestos bioactivos descriptos hasta la fecha. Los sedimentos marinos profundos constituyen ecosistemas poco explorados, caracterizados por alta presión hidrostática, baja temperatura y condiciones oligotróficas, que favorecen el desarrollo de microorganismos con metabolismo secundario diferencial y potencial para producir compuestos estructuralmente novedosos. El objetivo de este trabajo fue aislar actinobacterias potencialmente nuevas a partir de sedimentos de ambientes marinos profundos del Atlántico sudoccidental uruguayo, como punto de partida para la identificación futura de BGCs novedosos. En el marco del proyecto SUB 200 se recolectaron sedimentos en varios sitios para este trabajo se utilizó: cabecera del cañón Piriápolis en Aguas Intermedias Antárticas (301–561 m), con fondos arenosos y presencia de pockmarks y escapes de fluidos; Abismo del Falkor, cañón ciego de ~21 km inmerso en Agua Profunda del Atlántico Norte (1992–2450 m); talud superior en aguas subantárticas (~300 km al sureste de Montevideo, 650–900 m); y planicie abisal al pie del cañón del Río de la Plata en la submasa circumpolar antártica profunda (3500 m). El aislamiento se realizó en seis medios preparados con agua marina (ISP 2, ISP 4, ISP 5, ISP 7, M1 y AIA) con incubación a 4 °C y 18 °C. La identificación molecular mediante secuenciación parcial del gen 16S rRNA se encuentra actualmente en curso. Se obtuvieron 45 aislamientos morfológicamente compatibles con actinobacterias, con morfologías mayoritarias equivalentes a los géneros *Streptomyces*, *Salinispora* y *Micromonospora*. Se seleccionaron dos cepas para secuenciación genómica completa: una compatible con *Streptomyces* con pigmentación rosada llamativa, y otra compatible con Salinispora. La diversidad de ambientes muestreados y el uso de condiciones selectivas sugieren que la colección obtenida representa una fuente promisoria de actinobacterias con BGCs potencialmente novedosos. En el congreso se presentarán los resultados de identificación, los análisis genómicos de ambas cepas, así como ensayos de competencia y actividad de sobrenadante de cultivo frente a patógenos del grupo ESKAPE.

ID 96

BT 18

Sequía y coinoculación *Bradyrhizobium-Delftia* en soja: respuesta simbiótica y cambios en la microbiota del suelo

Florencia González-Zurbruck[1] María Morel Revetria[1]; Verónica Barriel[2]

[1]Laboratorio de Microbiología de Suelos, Facultad de Ciencias, Udelar; [2]Departamento de Agua y Suelo, Facultad de Agronomía, UdelaR

fgonzurbruck98@gmail.com

Los períodos de déficit hídrico, frecuentes en Uruguay, afectan el desempeño de la soja [Glycine max (L.) Merr.], siendo la fijación biológica de nitrógeno (FBN) uno de los primeros procesos comprometidos. En este estudio se evaluó el efecto de la restricción hídrica en plantas de soja coinoculadas con *Bradyrhizobium elkanii* (U1301 y U1302) y *Delftia acidovorans* (JD2), analizando atributos vinculados a la FBN. El experimento se desarrolló bajo condiciones controladas, utilizando un suelo con historia de soja y tres tratamientos: coinoculación, inoculación simple con bradyrizobios y control sin inoculación. Se aplicaron dos condiciones hídricas: óptima (40% de humedad relativa) y sequía (<10%). La inducción de sequía comenzó en V3 y se mantuvo durante 10 días. Las variables evaluadas incluyeron el número de nódulos, nitrógeno total, clorofila, contenido relativo de agua, isótopos N^{15} y C^{13} en hojas, biomasa aérea y el análisis de las comunidades microbianas del suelo. La sequía no afectó la biomasa aérea en ningún tratamiento, aunque redujo el número de nódulos por planta, salvo en la co-inoculación. Esta última promovió un mayor crecimiento vegetal que la inoculación simple en ambas condiciones hídricas. La FBN fue superior en la coinoculación que en la inoculación simple. La eficiencia en el uso del agua no difirió entre tratamientos, salvo en las plantas inoculadas con bradyrizobios, que fueron menos eficientes, en condición de sequía. La sequía no modificó sustancialmente la comunidad procariota del suelo, aunque la comunidad fúngica sí varió entre condiciones hídricas, y entre el control y la inoculación simple. La coinoculación con *D. acidovorans* JD2 tampoco alteró la microbiota del suelo pero, bajo sequía, mejoró el desempeño simbiótico de los bradyrizobios. Estos últimos, pese a que generaron mayor número de nódulos por planta, no superaron en eficiencia simbiótica a la población rizobiana autóctona del suelo, que presentó la mayor FBN.

ID 102 BT 19

Inteligencia artificial y bioinformática como herramientas para el diseño de nuevas fluorinasas

Quirella Martinez [1]; Mage Teliz Gonzalez [1]; Pablo Dans [2,3]; Gonzalo Lopez [1]; Paola Panizza [1]

[1] Laboratorio de biocatálisis y biotransformaciones, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, Udelar, Montevideo, Uruguay; [2] Grupo de Biofísica Computacional, Departamento de Ciencias Biológicas, CENUR Litoral Norte, UdelaR, Salto, Uruguay; [3]Unidad de Bioinformática, Instituto Pasteur de Montevideo

quirellamartinez2003@gmail.com

El flúor es un elemento clave utilizado como bioisóstero en las industrias farmacéutica y agroquímica. Debido a sus características fisicoquímicas, las moléculas fluoradas presentan mayor selectividad, afinidad de unión, estabilidad metabólica y tiempos de circulación prolongados en comparación con análogos no fluorados. Aun así, la introducción química de flúor en moléculas orgánicas presenta limitaciones en cuanto a rendimiento, selectividad e impacto ambiental. Una posible alternativa es el uso de biocatalizadores. Las fluorinasas son halogenasas SAM-dependientes que catalizan la formación de enlaces C-F a partir de S-adenosil-L-metionina (SAM) e iones fluoruro. No obstante, hasta la fecha solo se han reportado 16 fluorinasas con actividad enzimática confirmada, existiendo escasa literatura sobre su empleo como biocatalizadores para sintetizar compuestos organofluorados. El objetivo de este trabajo es el diseño racional de nuevas fluorinasas asistido por descriptores multidimensionales, análisis de dinámica molecular y herramientas basadas en inteligencia artificial. Nuestro enfoque se basa en el uso de ProteinMPNN, un método de diseño de secuencias de proteínas basado en aprendizaje profundo combinado con análisis fisicoquímico in silico analizando el eje secuencia-estructura-función usando potenciales electrostáticos (APBS), potenciales de interacción con fluoruro (CMIP) y simulaciones de dinámica molecular, con la finalidad de identificar los mejores candidatos a ser expresados y estudiados en laboratorio. Hemos puesto a punto la estrategia de clonado, expresión y purificación de las flurinasas. También hemos realizado ensayos de fluoración enzimática con el objetivo de comparar los resultados obtenidos con las variantes naturales (WT) y las nuevas variantes diseñadas. Nuestra estrategia se propone como alternativa para expandir el restringido repertorio de fluorinasas funcionales disponibles para bioprocesos sostenibles.

ID 123 BT 20

Producción de celulasas a partir de microorganismos antárticos utilizando diferentes fuentes de carbono

María Florencia Risso Melazzi[1]; Mairan Guigou[1]; Paula Rodríguez[2]

[1] Dpto. de Ingeniería Bioquímica y Bioprocesos, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, UdelaR; [2] Laboratorio de Biocatálisis y Biotransformaciones, Dpto. de Biociencias, Dpto. de Química Orgánica, Facultad de Química, UdelaR

frisso@fing.edu.uy

La búsqueda de biocatalizadores activos a bajas temperaturas ha cobrado creciente interés debido a su aplicación en procesos industriales energéticamente eficientes. En este trabajo se estudió la producción enzimas celulolíticas, utilizando la levadura antártica Tausonia pullulans, para evaluar su potencial uso en bioprocesos que buscan valorizar la celulosa proveniente de residuos agroindustriales. Esta levadura cuenta con procesos metabólicos y fisiológicos que favorecen la producción de enzimas estables a bajas temperaturas y con elevada actividad específica. La selección de *T. pullulans* se realizó mediante un cribado cualitativo de actividad celulolítica en medio sólido con carboximetilcelulosa (CMC). La deconstrucción eficiente de la biomasa lignocelulósica en bioproductos sigue siendo una barrera importante para su utilización. Esto se debe principalmente a la heterogeneidad de la pared celular vegetal y su estrecha asociación con los polisacáridos estructurales (celulosa y hemicelulosa). La hidrólisis de la celulosa por microorganismos celulolíticos es producto de un grupo de enzimas que actúan sinérgicamente: las celulasas, que consisten principalmente en tres grupos de enzimas hidrolíticas (endoglucanasas, exoglucanasas y β-glucosidasas). En este contexto, se evaluaron distintas fuentes de carbono Avicel, CMC, Avicel-CMC y celulosa pretratada con ácido fosfórico (PASC), en condiciones aerobias a 20°C, con agitación orbital a 150 rpm, durante 120 h. El seguimiento de los cultivos se hizo por recuento en cámara de Neubauer y determinación de actividad enzimática. Los productos de hidrólisis se detectaron por reacción de los azúcares reductores con ácido dinitrosalicílico (DNS) y por HPLC. T. pullulans presentó actividad celulolítica destacando su potencial para ser utilizada en procesos de valorización de biomasa lignocelulósica a baja temperatura y en el desarrollo de biorrefinerías sostenibles.

ID 128

BT 21

Deep Count: desarrollo de una herramienta accesible basada en Deep Learning para el conteo automático de colonias bacterianas

Emmanuel Aristov[1,3];Ernesto Joaquín Díaz Silva[2,3]; Mario Gonzalez[2]; Armando Borrero[3]; German Traglia[1]

[1] Laboratorio de Biofísica Computacional, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República; [2] CENUR Litoral Norte, Universidad de la República; [3] Universidad Catolica del Uruguay

earis4499@gmail.com

El conteo de colonias bacterianas en placas de Petri es una práctica central en microbiología, indispensable en diagnóstico, investigación y control de calidad. Sin embargo, continúa realizándose en muchos laboratorios de forma manual, con alto consumo de tiempo, fatiga del observador y riesgo de variabilidad en los resultados. En este trabajo se propuso desarrollar una herramienta automatizada, accesible y de bajo costo para el conteo de colonias a partir de imágenes digitales, integrando visión artificial, Deep Learning y una interfaz gráfica de uso simple. Para ello, se implementó un modelo YOLOv11 entrenado con imágenes anotadas manualmente en Roboflow. El conjunto de datos incluyó 1252 imágenes con colonias, incorporándose además estrategias de aumento de datos para mejorar la robustez frente a cambios de iluminación, contraste y enfoque. La validación y el testeo se realizaron sobre 500 imágenes. Como parte del desarrollo, se generó un software compatible con Windows y Linux que permite cargar el modelo, ajustar el umbral de confianza y visualizar las detecciones en tiempo real. Los resultados mostraron una detección consistente en placas con distinta densidad de colonias, incluyendo colonias superpuestas y de tamaños variables. Frente al conteo manual, el sistema presentó en la mayoría de los casos un error bajo, habitualmente de 1 a 3 colonias por placa. Asimismo, el modelo alcanzó valores de precision de 0.8, recall 0.95 y y un mAP50 de 0.895, respaldando su capacidad de detección y generalización. En conjunto, Deep Count constituye una prueba de concepto sólida y con potencial de aplicación inmediata, capaz de democratizar el acceso a herramientas de automatización microbiológica y de aportar una solución concreta a una necesidad cotidiana del laboratorio.

ID 129 BT 22

Bioprospección de microorganismos antárticos productores de exopolisacáridos

Santiago Rodríguez Camejo[1]; Laura Camesasca[2]; María Eugenia Vila[2]

[1] Facultad de Ciencias; [2] Facultad de Ingeniería

santiago.jr@fcien.edu.uy

Los exopolisacáridos (EPS) son biopolímeros de alto peso molecular producidos y secretados al medio extracelular por una amplia variedad de microorganismos. Su composición y estructura son diversas, pudiendo estar constituidos por unidades repetitivas de uno o varios monosacáridos y presentar distintos sustituyentes que les confieren propiedades fisicoquímicas específicas, como crioprotección, protección frente a la radiación UV y retención de agua. Diversos estudios han demostrado que algunos EPS poseen actividad antitumoral, antiviral, antioxidante y capacidad de quelar metales pesados, lo que les otorga un importante potencial biotecnológico en áreas como la industria alimentaria, farmacéutica, cosmética y la biorremediación. En ambientes antárticos, caracterizados por bajas temperaturas, ciclos de congelamiento-descongelamiento y elevada radiación UV, la producción de EPS constituye una estrategia clave de adaptación microbiana. El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar el potencial de bacterias antárticas para la producción de EPS. Para ello, se aislaron bacterias a partir de muestras recolectadas en la Isla Rey Jorge (Islas Shetland del Sur, Antártida) utilizando medios R2A y TSA 1:10 incubados a 15 °C. En una primera instancia se llevó a cabo un screening semicuantitativo que permitió seleccionar cuatro cepas altamente productoras GL-8, P33, SU1 y SU3, identificadas a nivel de género mediante secuenciación del gen ARNr 16S como *Brucella* sp., *Flavobacterium* sp. y *Pseudomonas* spp. para el caso de SU1 y SU3 respectivamente. Cabe destacar, que dentro de las cepas productoras de EPS, también se encontraron cepas de los géneros *Rhodococcus, Pseudoarthrobacter, Nocardia* entre otros. Posteriormente, se realizó una caracterización parcial del EPS producido por las cepas seleccionadas. Para ello se determinó la composición de azúcares por HPLC, el contenido proteico mediante BCA y la actividad antioxidante mediante DPPH. Los cuatro EPS mostraron contenido de glucosa y arabinosa; P33 presentó además maltosa. El contenido proteico varió entre 15 y 330 mg/g de EPS. Todas las cepas mostraron actividad antioxidante, destacándose SU-3 con 73% de inhibición de radicales libres. Los resultados evidencian el potencial biotecnológico de microorganismos antárticos como fuente de EPS con posibles aplicaciones industriales y biomédicas.

ID 131 BT 23

La adición de quorum sensing modifican la distribución de subpoblaciones planctónicas/minerales de bacterias termófilas moderadas biolixiviantes en pirita y reducen la lixiviación en calcopirita

Luna Lopez[1]; Mario Vera Véliz[1]; Soeren Bellenberg[3]; Mark Dopson[3]; Emelie Nilsson[3]; Beatriz Salas[1]

[1] Instituto de Ingeniería Biológica y Médica. Departamento de Ingeniería de Minería. Escuela de Ingeniería. Pontificia Universidad Católica de Chile; [3] Centre for Ecology and Evolution in Microbial Model Systems (EEMiS), Linnaeus University, Kalmar, Sweden

mariovera@uc.cl

La biolixiviación es una alternativa sustentable al procesamiento convencional de minerales sulfurados, que emplea microorganismos acidófilos para catalizar la extracción de metales valiosos. Los consorcios microbianos mixtos compuestos por termófilos moderados, como *Sulfobacillus* y algunas especies de *Leptospirillum*, mejoran la eficiencia de extracción metálica a temperaturas elevadas en comparación con cultivos puros de mesófilos. Sin embargo, el quorum sensing (QS), mecanismo que regula las interacciones microbianas y probablemente influye en el rendimiento de la biolixiviación, no había sido estudiado en estas especies. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de compuestos de QS sobre el desempeño biolixiviante de un consorcio termófilo moderado compuesto por *Leptospirillum ferriphilum*, *Sulfobacillus thermosulfidooxidans* y *Acidithiobacillus caldus*. El consorcio fue tratado con factores de señal difusibles de QS de tipo (DSF/BDSF) y acil-homoserina lactonas (AHLs). Se evaluaron la oxidación del hierro, la colonización mineral, la composición de subpoblaciones mediante secuenciación del gen 16S rRNA y los cambios transcriptómicos mediante secuenciación de RNA. El tratamiento con DSF redujo la disolución de pirita y calcopirita mediante inhibición de la oxidación del hierro y la colonización mineral. Los compuestos de QS modificaron la distribución de las subpoblaciones planctónica y adherida al mineral: los DSF indujeron la motilidad y dispersión de *A. caldus* desde la pirita, con una expansión concomitante de *L. ferriphilum* en la superficie mineral. En contraste, el sistema de QS mediado por AHLs reprimió la motilidad de *L. ferriphilum*. Adicionalmente, las moléculas de QS activaron mecanismos de detoxificación como respuesta al efecto perjudicial de altas concentraciones de ácidos grasos sobre las células. Estos resultados demuestran que el QS regula interacciones microbianas clave en consorcios termófilos moderados, abriendo la posibilidad de optimizar la biolixiviación de calcopirita mediante la modulación de estas señales de comunicación bacteriana.

ID 136

BT 24

Xanthophyllomyces dendrorhous como plataforma microbiana para la producción dual de astaxantina y AgNPs a partir de biomasa lignocelulósica

Camila Rodriguez[1]; Eugenia Vila[1]; Claudia Lareo[1]; Silvana Alborés[2]

[1] Departamento de Ingeniería Bioquímica y Bioprocesos, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [2] Departamento de Biociencias (DEPBIO), Área de Microbiología, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

crodriguez@fing.edu.uy

Los carotenoides, en particular la astaxantina (AXT), poseen alto valor biotecnológico por sus propiedades antioxidantes y aplicaciones industriales. La producción microbiana mediante *Xanthophyllomyces dendrorhous* surge como alternativa sostenible a la síntesis química. Por su parte, las nanopartículas de plata (AgNPs) son nanomateriales de alto valor debido a sus propiedades antimicrobianas y su aplicación en sectores farmacéuticos, cosméticos y agroalimentarios. En este contexto, la capacidad de X. dendrorhous de producir AXT y AgNPs, junto con el uso de residuos lignocelulósicos, constituye una estrategia innovadora de valorización de biomasa en el marco de la biorrefinería y la economía circular. El objetivo de este trabajo fue evaluar el uso de la fracción celulósica del aserrín de eucalipto como fuente de carbono para la producción de AXT y la síntesis de AgNPs. Para ello el aserrín fue sometido a explosión de vapor (200 °C, 10 min) en un equipo pre-piloto semicontinuo, seguido de hidrólisis enzimática. La producción de AXT se realizó en un biorreactor de 1 L con medio basado en hidrolizado, manteniendo 10% de oxígeno disuelto mínimo, durante 7 días a 20 °C, obteniéndose 7.5 g/L de biomasa y 1592 µg/L de AXT. La biomasa residual fue empleada para la biosíntesis de AgNPs mediante un exudado fúngico (0,1 g/mL, 24 h), incubado con 5 mM AgNO3 a 28 °C, 7 días. La formación de nanopartículas se monitoreó por espectrofotometría UV-Vis., evidenciándose por la aparición del pico de resonancia de plasmón superficial (~420 nm). Las AgNPs fueron purificadas y caracterizadas. Este enfoque permite una valorización integral de la biomasa, integrando la producción de un pigmento antioxidante con la obtención de nanomateriales de alto valor. En conjunto, los resultados demuestran la viabilidad del proceso y su potencial como plataforma biotecnológica de valorización dual basada en levaduras no convencionales.

ÁREA AMBIENTAL

ID 3

AMB 01

Vivir en el frío: ¿cómo la temperatura modifica el proteoma de un metanótrofo antártico?

Diego M. Roldán[1,2]; César X. García-Laviña[3]; Javier Menes[1,2]

[1] Laboratorio de Ecología Microbiana Medioambiental, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, UdelaR, Uruguay; [2] Laboratorio de Microbiología, Unidad Asociada del Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay; [3] Sección Bioquímica, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay

droldan@fcien.edu.uy

Las metanótrofas constituyen un importante sumidero biológico de metano. Sin embargo, se desconocen los mecanismos moleculares de aclimatación térmica que sufren en ecosistemas polares, donde el aumento de temperatura asociado al cambio climático puede modificar significativamente su fisiología. En este estudio se investigaron las respuestas proteómicas dependientes de la temperatura de '*Candidatus Methylobacter titanis*', un metanótrofo antártico recuperado de sedimentos lacustres de la Antártida marítima. El objetivo fue comprender las estrategias fisiológicas que sostienen la oxidación de metano bajo distintos regímenes térmicos. Para ello se aclimataron los cultivos incubándolos a 5 y 20°C, representando condiciones ambientales similares a la del ambiente *in situ* (en verano) y un extremo térmico elevado, respectivamente. El análisis proteómico reveló una reorganización del proteoma inducida por la temperatura y 148 proteínas mostraron abundancias diferenciales significativas. A 5°C, el perfil proteómico estuvo dominado por proteínas asociadas a motilidad, quimiotaxis, adhesión, formación de biopelículas, remodelación de la envoltura celular y estrategias de conservación de carbono y energía. Además las condiciones frías favorecieron la activación del metabolismo C1, incluyendo la detección exclusiva de una metanol deshidrogenasa, un aumento de las enzimas de oxidación de formiato, de las proteínas de respiración alternativa acoplada a sodio (complejo NQR), biosíntesis de glucógeno y una regulación coordinada de la maquinaria de transcripción y traducción. Estas respuestas sugieren una estrategia orientada a la supervivencia y al uso eficiente de recursos en ambientes fríos energéticamente limitantes. En contraste, el crecimiento a 20°C indujo un perfil proteómico compatible con estrés térmico moderado, caracterizada por mayor abundancia de chaperonas moleculares, proteasas, proteínas regulatorias asociadas al ribosoma, enzimas antioxidantes y componentes del divisoma. En conjunto, los resultados evidencian una marcada plasticidad proteómica de '*Ca. Methylobacter titanis*' sosteniendo la oxidación de metano bajo diferentes condiciones, sugiriendo una capacidad de respuesta frente a fluctuaciones térmicas en ecosistemas polares.

ID 13 AMB 02

Emisiones de N_2O en la Antártida marítima: comunidades microbianas desnitrificantes a bajas temperaturas

Micaela González Steffano[1]; Andrea Martínez Pereyra[1]; Angela Cabezas da Rosa[2]; Claudia Etchebehere Arenas[1]; Patricia Bovio-Winkler[1,2]

[1] Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Centro de Investigación en Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; [2] Laboratorio de Microbiología Ambiental y Biotecnología, Unidad Tecnológica de Gestión de Recursos Naturales, Universidad Tecnológica del Uruguay, Uruguay

mgsteffano16@gmail.com

El acelerado deshielo en la Antártida expone nuevas superficies de suelo al intercambio de nutrientes, alterando los ciclos biogeoquímicos. En este contexto, se ha observado un aumento en las concentraciones de óxido nitroso (N_2O), lo que resalta la importancia de comprender los procesos microbianos que lo producen. La desnitrificación es una vía clave del ciclo del nitrógeno, en la cual microorganismos reducen secuencialmente NO_3^- y NO_2^- hasta N_2 en condiciones anaeróbicas, generando intermediarios como el N_2O, un gas de efecto invernadero con un potencial de calentamiento más de 300 veces superior al CO_2. Dado que es una fuente biológica de N_2O, resulta fundamental estudiar las comunidades microbianas en suelos antárticos. El objetivo de este trabajo es caracterizar las comunidades microbianas de suelos antárticos involucradas en la desnitrificación. Para ello se realizaron microcosmos anaeróbicos con medio mínimo mineral suplementado con acetato y nitrato de potasio (pH 7), inoculados con muestras de seis sitios de la Antártida marítima e incubados a 4°C. Los sitios incluyeron áreas con distintos niveles de impacto: un sitio sin presencia humana ni fauna permanente (Half Three Point), sitios con impacto antrópico (Playa de la Base y Lago Uruguay), uno con influencia de mamíferos marinos (Playa Drake) y dos con fuerte impacto por colonias de pingüinos (Isla Ardley). Se realizaron subcultivos sucesivos conforme se consumía nitrato. La diversidad microbiana fue evaluada mediante secuenciación masiva de amplicones del gen ARNr 16S en muestras de suelo original, primer y cuarto subcultivo. Los suelos originales presentaron comunidades diversas y heterogéneas, sin géneros dominantes, mientras que *Pseudomonas* dominó (> 80%) en todas los microcosmos; sin embargo, no puede asegurarse que correspondan a las mismas especies. Su predominio plantea si refleja un rol funcional clave en la desnitrificación antártica o si otros desnitrificantes no se recuperan bajo estas condiciones por sesgo de cultivo.

ID 20 AMB 03

Caracterización de *Alternaria* spp. en trigo uruguayo y su respuesta a fungicidas triazoles

Gianella Brancatti[1]; Gabriela Garmendia[1]; Silvia Pereyra[2]; Silvana Vero[1]

[1] Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay; [2] INIA, Uruguay

gia@fcien.edu.uy

El trigo es uno de los principales cultivos de invierno producidos en Uruguay y su rendimiento puede verse afectado por enfermedades fúngicas. *Alternaria* es uno de los géneros más comúnmente encontrados en los granos de cereales, y presenta una alta incidencia. La identificación de *Alternaria* spp. no solo es útil para definir su taxonomía, sino también es de gran importancia para evaluar el riesgo toxicológico debido a la capacidad de algunas especies dentro de este género de producir micotoxinas. Además, no existe un método de control específico para estos hongos; generalmente, los triazoles se encuentran entre los fungicidas más comúnmente utilizados para el control de enfermedades del trigo y se han usado extensamente, durante muchos años en Uruguay. En este sentido, el objetivo de este estudio es determinar la incidencia de *Alternaria* spp. a partir de 70 muestras de acopio de trigo aparentemente asintomático proveniente de la zafra 2022 de diferentes regiones de Uruguay, identificar las especies involucradas mediante métodos moleculares y posterior secuenciación, y caracterizar estos aislamientos de acuerdo a su sensibilidad a triazoles comúnmente utilizados. El porcentaje de infección por *Alternaria* varió entre 19% y 91% con una media de 62%. Se obtuvieron 560 aislamientos, de los cuales el 70,4% fueron identificados como *A. alternata*, el 28,4% como *A. tenuissima* y el 1,2% como *A. infectoria*. Se seleccionaron 60 representantes de morfotipos y se estudió su sensibilidad a fungicidas, obteniéndose valores promedio de CE_{50} de 6,84 ppm para tebuconazol, 1,78 ppm para epoxiconazol, 1,45 ppm para metconazol y 22,16 ppm para protioconazol. Estos resultados constituyen el primer reporte de *Alternaria* spp. en trigo uruguayo y los primeros valores conocidos de CE_{50} para su sensibilidad a fungicidas triazoles, aportando información valiosa para el desarrollo de estrategias de manejo integrado.

ID 28 AMB 04

Diversidad y abundancia de genes del ciclo del N según el uso del suelo en las Planicies del Este

Gastón Azziz de los Santos[1]; Gabriela Illarze[1]; Germán Pérez[1], Patricia Vaz-Jauri[2]

[1] Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; [2] Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay.

gazziz@gmail.com

En la región de las Planicies del Este de nuestro país se localizan comunidades de pastizales que albergan varias especies nativas, algunas con aptitud forrajera o de interés para la conservación. Sin embargo, el cambio en el uso del suelo ha provocado una reducción del área ocupada por el pastizal natural. El cultivo de arroz, que se rota con pasturas para ganadería, es el principal uso en la zona. El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto del cambio de uso del suelo, desde pastizal natural a pastura sembrada y arroz, en la composición poblacional de distintos genes implicados en el ciclo del nitrógeno. Para ello, analizamos metagenomas obtenidos de 6 sitios donde se encontraban los 3 usos del suelo. Los metagenomas se analizaron mediante el pipeline SqueezeMeta, utilizando como referencia la base de datos del NCBI. Las tablas de abundancia de genes se construyeron a partir de anotaciones obtenidas en KEGG. Se construyeron tablas para distintos genes implicados en la nitrificación, desnitrificación, fijación biológica del nitrógeno, reducción asimilatoria del nitrato y asimilación de amonio. Con los resultados obtenidos se calcularon las abundancias relativas de los taxones identificados para cada gen, así como los distintos índices de diversidad de los genes. La abundancia total de cada gen fue expresada en tpm (transcript per million). La significancia estadística de las variables univariadas se evaluó mediante contrastes pareados (Hedges' g). Las poblaciones obtenidas se compararon mediante NMDS y PERMANOVA (pareado). El gen *nifH*, marcador de la fijación, fue más abundante y diverso en las parcelas de arroz que en el campo natural y en la pastura sembrada. Mientras que en la desnitrificación, los genes *nirK* y *nosZ* fueron más abundantes y diversos en arroz, pero el gen *nirS* no mostró diferencias.

ID 34 AMB 05

Caracterización microbiológica y agronómica de bioinsumos de elaboración predial empleados en sistemas lecheros en transición agroecológica

Enzo Calzada Rodríguez[1,2]; Federico Battistoni[1,2]; Gastón Azziz[3]; Lucía Ferrando[4]; Adriana Montañez[5]; María Morel[5]; Fabiana Pezzani[6]; Raúl Platero[1,2]; María Inés Siri[4]; Cecilia Taulé[1,2]; Patricia Vaz[5]; Santiago Alzugaray[7]; Victoria Evia[8]; Yoseline González[8]; Thiago Rodríguez[8]; Florencia Sosa[8]; Javier Taks[8]; Natalia Bajsa[1,2]

[1] Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, MEC, Montevideo, Uruguay; [2] Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales, IIBCE - MEC, Uruguay; [3] Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Udelar; [4] Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar; [5] Laboratorio de Microbiología de Suelos, Facultad de Ciencias, Udelar; [6] Departamento de Sistemas Ambientales, Facultad de Agronomía; [7] Unidad Académica de la Comisión Sectorial de Investigación Científica, Prorectorado de Investigación, Udelar, Uruguay; [8] Departamento de Antropología Social, Facultad de Humanidades y Ciencias de la Educación, Udelar, Uruguay.

ecalzada@iibce.edu.uy

La dependencia de agroquímicos en la producción de forraje genera graves problemas de sustentabilidad económica y ambiental. En Uruguay, los productores agroecológicos o aquellos en transición han adoptado el uso de bioinsumos de elaboración predial en sus paquetes productivos, utilizándolos como promotores del crecimiento vegetal. El presente trabajo se enmarca en un proyecto que tiene como objetivo la caracterización social, microbiológica y agronómica de los biopreparados: Bostol, Microorganismos Efectivos (EM) y Microorganismos Eficientes Nativos (MEN). La composición de las comunidades microbianas y la estabilidad de diferentes lotes se analizaron mediante recuentos de grupos microbianos y secuenciación masiva de regiones del ARNr 16S e ITS2. La evaluación agronómica se realizó mediante ensayos de promoción del crecimiento vegetal (PCV) en cultivos de avena (*Avena sativa*) y alfalfa (*Medicago sativa*) en condiciones de invernáculo. Los resultados indicaron que los bioinsumos evaluados presentan diferencias significativas en la composición microbiana inicial y que su estabilidad es de 3 meses para EM y MEN y de 1 mes para Bostol. Asimismo, todos los productos presentan capacidad de PCV, aumentando significativamente el crecimiento vegetativo de los cultivos forrajeros evaluados. Estos resultados aportan evidencia clave para la futura validación del uso de bioinsumos de elaboración predial, constituyendo herramientas fundamentales para reducir la dependencia de insumos de origen industrial y fortalecer la sostenibilidad de los sistemas productivos.

Financiación: CSIC-VSUP-UdelaR, ANII, PEDECIBA, IIBCE

ID 38 AMB 06

Diversidad funcional y estructural de las comunidades microbianas del suelo en sistemas hortícolas con policultivos

Matilde Panzera[1,2]; Natalia Bajsa[1,2]; Gabriela Illarze[3]; Santiago Irurrueta[4]; Camila Franco[4]; Pablo González Barrios[5]; Mariana Scarlato[4]

[1] Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, MEC, Montevideo, Uruguay; [2] Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales, IIBCE - MEC, Uruguay; [3] Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UdelaR, Montevideo, Uruguay; [4] Departamento de Producción Vegetal, Centro Regional Sur, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Canelones, Uruguay; [5] Departamento de Biometría, Estadística y Computación, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

matildepo2001@gmail.com

Los sistemas hortícolas deben producir alimentos saludables y reducir su impacto ambiental. Para ello es esencial mantener la salud del suelo y reducir el uso de agroquímicos. Los sistemas agroecológicos persiguen estos objetivos a través del manejo de la biodiversidad en tiempo y espacio. La diversificación de los cultivos promueve una mayor actividad y diversidad microbianas, claves en la regulación de la fertilidad del suelo y la nutrición vegetal. Esta investigación propone evaluar el efecto del manejo de policultivos hortícolas respecto a monocultivos sobre indicadores de calidad biológica del suelo. El experimento, ubicado en el CRS (Facultad de Agronomía), comenzó en febrero de 2024 y tiene una duración de 3 años. Se realiza con manejo orgánico y consiste en un sistema de policultivos a campo distribuídos en bloques, intercalando canteros (1,6 m de ancho) de una rotación a tres años. Los cultivos incluidos son papa, cebolla y calabacín-maíz-poroto, junto a abonos verdes de leguminosas y gramíneas de ciclos invernales (avena-trébol alejandrino, trigo-vicia, trigo-lupino), y estivales (moha-soja). Se realizó un muestreo de suelo al inicio y 4 muestreos próximos a la cosecha de cada cultivo comercial. Como indicadores de actividad y diversidad funcional de la comunidad microbiana se analizó la enzima deshidrogenasa, la respiración basal y la inducida por sustrato mediante el sistema MicroResp™. Además, se caracterizó la diversidad estructural de la comunidad microbiana por secuenciación masiva de ADN. La respiración inducida por sustratos varió a lo largo del tiempo, probablemente debido a las condiciones ambientales o a los cultivos presentes. A partir de la fecha 4 se observó mayor diversidad funcional en el tratamiento policultivo respecto al monocultivo, indicando un efecto acumulativo en el cambio de uso del suelo. El análisis de composición de las comunidades de hongos y bacterias permitirá comprender qué microorganismos están involucrados en dichos cambios.

ID 42 AMB 07

Coocupación de nódulos de alfalfa por cepas eficientes de *Ensifer meliloti* e ineficientes de *Rhizobium favelukesii*

Andrés Berais Rubio[1]; Gastón Azziz[2]; Jorge Monza[3]; María Morel[3]

[1] Facultad de Agronomia; [2] Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; [3] Laboratorio de Microbiología de Suelos, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay.

aberais@fagro.edu.uy

La infección de nódulos de leguminosas por más de una cepa de rizobio, fenómeno conocido como coocupación, puede tener consecuencias relevantes sobre la eficiencia de la fijación biológica de nitrógeno (FBN). Su impacto sobre el rendimiento de los cultivos ha sido escasamente explorado, especialmente en condiciones de campo. Trabajos previos demostraron que, en condiciones de laboratorio, la frecuencia de coocupación de nódulos de alfalfa (*Medicago sativa*) puede alcanzar el 100% y que la coocupación de hasta el 50% de los nódulos por una cepa élite de *Ensifer meliloti* y una cepa parásita-ineficiente de *Rhizobium favelukesii* no afecta significativamente la producción de biomasa. En este trabajo se evaluó la ocupación de nódulos de alfalfa inoculada con *E. meliloti*, *R. favelukesii* y con ambas en condiciones de laboratorio, o inoculada con *E. meliloti* en campo. Para esto se usó la amplificación y secuenciación masiva del gen *nodC* (Illumina MiSeq, ~10.000 lecturas por muestra). Este marcador genético permitió identificar secuencias homólogas del gen *nodC* de *E. meliloti* y de *R. favelukesii* dentro de un mismo nódulo. En condiciones de laboratorio, se halló una abundancia relativa mayor de ASVs de *E. meliloti*. que de *R. favelukesii* en nódulos eficientes, y al contrario, en ineficientes. En condiciones de campo se observó la presencia de ambas especies en todos los nódulos analizados, con una mayor presencia de *E. meliloti*. Los resultados obtenidos contribuyen a estimar la frecuencia de coocupación en ambos contextos experimentales y su impacto sobre la eficiencia de la FBN.

ID 43 AMB 08

Pigmentos Antárticos: bacterias como componentes de celdas DSSC

Florencia Acosta Oroña[1]; Vanesa Amarelle[2]; María Fernanda Cerdá Bresciano[3]

[1] Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay; [2] Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; [3] Laboratorio de Biomateriales, IQB, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay

florencia.acosta@fcien.edu.uy

Las celdas solares a base de pigmentos (DSSC) son dispositivos capaces de transformar la luz en energía eléctrica, donde los pigmentos cumplen un rol central en la captación de la luz y la generación de electrones. Los pigmentos utilizados en las mismas pueden ser de origen natural o sintético. En este trabajo se evaluaron pigmentos extraídos de bacterias de origen antártico como posibles sensibilizantes de los fotoánodos. Los pigmentos fueron extraídos de las cepas *Arhtrobacter* sp. UYP4, *Rhodococcus* sp. UYP5, *Arhtrobacter* sp. UYP6, *Pseudomonas* sp. UYF39 (mutante en la vía del homogenistato que sobreproduce piomelanina) y *Duganella* sp. Vo. Los pigmentos obtenidos, fueron caracterizados en trabajos previos por espectroscopia UV-visible y por voltamperometría cíclica para determinar sus potenciales redox. De acuerdo a nuestros resultados, los extractos estaban compuestos mayoritariamente por carotenoides y violaceína. Para ser aplicados como sensibilizantes, los compuestos deben cumplir con una serie de requisitos, entre ellos el de poseer grupos funcionales que les permitan unirse por enlace al dióxido de titanio de las celdas, el de tener una buena capacidad de absorción de la luz en el rango visible del espectro, y el de poseer potenciales redox adecuados para transferir electrones al titanio y luego aceptarlos de la cupla contenida en el electrolito. De todos los pigmentos analizados, solo algunos de ellos mostraron buenas características espectrales y redox para ser aplicados como sensibilizantes. Los extractos de UYP4 y Vo fueron finalmente seleccionados y probados como sensibilizantes en el armado de celdas DSSC tanto individualmente como mezclados en cócteles de impregnación. Estas celdas fueron caracterizadas electroquímicamente para conocer su eficiencia de conversión bajo condiciones de iluminación estándar usando un simulador solar. Al usar los extractos provenientes de la cepa UYP4, las DSSC armadas alcanzaron una eficiencia promedio del 0.033%, superior a las alcanzadas al usar los extractos de Vo (0.023%) y a los reportados usando otras cepas del género (0.01%). Al combinar pigmentos, añadir Vo a UYP4 mejoró la eficiencia a 0.026%, pero la mezcla inversa no superó el 0.033% original de UYP4.

ID 48 AMB 09

Integración de análisis funcionales y genómicos en la caracterización de bacterias promotoras del crecimiento vegetal para el control biológico en cultivos hortícolas

Andrés Costa[1,2,3]; Sofia Zeballos-Gorón[3]; María Inés Siri[4]; Federico Battistoni[1,2]

[1] Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismos. Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable - MEC, Uruguay; [2] Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable - MEC, Uruguay; [3] Laboratorio de Microbiología Molecular, Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República; [4] Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar

andrescosta1991@gmail.com

La horticultura constituye un sector clave dentro de la producción agrícola uruguaya, ya que asegura el acceso de la población a alimentos frescos y de calidad. Sin embargo, su rendimiento y calidad se ven limitados por la ocurrencia de enfermedades de origen bacteriano y fúngico. Frente a este desafío, la estrategia utilizada ha sido la aplicación de paquetes tecnológicos basados en agroquímicos, lo que plantea serias limitaciones en términos de sostenibilidad social, económica y ambiental. En este contexto, el objetivo de este trabajo es seleccionar y caracterizar bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PCV) con potencial para el control biológico de fitopatógenos en cultivos de papa, tomate y cebolla. Para esto se seleccionaron 49 cepas de los géneros *Streptomyces*, *Bacillus*, *Paenibacillus*, *Priestia* y *Brevibacillus*, a partir de colecciones previamente construidas en el laboratorio. Estas se caracterizaron en cultivos duales frente a diversos fitopatógenos bacterianos y fúngicos (*Xanthomonas prunicola*, *Xanthomonas vesicatoria*, *Xanthomonas translucens*, *Xanthomonas gardneri*, *Ralstonia solanacearum*, *Streptomyces scabies*, *Streptomyces acidiscabies*, *Pantoea ananatis*, *Pantoea allii*, *Pantoea agglomerans*, *Rhizoctonia solani*, *Botrytis cinerea*, *Penicillium expansum*, *Fusarium graminearum*, *Fusarium verticillioides* y *Alternaria alternata*), resultando todos susceptibles contra al menos una de las cepas evaluadas. Las cepas más promisorias fueron seleccionadas para la secuenciación de su genoma. A partir del análisis *in silico* con herramientas como antiSMASH, se identificaron 790 clusters genéticos potencialmente involucrados en la biosíntesis de compuestos bioactivos. Utilizando BiG-SCAPE y MIBiG se obtuvo una visión integral del potencial biosintético, permitiendo seleccionar cepas promisorias para ensayos en planta. En base a estos resultados, se seleccionaron 12 cepas para continuar con ensayos de protección de enfermedad frente a *Clavibacter michiganensis* en plantas de tomate. En paralelo, se están evaluando diferentes características PCV (solubilización de fosfatos y producción de: ácido indolacético, sideróforos, celulasas, hemicelulasas, xilanasas, beta-glucosidasas, proteasas y peroxidasas), mediante ensayos *in vitro* y minería genómica.

ID 51 AMB 10

Soil management shapes plant responsiveness to rhizosphere bacterial inoculation: single strains versus consortium

Mariana Urraburu[1]; Doreen Babin[2]; Carolina Leoni[1]; Simon Lewin[2]; Ruben Nuñez[1]; Niklas Plag[2]; Mariana Silvera[1]

[1] INIA, Uruguay; [2] JKI

murraburu@inia.org.uy

Soil management drives plant–microbe interactions, affecting the outcome of microbial inoculation strategies. In this study, we evaluated the effects of oat (*Avena sativa*) seed inoculation with rhizosphere bacterial inoculants. A five-week greenhouse experiment was conducted using a randomised complete block design (6 repetitions), with three soils and five seed coating treatments. Soils were obtained from a long-term field experiment at INIA Las Brujas – Uruguay, with contrasting management histories (CTMF -conventional tillage and mineral fertilisation, RTOF - reduced tillage and organic fertilisation, and UND - undisturbed soil as control). Seed coating treatments were single bacterial isolates (*Agrobacterium fabrum* (3IV10), *Pseudomonas umsongensis* (4IV7), *Ensifer adhaerens* (5II23)), a consortium (CON) composed with the three isolates, and a non-inoculated control. We assessed plant growth and chlorophyll content, root growth, rhizocompetence (bacteria cfu) and rhizosphere microbial community composition using amplicon sequencing. Plant responses were strongly soil-dependent. UND behaved distinctly, with lower chlorophyll content but higher root biomass and greater responsiveness to inoculation compared to CTMF and RTOF. This soil, characterised by higher biological activity and favourable structure, appeared to enhance soil–plant–microbe interactions, suggesting a shift towards root development. Inoculant performance varied, with 3IV10 showing the most consistent positive effects on root volume and chlorophyll content. CON did not outperform single isolates despite higher cfu, indicating that colonisation alone does not necessarily translate into plant benefit. CTMF behaved as a more restrictive system, while RTOF showed intermediate and stable responses. Inoculants 3IV10, 5II23, and CON were most affected by soil management, showing strong soil-dependent responses, with effect sizes reaching up to ~60% variation in root volume, ~50% variation in shoot biomass, and ~16% variation in chlorophyll content across soils. Overall, soil management was a key factor shaping plant responses to inoculation, and microbial establishment alone was not a reliable predictor for plant benefit.

ID 52 AMB 11

Dinámica de comunidades microbianas del suelo bajo puentes verdes de verano con leguminosas en Uruguay

Mateo Vega Ferre[1]; Veronica Berriel[2]; Maria Morel Revetria[1]; Patricia Vaz Jauri[1]

[1] Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay; [2] Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.

mvega@fcien.edu.uy

Los puentes verdes de verano (PVV) son cultivos de cobertura que se siembran en época estival entre cultivos de renta invernales. Los PVV basados en leguminosas constituyen una estrategia eficaz para incrementar los aportes de nitrógeno (N) al suelo, puesto que de su asociación simbiótica con rizobios surge la fijación biológica de nitrógeno. Con ellos, además se generan residuos con baja relación C/N, lo que acelera su descomposición y mejora la disponibilidad de nutrientes para los cultivos sucesores. En Uruguay se están evaluando PVV basados en *Crotalaria* spp. y *Cajanus cajan*. Ninguna de estas leguminosas cuenta con inoculante propio, aunque se cuenta con una cepa autóctona aislada de *Crotalaria ochroleuca*, identificada como *Bradyrhizobium monzae* Oc8 que se está evaluando a campo. En este contexto, se evaluaron en dos años consecutivos, la inoculación de *Crotalaria* spp. y/o *Cajanus cajan* con la cepa Oc8, y la siembra posterior de trigo. Los objetivos fueron evaluar la productividad de los PPV y del trigo, y analizar los cambios en las comunidades microbianas del suelo durante ambos cultivos. Para ello, se recolectaron muestras de suelo en la siembra y en la matanza de PVV, y en la siembra y en la cosecha de trigo. En ambos años se detectaron cambios en la comunidad microbiana (procariota y fúngica) del suelo asociados principalmente al momento de muestreo, pero no al cultivo de PVV, que tampoco afectó la respiración basal de los suelos. Los cambios en las comunidades microbianas se observaron a nivel de diversidad alfa y riqueza, abundancia relativa y composición de la comunidad. De los nódulos de los PPV se aislaron rizobios autóctonos, identificados como *Bradyrhizobium* spp., aunque ninguno coincidió con la cepa Oc8. *Crotalaria juncea* destacó como PVV en productividad vegetal, mientras que el rendimiento de trigo no se vió afectado por el cultivo de PVV previo.

ID 54 AMB 12

Evaluación mediante qPCR de la colonización de *Azospirillum* en raíces y rizósfera de plantas de soja tras la inoculación de las semillas

Natalia Rodriguez[1]; Rebeca Gonnet[1]; Mauricio Pesce[1]; Andrea Rodríguez Blanco[1]

[1] Microbiología, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UdelaR, Uruguay.

nrodriguez@fagro.edu.uy

Azospirillum es un género de bacterias promotora del crecimiento vegetal capaz de asociarse con múltiples especies vegetales. En Uruguay la co-inoculación de semillas de soja con cepas de rizobios y *Azospirillum* es una práctica que está siendo incorporada y se necesitan estudios que aporten conocimientos sobre esta interacción. Factores como la especie vegetal y el ambiente inciden en el éxito de un bioinsumo determinando su sobrevivencia y capacidad de asociación con las plantas. Para evaluar los inoculantes en diferentes matrices y hacer seguimiento de ensayos se hace necesario contar con una metodología específica, sensible y rápida que permita su cuantificación. El objetivo de este trabajo fue evaluar la colonización de *Azospirillum* en semillas, raíces y suelo rizosférico de plantas de soja en ensayos controlados utilizando sustrato estéril o suelo. Se realizaron dos ensayos en condiciones controladas utilizando semillas inoculadas con *Bradyrhizobium elkanii* (U1301 y U1302), uno con sustrato estéril y otro en suelo. En ambos se definieron dos factores: el genotipo de soja (Don Mario y Génesis) y la co-inoculación con Graminosoil (Lage y Cia) que combina dos cepas de *Azospirillum* (Az39 y CFN535). Para la cuantificación de *Azospirillum* en raíces y suelo rizosférico se validó la metodología de qPCR utilizando cebadores específicos (Azo-WM). Se verificó la amplificación de ambas cepas de *Azospirillum* y la no amplificación de *Bradyrhizobium*. Se realizaron curvas de calibración mediante la adición de diluciones seriadas de un cultivo de *A. argentinense* Az39 a raíces y suelo. El rango de linealidad fue de 10 a 10e5 ufc/mg para ambas matrices. Los resultados preliminares en tratamientos inoculados, sugieren la presencia de *Azospirillum* en raíces de plantas en sustrato estéril y en semillas pero no se detectó en rizósfera ni raíces de plantas en suelo. Indicando que la microbiota o condiciones fisicoquímicas del suelo dificultó la colonización.

ID 62 AMB 13

¿Qué nos dicen los hongos en los sistemas secundarios de distribución de agua potable? Su relación con la calidad microbiológica en edificios urbanos de Montevideo

Soledad Martínez[1]; María Pía Cerdeiras[1]; Isabel Douterelo[2]; Umer Ijaz[3]

[1] Unidad de Análisis de Agua, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, UdelaR, Uruguay; [2] School of Mechanical, Aerospace, and Civil Engineering, The University of Sheffield, Sheffield, United Kingdom; [3] Infrastructure and Environment Research Division, James Watt School of Engineering, University of Glasgow, Glasgow, United Kingdom.

msmartinez@fq.edu.uy

Los sistemas secundarios de distribución de agua potable, particularmente los tanques de almacenamiento son infraestructuras críticas, pero frecuentemente subestimadas en términos de calidad microbiológica. Si bien la mayoría de los estudios se han centrado en bacterias, el rol de los hongos en estos sistemas permanece poco explorado, a pesar de su potencial impacto en la calidad del agua y la salud pública. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la diversidad fúngica en tanques de almacenamiento de agua potable de edificios residenciales y hospitalarios en Montevideo, y evaluar su relación con parámetros microbiológicos tradicionales y la presencia de patógenos oportunistas (POs). Para ello se muestrearon 5 tanques elevados de concreto y se recolectaron muestras de agua (1 L), sedimento (500 mL) y biofilm (área: 10×10 cm). Se determinaron mediante cultivo: coliformes totales, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* y heterótrofos y mediante qPCR: *P. aeruginosa*, *Acanthamoeba* spp., *Mycobacterium* spp., *Mycobacterium avium* y *Legionella pneumophila*. La comunidad fúngica fue caracterizada mediante secuenciación de amplicones ITS2, procesados con QIIME2 y VSEARCH. El análisis estadístico incluyó modelos lineales y mixtos (LM/LMEM). No se detectaron POs mediante qPCR en ninguna de las muestras. Sin embargo, se encontraron indicadores microbiológicos establecidos en la normativa nacional de agua potable (UNIT 833:2008) en todas las muestras de agua, sedimento y en la mayoría de los biofilms. El análisis fúngico reveló asociaciones entre géneros específicos y la presencia de coliformes y *P. aeruginosa*. Asimismo, se observaron patrones diferenciales según la fase (agua, biofilm o sedimento), y variaciones estacionales y asociadas a características del sistema. Estos resultados evidencian un deterioro microbiológico significativo y muestran que las comunidades fúngicas se estructuran según la fase y las condiciones del sistema. La asociación observada entre ciertos géneros fúngicos y los indicadores bacterianos sugiere que ambos componentes reflejan dinámicas ecológicas compartidas en estos sistemas.

ID 65 AMB 14

Análisis de parámetros fisicoquímicos y biológicos asociados a un experimento piloto de restauración de calidad de agua en el “Lago chico” de INIA La Estanzuela

Guillermina Aguirre Souza[1]; Camila Moreira Muñoz[1]; Lucía Boccardi[2]; Agustín Caffarena[2]; María Teresa Federici[3]; Tamara Fernández Calero[1,4]; Diana Miguez[2]; Andrés Quincke[3]; Claudia Simón[3]; Nicolás Vidal[5]

[1] Universidad Católica del Uruguay, Uruguay; [2] Latitud - Fundación LATU, Uruguay; [3] Área Recursos Naturales, Producción y Ambiente, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay; [4] Unidad de Bioinformática, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay; [5] Laboratorio de Zoología de Vertebrados, Departamento de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay.

guilleaguirresouza@gmail.com

La eutrofización es una problemática ambiental que ocurre por el aumento excesivo de nutrientes en el agua, deteriorando su calidad y alterando las condiciones naturales del sistema, pudiendo restringir sus usos y generar impactos ecológicos, sanitarios y económicos a escala regional. Como consecuencia, se favorece el crecimiento de floraciones de cianobacterias, implicando cambios en la estructura y dinámica de las comunidades microbianas acuáticas, que producen metabolitos secundarios como cianotoxinas capaces de afectar a la biota acuática y terrestre, incluidos los seres humanos. El objetivo es evaluar la eficiencia y los efectos de la aplicación de productos químicos basados en procesos de oxidación avanzada para la reducción de floraciones de cianobacterias en un estudio a escala de mesocosmos en un tajamar eutrofizado. Se realizaron mediciones de parámetros fisicoquímicos *in situ* mediante sonda multiparámetro (pH, oxígeno disuelto, conductividad y temperatura) y análisis de parámetros biológicos en laboratorio (clorofila a total y clorofila a de cianobacterias), en tres mesocosmos con tratamiento y tres controles, desde la aplicación del producto en febrero de 2026. Tras la aplicación del tratamiento, se observó una tendencia de neutralización del pH y una disminución inicial del oxígeno disuelto, seguida de una recuperación parcial hacia el último muestreo, con variabilidad entre réplicas. La concentración de cianobacterias y clorofila a se redujo en dos de los mesocosmos tratados, evidenciando una disminución de la biomasa fitoplanctónica. Los resultados sugieren que el tratamiento aplicado atenúa el estado eutrófico inicial, evidenciado por la disminución de cianobacterias y clorofila, junto con cambios en parámetros fisicoquímicos asociados a la actividad fotosintética. Este efecto podría vincularse a procesos de oxidación que afectan la integridad celular. Estos resultados indican un impacto sobre la fracción cianobacteriana, con potenciales implicancias en la estructura y dinámica del microbioma acuático.

ID 73 AMB 15

Caracterización microbiológica y funcional de *Pseudomonas aeruginosa* en ensaladas frescas: implicaciones en resistencia y persistencia en la cadena alimentaria

Adriana Castillo Bracamontes[1]; Sarahi Juárez Martínez[1]; Jose Carlos Parada Fabián[1]; Ana Karen Álvarez Contreras[1]

[1] ENCB - IPN, México.

jparadaf@ipn.mx

Pseudomonas aeruginosa es un microorganismo ambiental ampliamente distribuido en agua, suelo y superficies asociadas a alimentos, con una notable capacidad de adaptación a condiciones adversas. En productos frescos mínimamente procesados, como las ensaladas listas para consumo, puede persistir favorecida por ambientes húmedos y por su habilidad para formar biopelículas. Aunque no se considera un patógeno alimentario primario, su relevancia radica en su carácter oportunista y en su papel como reservorio de resistencia antimicrobiana, lo que representa un riesgo potencial para la salud pública. En este estudio se realizó la caracterización microbiológica y funcional de aislados de *P. aeruginosa* provenientes de ensaladas frescas comercializadas en la Ciudad de México. Se analizaron 50 muestras mediante métodos microbiológicos convencionales y pruebas bioquímicas para su identificación. Los aislados se evaluaron en términos de susceptibilidad a antibióticos mediante el método de difusión en disco bajo lineamientos CLSI, tolerancia a desinfectantes comerciales, capacidad de formación de biopelículas mediante tinción con cristal violeta, y producción de pigmentos con actividad antimicrobiana frente a cepas indicadoras. Adicionalmente, se evaluó el efecto de EDTA como coadyuvante de desinfectantes y se seleccionaron aislados representativos para su secuenciación y comparación con cepas a nivel global. *P. aeruginosa* se detectó en el 76% de las muestras, evidenciando una alta frecuencia de contaminación. Los aislados mostraron perfiles de multirresistencia, destacando alta resistencia a fosfomicina, así como tolerancia variable a desinfectantes, siendo el hipoclorito de sodio el más efectivo. Un 15.2% presentó capacidad de formación de biopelículas, lo que favorece su persistencia en la cadena alimentaria. Asimismo, se observó producción de pigmentos con actividad antimicrobiana selectiva. En conjunto, estos resultados evidencian que las ensaladas frescas pueden actuar como vehículo de *P. aeruginosa* con características que favorecen su persistencia y diseminación, subrayando la importancia de fortalecer las estrategias de control microbiológico en alimentos listos para consumo.

ID 74 AMB 16

Caracterización de una cepa mutante en la síntesis de ácido indolacético en la cepa *Kosakonia radicincitans* UYSO10

Sofía Riotorto Machado[1]; Federico Battistoni[1,2]; Enzo Calzada Rodríguez[1,2]; Cecilia Taulé[1,2]

[1] Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismo, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable - MEC, Uruguay; [2] Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable - MEC, Uruguay

sofiariotorto14@gmail.com

Kosakonia radicincitans UYSO10 es una bacteria endófita, promotora del crecimiento vegetal (PCV) de plantas de caña de azúcar y de *Arabidopsis thaliana* (Taulé et al., 2016). Entre sus rasgos funcionales se destacan la fijación biológica de nitrógeno y la producción de ácido indolacético (AIA) (Taulé et al., 2012). Resultados previos mostraron que los exudados radiculares de caña de azúcar modulan el perfil transcriptómico de UYSO10, observándose una sobreexpresión de genes asociados a la PCV, por ejemplo el gen *ipdC*, clave en la biosíntesis de AIA. Para estudiar este proceso, se construyó una cepa mutante mediante eliminación completa del gen *ipdC*. En este trabajo se propuso caracterizar la cepa UYSO10 ΔipdC, tanto *in vitro*, como *in vivo* en la interacción entre la planta-bacteria endófita. Se realizaron curvas de crecimiento en medio rico sin observarse diferencias significativas entre las cepas salvaje y mutante. Luego, se cuantificó la producción indoles mediante el ensayo de Salkowski; la cepa mutante no redujo su producción. Mediante HPLC-MS se identificaron y cuantificaron metabolitos intermediarios de diferentes vías de síntesis de AIA. Los resultados sugieren vías alternativas activas no identificadas en UYSO10, junto con cambios en la concentración de algunos metabolitos que indican su modulación en la cepa mutante. A partir de estos resultados, se propone la posible presencia de la vía del indol-3-acetonitrilo. Por otra parte, se realizaron ensayos de promoción *in vivo* en plantas de caña de azúcar y de *A. thaliana* con el fin de evaluar el efecto promotor de la cepa mutante ΔipdC en comparación con la cepa UYSO10. En estas condiciones, no se observaron diferencias significativas entre los tratamientos. Además, se presentarán resultados de un ensayo *in vitro* en curso orientado a observar el efecto de las cepas en la arquitectura radicular de plantas de *A. thaliana*.

ID 86

AMB 17

Influencia del calcio en la interacción planta–patógeno y microbioma rizosférico del patosistema *Ralstonia solanacearum* - Papa

Camila Raimonda[1]; Estefani Reyes[1]; Agostina Galliazzi[1]; Mariana Arias[2]; Guillermo Galván[3]; Paola Gaiero[4]; Giovani Larama[5]; Virginia Ferreira[1]; María Inés Siri[1]

[1] Área Microbiología, Departamento de Biociencias,, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [2] Unidad de Semillas, Instituto de Investigación Agropecuaria, Canelones, Uruguay; [3] Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [4] Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [5] Laboratorio de Investigación en Biocontrol, Universidad de la Frontera, Temuco, Chile

camilaraimonda20@gmail.com

Ralstonia solanacearum es el agente causal de la marchitez bacteriana, una de las enfermedades de mayor impacto económico a nivel mundial. En Uruguay afecta principalmente al cultivo de papa. Nuestro grupo de investigación trabaja en el desarrollo de germoplasma de papa con resistencia a este patógeno, la introgresión de resistencia se realiza a partir de especies silvestres nativas como *Solanum commersonii* y *Solanum malmeanum.* Estudios previos permitieron identificar genotipos con respuesta diferencial frente a la infección por *R. solanacearum.* Asimismo, se evaluó la composición mineral de la savia xilemática y tejidos vegetales, destacándose mayores concentraciones de calcio en genotipos resistentes. Además, el efecto del calcio se evaluó en el crecimiento y la virulencia de *R. solanacearum*, donde se encontró que el calcio disminuyó ambos. Por otro lado, plantas tratadas con calcio mediante regado y posteriormente inoculadas con la bacteria mostraron una marcada disminución de los síntomas o permanecieron asintomáticas. En este contexto, el presente trabajo tuvo como objetivo evaluar el efecto del calcio sobre la colonización del patógeno y la composición del microbioma de la rizósfera de genotipos de papa con diferente nivel de resistencia a la marchitez bacteriana. Los resultados indicaron que la aplicación de calcio modificó significativamente la colonización bacteriana in planta, afectando tallo, raíz y rizósfera del genotipo susceptible en etapas tempranas de la infección. En el genotipo resistente este efecto se limitó solo a la raíz. En fases más avanzadas de la enfermedad, el calcio mantuvo un efecto significativo en la raíz del genotipo susceptible. Por otro lado, el calcio generó un impacto significativo sobre la composición de la comunidad bacteriana del genotipo susceptible. Este estudio aporta a la comprensión de los mecanismos de adaptación y virulencia del patógeno y evalúa posibles herramientas para el control integrado de la marchitez bacteriana.

ID 87 AMB 18

Vigilancia multimodal de virus respiratorios en escuelas de Chile

Sofia Quintana Esparza[1] Nicolás Avilés[2]; Juan Castro-Severyn[2]; Aldo Gaggero[3]; Gabriel Krüger[4]; Catalina Kusch[2]; Ana Oviedo Bustos[2]; Valentina Pavez Rodriguez[2]; Francisco Remonsellez[5]; Claudia Saavedra[2]; Valentina Severín[2]; Francisca Urbina[2]

[1] Universidad Andrés Bello, Chile; [2] Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Chile; [3] Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile; [4] Facultad de Ingeniería y Negocios, Universidad de las Américas, Sede Providencia, Santiago, Chile; [5] Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad Católica del Norte.

g.sofia.e@gmail.com

La circulación de virus respiratorios en población pediátrica incluye una alta proporción de infecciones asintomáticas, limitando la sensibilidad de la vigilancia basada únicamente en casos clínicos. Los establecimientos educacionales constituyen entornos críticos de transmisión debido a la alta interacción entre individuos. En este contexto, la epidemiología ambiental permite complementar la vigilancia tradicional mediante la detección viral en distintas matrices ambientales. Se realizó un estudio longitudinal en escolares de 4 a 13 años pertenecientes a dos regiones de Chile: Escuela Rebeca Matte Bello (Región Metropolitana) e ICEDUC (Antofagasta). Se implementó un sistema de vigilancia multimodal que integró muestras clínicas (hisopados nasofaríngeos), aguas residuales y bioaerosoles de salas de clases. La detección de virus respiratorios se realizó mediante RT-qPCR multiplex utilizando el kit NamuPlex™ Viral Respiratory 20. El periodo de estudio comprendió campañas estacionales entre 2023 y 2025. Se analizaron 490 muestras, observándose un aumento progresivo en la positividad global (28,96% en 2023; 32,52% en 2024; 49,49% en 2025). Rhinovirus predominó durante 2023–2024 (31,2% y 41,2%), mientras que Influenza A presentó un incremento importante en 2025 (29,51%). Además, la positividad invernal aumentó desde 25% hasta 55,8%. El análisis integrado mostró concordancia parcial entre matrices, destacando la detección consistente de Rhinovirus, Adenovirus e Influenza A. Los bioaerosoles presentaron menor sensibilidad analítica, pero mayor diversidad viral y frecuencia de co-detecciones, sugiriendo exposición ambiental colectiva más que coinfección individual. Santiago presentó mayor complejidad viral y mayor frecuencia de co-circulación respecto a Antofagasta. Estos resultados demuestran que la integración de vigilancia clínica y ambiental permite una caracterización más completa de la circulación viral en entornos escolares y aporta evidencia para fortalecer sistemas de vigilancia temprana de virus respiratorios.

ID 88 AMB 19

Distribución biogeográfica de las comunidades de bacterioplancton en el ecosistema lótico: cuenca del Arroyo Los Chanchos, Villa Serrana

Gabriela Martínez de la Escalera[1]; Florencia Bertoglio[1]; Hugo Coitiño[2]; Claudia Piccini[1]

[1] Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; [2] Asc. Civil ECOBIO Uruguay

gmsiri@gmail.com

Los ecosistemas lóticos como ríos y arroyos son vulnerables a los impactos antropogénicos, siendo la urbanización una de las principales actividades que deteriora los cursos de agua, actuando sobre procesos ecológicos y la diversidad de estos ecosistemas. Un caso que enfrenta este problema es la localidad de Villa Serrana (cuenca del Arroyo Los Chanchos) donde se ha incrementado la urbanización en los últimos años acompañada de un saneamiento inadecuado. En estudios previos reportamos que, según el sitio, la contaminación fecal está asociada a la urbanización (siendo máxima en temporada alta) y a la ganadería. En este trabajo, nos propusimos explorar los patrones biogeográficos del bacterioplancton y evaluar los principales factores que estructuran a dichas comunidades. Se realizaron cinco campañas de muestreo durante un año (2023-2024), abarcando 10 sitios distribuidos en las nacientes y a lo largo del Arroyo Los Chanchos. En cada sitio se tomaron muestras de agua que fueron sometidas a extracción de ADN y secuenciación masiva del amplicón ARNr 16S. Los resultados revelaron que los índices de diversidad bacteriana alfa disminuyen a lo largo del curso de agua, siendo máxima en las nacientes. En base a los usos del suelo de la cuenca se detectó una relación negativa entre la densidad de casas y la diversidad bacteriana. Estos resultados sugieren que existe una comunidad bacteriana característica de las nacientes con alta diversidad que es transportada aguas abajo donde se enfrenta a la urbanización que genera modificaciones abundancia relativa de las distintas poblaciones de bacterioplancton. Estos hallazgos demuestran el efecto que generan las actividades antropogénicas y la importancia de la conservación de las nacientes de los arroyos como reserva de la diversidad bacteriana en los ecosistemas lóticos. El conocimiento generado contribuirá al desarrollo de medidas de mitigación y de ordenamiento territorial para restaurar la salud ecosistémica de Villa Serrana.

ID 92 AMB 20

Actividad antagonista de un aislado de *Delftia acidovorans* asociado a trigo frente a *Xanthomonas* spp.

Felipe Clavijo[1]; Lucia Coimbra[1]; Silvia Pereyra [2]; Lola Pérez[1]; María Inés Siri[1]

[1] Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, UdelaR; [2] INIA

fclavijo@fq.edu.uy

Las bacteriosis del trigo causadas por especies del género *Xanthomonas* representan un desafío sanitario debido a la ausencia de estrategias de control efectivas. En este contexto, la exploración de microorganismos asociados a la planta con potencial antagonista constituye una alternativa relevante. El objetivo de este trabajo fue aislar, identificar y caracterizar microorganismos con actividad antagonista frente a *Xanthomonas* spp. en la filósfera de trigo, y evaluar su potencial para la supresión del patógeno. En el marco de ensayos de cuantificación bacteriana en hojas de trigo inoculadas con *Xanthomonas translucens*, se detectó la presencia de un aislado bacteriano con un fenotipo antagonista evidente, el cual fue posteriormente identificado como *Delftia acidovorans* mediante análisis genómicos. El aislado mostró actividad inhibitoria frente a un panel amplio de especies de *Xanthomonas* en ensayos in vitro, generando halos de inhibición definidos. Esta actividad requirió la presencia de células viables y no fue reproducida por sobrenadantes libres de células, lo que sugiere un mecanismo de antagonismo no mediado por compuestos difusibles y potencialmente asociado a competencia por recursos o interacciones célula-célula. El análisis genómico reveló la presencia de un sistema de secreción tipo VI (T6SS), así como clusters asociados a metabolitos secundarios, incluyendo sideróforos. Ensayos en plantas de trigo indicaron que la coinoculación con *D. acidovorans* reduce el desarrollo de síntomas causados por *X. translucens*, observándose una inhibición marcada cuando *Delftia* se encuentra en mayor proporción respecto al patógeno, llegando a disminuir significativamente la expresión de síntomas bajo estas condiciones. En conjunto, estos resultados identifican a *D. acidovorans* como un antagonista potencial de *Xanthomonas* spp. y sugieren que mecanismos de competencia dependientes de contacto podrían desempeñar un rol relevante en la supresión de patógenos en la filósfera de trigo.

ID 93

AMB 21

Microbiota de biofilms en plásticos flotantes colonizados por epibiontes invertebrados en una playa arenosa de Uruguay

Erika Meerhoff[1]; Paula Vico[1,2]; Chiara Bachmann[1]; Ignacio Rucks[1]; Agustina Gil[1]; Paola Scavone[3]; Claudia Piccini[1,2]

[1] Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales; [2] Laboratorio de Ecología Microbiana Acuática, Depto. de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable ; [3] Laboratorio de Biofilms Microbianos, Depto. de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable

kikameerhoff@gmail.com

Los desechos plásticos en el océano son colonizados por microorganismos que forman biofilms como la primera etapa de la sucesión ecológica. La presencia de biofilms permite la colonización de invertebrados marinos o epibiontes que se desplazan en los desechos. Este trabajo estudió la microbiota asociada a desechos plásticos encontrados en una playa arenosa de Uruguay que tenían invertebrados viviendo sobre ellos. Las muestras de plástico fueron recolectadas en la playa de Atlántida durante la primavera de 2025 y almacenadas en congelador a -80 °C. Se cortó un pequeño fragmento de muestra y se tiñó para el análisis de imágenes mediante microscopía confocal. Se aplicó la secuenciación del gen 16S rRNA de procariotas para identificar la composición de las comunidades microbianas en desechos plásticos marinos. Las imágenes permitieron identificar la presencia de biofilms bacterianos en los plásticos. Por otro lado, la identificación de los grupos taxonómicos a través de los ASV permitió identificar presencia de Alphaproteobacterias, una clase diversa que incluye socios metabólicos clave y posibles organismos degradadores de plásticos. Entre estos, se identificaron organismos del orden Rickettsiales en el biofilm de una tapa de botella que tenía percebes como epibiontes. Las bacterias Rickettsiales ya han sido identificadas en biofilms asociados a plásticos. Asimismo, se encontraron *Pseudoalteromonas* sp., *Thalassobius* sp., bacterias de la familia Rhodobacteraceae y *Cobetia* sp., las cuales tienen asociaciones documentadas con la degradación de plásticos, particularmente con polímeros biodegradables. Por otro lado, se encontraron Arqueas Asgard (Heimdallarchaeia*)* en el biofilm de un nylon. Sin embargo, su participación en la biodegradación de plásticos no es conocida. En conjunto, estos resultados amplían el conocimiento sobre la diversidad microbiana asociada a la plastisfera en costas uruguayas y sugieren que los desechos plásticos con epibiontes albergan comunidades microbianas complejas con potencial relevancia en procesos de degradación de plásticos en el océano.

ID 103 AMB 22

Análisis funcional de microorganismos asociados a floraciones de la cianobacteria *Microcystis* spp.

Carolina Croci[1]; Carla Kruk[2,3]; Gabriela Martínez de la Escalera[1]; Claudia Piccini[1]; Angel Segura[3]

[1,]Laboratorio de Ecología Microbiana Acuática, Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay; [2] Instituto de Ecología y Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias, UdelaR, Montevideo, Uruguay; [3] Departamento MEDIA (Modelización Estadística de Datos e Inteligencia Artificial), CURE, UdelaR, Rocha, Uruguay

carocroha@gmail.com

La intensificación agrícola y el consecuente aporte excesivo de nutrientes han acelerado la eutrofización de los cuerpos de agua a nivel global. En Uruguay, este fenómeno se manifiesta en la ocurrencia recurrente de floraciones masivas de cianobacterias, particularmente del género *Microcystis*, en sistemas de agua dulce y estuarios. Esta cianobacteria forma colonias embebidas en una matriz de exopolisacáridos y proteínas que alberga un microbioma diverso, cuyas interacciones ecológicas se postulan como determinantes para el éxito y persistencia de la floración. Previamente, nuestro grupo asoció las distintas etapas del desarrollo colonial con cambios en la estructura de la comunidad bacteriana acompañante, hipotetizando que las colonias funcionan como un biofilm multiespecífico. En este trabajo, se empleó una aproximación basada en la secuenciación masiva del gen ARNr 16S (región V4) y metagenómica shotgun a partir de diferentes fracciones de tamaño colonial (pequeño, mediano y grande) recolectadas en el embalse de Baygorria (Río Negro). El objetivo fue identificar funciones involucradas en la cooperación microbioma-cianobacteria durante el desarrollo colonial. Los resultados revelan una alta congruencia taxonómica: la mayoría de los genomas reconstruidos a partir de metagenomas (MAGs) corresponden a los grupos bacterianos mayoritarios identificados mediante 16S. Hasta el momento se identificó en el microbioma genes relevantes en la interacción con *Microcystis*, incluyendo vías de quorum sensing, resistencia a estrés oxidativo y síntesis/transporte de vitamina B12. A su vez, en los MAGs de *Microcystis* se detectó el clúster *mcy* necesario para producir microcistina (toxina producida por esta cianobacteria) confirmando su potencial tóxico. Estos hallazgos aportarán a la construcción de un modelo conceptual sobre el rol de las interacciones metabólicas en la dinámica de las floraciones locales.

ID 107 AMB 23

Thrips tabaci como vector de *Pantoea* spp. en cultivares de cebolla de Uruguay

Stefanie De Armas[1]; Bettina Porta[2]; Esteban Vicente[3]; Leticia Rubio[3]; Pablo González Barrios[4]; Evelin Pechi[3]; Diana Valle[5]; Mariana Arias[5]; Guillermo Galván[6]; María Inés Siri[1]

[1] Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [2] Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [3] Estación Experimental Salto Grande, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Salto, Uruguay; [4] Departamento de Biometría, Estadística y Computación, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [5] Estación Experimental Las Brujas, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Canelones, Uruguay; [6] Departamento de Producción Vegetal, Centro Regional Sur (CRS), Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Progreso, Canelones, Uruguay.

dearmasstefanie@gmail.com

La cebolla (*Allium cepa* L.) es uno de los principales cultivos hortícolas de Uruguay y su producción se ve afectada por enfermedades bacterianas causantes de lesiones foliares, tallos florales y pudrición de bulbos. Relevamientos realizados entre 2017-2021 identificaron a *Pantoea* como el género prevalente. Entre las especies detectadas, *P. ananatis* y *P. agglomerans* se destacan por su mayor agresividad. Por otra parte, *Thrips tabac*i, principal plaga del cultivo, ha sido reportado como potencial vector de *Pantoea* spp. en otras regiones, aunque en Uruguay aún no se había evaluado su capacidad para transmitir especies fitopatógenas presentes en el país. El objetivo de este trabajo fue determinar la capacidad de poblaciones uruguayas de *T. tabaci* para transmitir *P. ananatis* y *P. agglomerans* en cultivares de cebolla utilizados en Uruguay. Para ello, se optimizaron ensayos de transmisión bajo condiciones controladas en siete cultivares. Las plantas fueron inoculadas a nivel foliar con *P. ananatis* o *P. agglomerans* y posteriormente expuestas a poblaciones de *T. tabaci* provenientes del norte y sur de Uruguay. Luego del período de adquisición, los insectos fueron transferidos a plantas sanas en ensayos de no elección realizados en cajas *BugDorm®.* En cada etapa se evaluó la presencia de *Pantoea* spp. mediante aislamiento bacteriano y PCR con primers específicos. Los resultados evidenciaron la adquisición y transmisión de *P. ananatis* por *T. tabaci* en los cultivares Pantanoso y Naqué. Se detectó la presencia de la bacteria en los insectos alimentados de plantas inoculadas y posteriormente en plantas sanas expuestas a estos insectos, logrando además el aislamiento del patógeno y desarrollo de síntomas típicos. En contraste, no se detectó transmisión de *P. agglomerans* en las condiciones evaluadas. Estos resultados evidencian el posible rol de *T. tabaci* en la diseminación de *P. ananatis* en cebolla en Uruguay y aportan al manejo integrado de estas bacteriosis.

XVI Congreso Nacional de Microbiología
VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores en Microbiología
Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

ID 108

AMB 24

Evaluación a campo de biocontroladores frente a *Fusarium* spp. en maíz

Clementina Bodega[1]; Pilar Dabezies[1]; Sol Pandolfo[1]; Matías Van den Dorpel[2]; Cintia Palladino[2]; Belén Corallo[1]; Dinorah Pan[1]

[1] Sección Micología, Facultad de Ciencias–Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Uruguay; [2] Departamento de Protección Vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.

bodegaclementina@gmail.com

Fusarium es uno de los principales patógenos de los cultivos a nivel mundial. En Uruguay, se ha detectado la presencia de *Fusarium graminearum* y *F. verticillioides* en maíz. Estas especies generan pérdidas económicas por la reducción del rendimiento y por la producción de micotoxinas, que afectan la inocuidad de los granos. Frente al impacto ambiental y sanitario del uso intensivo de fungicidas sintéticos, el control biológico surge como una herramienta sostenible. El objetivo fue evaluar la eficiencia de diferentes tratamientos de biocontrol en la incidencia de *F. graminearum* y *F. verticillioides* en maíz a campo, en Paysandú. Para evaluar alternativas biológicas frente a hongos toxicogénicos, se realizaron ensayos a campo en dos variedades de maíz, infectado artificialmente los cultivos con *F. graminearum* y *F. verticillioides*. Se utilizó un diseño de bloques al azar según la especie de *Fusarium* inoculada. En cada bloque se aplicaron los diferentes agentes de biocontrol: *Trichoderma atroviride* (T38), *Bacillus tequilensis* (B1) y *Bacillus velezensis* (BM2) y un fungicida comercial. Además, se utilizó un control infectado, y un control sin tratar. Luego de la cosecha, se evaluaron los granos y se registró el porcentaje de incidencia de cada patógeno. Las variedades de maíz mostraron diferencias en la susceptibilidad a la infección por ambas especies de *Fusarium*. La mayoría de los biocontroladores mostraron potencial antifúngico frente a *F. graminearum* y *F. verticillioides*. El tratamiento con T38 fue el que presentó la mayor actividad antifúngica frente a *F. verticillioides*, mientras que frente a *F. graminearum* los biocontroladores presentaron una actividad más homogénea entre sí. Estos resultados indican que las cepas estudiadas pueden ser efectivos agentes de biocontrol, aunque su eficacia puede depender de la especie de *Fusarium* y de la variedad de maíz evaluada.

Financiación: Proyecto ANII FSA-1-2024-1-180291

ID 109 AMB 25

El maní y las aflatoxinas: Estudio de la realidad actual en Uruguay

Gabriela Garmendia[1]; Mariana Gonda[1]; Silvana Vero[1]; Agustina Zorrilla de San Martín[1]; Angie Álvarez[1]

[1] Área Microbiología, DepBio, Facultad de Química, UdelaR

mgonda@fq.edu.uy

En Uruguay, el maní (*Arachis hypogaea*) se produce de forma artesanal, mediante sistemas basados en mano de obra familiar destinados al autoconsumo y a la comercialización local. Su cultivo se concentra en el litoral noroeste del país y en el noreste del departamento de Cerro Largo. Uno de los principales problemas asociados a este cultivo es la contaminación fúngica durante el almacenamiento por hongos micotoxigénicos. Este riesgo aumenta cuando el secado natural del grano no es eficiente y se almacena con una humedad superior al 10%. Los hongos más frecuentemente asociados a esta contaminación son *Aspergillus flavus* y *Aspergillus parasiticus*, productores de aflatoxinas, compuestos con reconocida acción carcinogénica. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la contaminación fúngica y los niveles de aflatoxinas en maní durante el almacenamiento. Se analizaron muestras provenientes de dos productores de Cerro Largo al inicio y a los tres meses de almacenamiento. Se incluyeron muestras destinadas a comercialización y muestras de descarte usualmente destinadas para consumo animal. En todas las muestras se determinó el contenido de humedad, se aislaron e identificaron hongos potencialmente micotoxigénicos y se cuantificaron aflatoxinas. Los resultados mostraron que el maní ingresó al almacenamiento con niveles de humedad adecuados (<8%), sin embargo, estos aumentaron con el tiempo, alcanzando valores de hasta 10,6%. Se identificaron principalmente hongos de los géneros *Aspergillus, Penicillium* y *Fusarium*, destacándose especies de *Aspergillus* sección *Flavi* con capacidad aflatoxigénica. Las concentraciones de aflatoxinas en las muestras fueron variables, generalmente bajas en el maní destinado a comercialización y elevadas en las muestras de descarte. Aunque la mayoría de las muestras cumplieron con la normativa nacional para aflatoxinas totales, algunas superaron límites internacionales más estrictos. Estos resultados evidencian que las condiciones de almacenamiento pueden comprometer la inocuidad del producto y constituyen el primer relevamiento sobre aflatoxinas en maní en Uruguay.

ID 121 AMB 26

Proyecto SoilBon en Península Fildes: monitoreo temporal de la biodiversidad microbiana en suelo antártico

Silvina Guaz Galván[1,2]; María Clara Santoro Michelini[1,2]; Silvia Batista[2] ; Felipe Castro[2]; María Morel Revetria[1].

[1] Facultad de Ciencias, Udelar, Uruguay; [2] Laboratorio de Microbiología Molecular, BIOGEM, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE)

silvinaguaz@gmail.com

SoilBon (Soil Biodiversity Observation Network) es una red global establecida para estudiar la biodiversidad del suelo y sus servicios ecosistémicos, incluyendo el análisis de variaciones temporales asociadas al cambio climático global y a la influencia antropogénica, entre otros factores. En este marco, participamos en el proyecto SoilBon en la Península Fildes desde 2022, colectando muestras de suelo y de suelo con vegetación asociada en la Isla Rey Jorge (Antártida marítima), provenientes de cuatro sitios con presunta baja influencia antrópica y dos sitios menos preservados. Los procedimientos de colecta y procesamiento se realizaron conforme a los protocolos estandarizados de SoilBon. El procesamiento de las muestras incluye la evaluación de la calidad del suelo mediante indicadores como la respiración basal, el contenido de humedad y la capacidad de degradación de compuestos orgánicos a través del Tea Bag Index. La estructura de las comunidades microbianas se analiza mediante secuenciación masiva de amplicones correspondientes a regiones 16S ARNr, ITS y SSU. Paralelamente, se desarrolló una estrategia dependiente de cultivo, mediante el aislamiento de microorganismos capaces de crecer a 15°C en medios R2A y TSA. Esto permitió generar un repositorio de aislamientos, posteriormente caracterizados parcialmente a nivel fenotípico en relación con propiedades de potencial interés biotecnológico, y diferenciados a nivel de cepa mediante análisis BOX-PCR. Adicionalmente, en las muestras de suelo con vegetación se identificaron taxonómicamente los musgos asociados. El trabajo a presentar incluye avances en estas líneas, con especial énfasis en el análisis del repositorio de microorganismos cultivables y la discusión de los resultados bioinformáticos. Estos resultados contribuyen a comprender el impacto de la actividad antrópica en ecosistemas antárticos y a identificar microorganismos con potencial aplicación biotecnológica en ambientes extremos.

ID 122 AMB 27

Respuesta de la comunidad metanogénica a sustratos metilados en sedimentos de embalses hidroeléctricos del Río Negro

Natalia Gutiérrez Dalfolo[1]; Ana Fernández Scavino[1]; Luciana Pereira[1]

[1] Laboratorio de Ecología Microbiana y Microbiología Ambiental, DEPBIO, Facultad de Química, UdelaR, Montevideo, Uruguay

ngutierrez@fcien.edu.uy

Las represas hidroeléctricas son una de las fuentes antropogénicas de metano, un potente gas de efecto invernadero. El metano se produce debido a la actividad de archaeas metanogénicas que participan en la degradación anaerobia de la materia orgánica a partir de un número limitado de sustratos. La metanogénesis a partir de sustratos metilados ha cobrado mayor relevancia últimamente ya que se ha detectado su presencia en sedimentos de lagos y de océanos. En embalses hidroeléctricos, la producción de metano ha sido vinculada al uso del suelo en la cuenca. Sin embargo, los microorganismos y los procesos microbianos responsables de la producción de metano por esta vía se encuentran poco descritos. Con el fin de evaluar el efecto de sustratos metilados en la comunidad metanogénica, se extrajeron sedimentos de dos represas hidroeléctricas del Río Negro (Palmar y Rincón del Bonete) y se realizaron incubaciones en microcosmos con metanol y metilamina (por sí solos y además suplementados con H2) como diferentes sustratos de la vía metilotrófica. Se determinó el metano acumulado en los viales mediante cromatografía gaseosa y se realizó la secuenciación masiva de amplicones del ARNr 16s para el dominio Archaea. Se comprobó que los sedimentos de ambas represas tienen el potencial de producir metano a partir de la vía metilotrófica, siendo más rápida la respuesta a partir de metanol. La incubación con sustratos generó cambios en la composición de la comunidad metanogénica, con una prevalencia de los géneros *Methanomethylovorans* y *Methanosarcina*, este último con la capacidad de crecer por la vía metilotrófica tanto dependiente como independiente de H2. Estos resultados muestran que en los sedimentos de ambas represas la comunidad de archaeas metanogénicas tiene la capacidad de responder rápidamente a un ingreso de sustratos metilados, y de forma diferencial dependiendo del sustrato y del origen del sedimento.

ID 124 AMB 28

Microorganismos como indicadores de calidad de agua: un análisis bibliométrico internacional y nacional

Milena Arce[1]; Florencia Bertoglio[1]; Irene Machado[2]; Gabriela Martínez de la Escalera[1]

[1] Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Uruguay; [2] CURE, UdelaR, Rocha, Uruguay

mileearce@gmail.com

El agua es un recurso esencial para el desarrollo de la vida que está sufriendo la presión antropogénica en todo el mundo. En este sentido, evaluar su calidad es de suma importancia, siendo los indicadores biológicos de los más utilizados. El uso de microorganismo como indicadores biológicos ha ido tomando relevancia, sin embargo, aún existen dudas respecto a cuáles son los parámetros más efectivos y si la diversidad bacteriana podría formar parte de esa lista. En ese contexto, el objetivo de este trabajo fue identificar los bioindicadores más utilizados para determinar la calidad del agua y analizar la utilidad de la diversidad bacteriana como indicador biológico. Se realizó un análisis bibliométrico de literatura científica internacional, así como de bibliografía nacional, complementado con datos del Observatorio Ambiental Nacional (OAN) de los últimos diez años. Los estudios fueron clasificados según el tipo de indicador biológico, el ecosistema y parámetro evaluados para microorganismos (abundancia, diversidad y actividad). Se analizaron las frecuencias relativas, tendencias temporales y asociaciones entre indicadores y ecosistemas. Los resultados internacionales evidenciaron los indicadores más utilizados son los macroinvertebrados (33,1%) y los microorganismos (21,2%). En el ámbito nacional, los artículos científicos mostraron como principal indicador a los microorganismos (31,7%), seguido de los macroinvertebrados (25,4%). Estos datos se complementaron con los informes de monitoreo obtenidos del OAN, donde se muestran a las bacterias (46,7%) y fitoplancton (44,1%) como principales indicadores biológicos. Asimismo, la abundancia bacteriana fue el parámetro más utilizado en Uruguay, mientras que en la bibliografía internacional la diversidad bacteriana es el parámetro más utilizado. En base a estos resultados concluimos que incluir el análisis de la diversidad bacteria para evaluar la calidad de agua complementaría a los parámetros utilizados tradicionalmente en Uruguay.

ID 125 AMB 29

Evaluación de estrategias de biocontrol para la mitigación de aflatoxinas en maíz

Pilar Dabezies[1]; Belén Corallo[2]; Dinorah Pan[3]

[1] Departamento de protección vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; [2] Facultad de Ciencias; [3] Sección Micología, Facultad de Ciencias- Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Uruguay

pilardabezies7@gmail.com

El maíz es uno de los principales cultivos de verano en Uruguay, con una producción de aproximadamente 1.937 miles de toneladas en 2025, destinado fundamentalmente a la alimentación animal y, en menor medida, al consumo humano y la exportación. Este cultivo es susceptible a la contaminación por hongos toxicogénicos, en particular por especies del género *Aspergillus* sección *flavi*, identificada como la más frecuente en granos de maíz en Uruguay. Estos hongos producen aflatoxinas (AFs), metabolitos secundarios cancerígenos, teratogénicos, inmunosupresores y genotóxicos, clasificados por la IARC en el Grupo 1 de carcinogénicos y estrictamente regulados a nivel nacional e internacional. Frente a las limitaciones del control químico, como el impacto ambiental por la generación de residuos en alimentos y desarrollo de resistencias, el biocontrol surge como una alternativa viable y sostenible. El presente trabajo tiene como objetivo evaluar in vitro el potencial antagonista de cepas no toxicogénicas de *Aspergillus flavus* y de *Trichoderma atroviride* sobre el crecimiento micelial, la germinación de esporas y la producción de aflatoxinas de cepas toxicogénicas de *A. flavus*. Se realizaron ensayos de enfrentamiento dual en placa entre cepas no toxicogénicas y toxicogénicas de *A. flavus,* y entre *T. atroviride* y cepas toxicogénicas de *A. flavus.* Adicionalmente, se llevó a cabo un ensayo de exposición a compuestos orgánicos volatiles (VOCs) enfrentando placas de *T. atroviride* con placas de *A. flavus* toxicogénico, con registro diario del crecimiento micelial en centímetros. La cuantificación de aflatoxinas se realizó mediante HPLC. Se seleccionaron las cepas que mostraron mayor eficiencia en el control de *A. flavus* para ser evaluadas en ensayos de campo.

ID 126 AMB 30

Epidemiología y dinámica de infección de *Xanthomonas translucens* pv. *undulosa* y *Xanthomonas prunicola* en trigo y su relación con la microbiota de la filósfera

Lucía Baglivo[1]; Felipe Clavijo[2]; Lucía Ferrando[2]; Virginia Ferreira[1]; Cecilia Ghiazza[1]; S González; J Jacobs[3]; M Merfa[5]; Pereyra[4]; María Inés Siri[2].

[1] Facultad de Química, UdelaR; [2] Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, UdelaR; [3] The Ohio State University-Plant Pathology Department, Ohio, EEUU; [4] Protección Vegetal, INIA La Estanzuela, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, – Colonia, Uruguay

luciacoimbrabaglivo@gmail.com

Los patógenos emergentes representan una amenaza creciente para la agricultura. En trigo (*Triticum aestivum* L.), el principal patógeno bacteriano es *Xanthomonas translucens pv. undulosa (Xtu)*, agente causal de la estría bacteriana (EB). *Xanthomonas prunicola (Xp)* fue recientemente reportada como causante de necrosis bacteriana (NB) en trigo, siendo detectada en Uruguay, Brasil, Argentina y Estados Unidos. A pesar de su creciente prevalencia, la epidemiología de *Xp* y su interacción con *Xtu* y con la microbiota del hospedero aún no se encuentran completamente caracterizadas. El objetivo de este trabajo fue abordar la epidemiología y el proceso de infección de *Xtu* y *Xp* mediante un enfoque integrador que combina estudios de campo, herramientas de diagnóstico molecular y análisis de interacción planta–patógeno. Se realizaron relevamientos en el litoral oeste de Uruguay durante las zafras 2024 y 2025, detectándose *Xanthomonas* en más del 40% de los sitios muestreados. En ambos años, *Xp* predominó sobre *Xtu*, encontrándose en trigo y en gramíneas asociadas como *Avena*, *Lolium* y *Bromus*, lo que sugiere su persistencia en hospederos alternativos. Para estudiar la colonización, se desarrollaron cepas reporteras fluorescentes de *Xtu* y *Xp*. Ensayos preliminares indicaron patrones diferenciales: *Xtu* mostró una distribución más homogénea en los tejidos, mientras que *Xp* se presentó en agregados celulares. Adicionalmente, se estableció un ensayo a campo para evaluar el efecto de la infección sobre la microbiota de la filósfera en cultivares con diferente susceptibilidad. Se generaron datos de secuenciación del gen 16S rRNA, actualmente en análisis, que permitirán evaluar el impacto de la infección sobre la comunidad bacteriana. En conjunto, estos resultados evidencian la adaptación de *Xp* a agroecosistemas de trigo, su asociación con hospederos alternativos y su comportamiento diferencial en planta. Este enfoque integrador aporta a una mejor comprensión de la epidemiología de *Xanthomonas* en trigo.

ID 134 AMB 31

Eficacia de un biofungicida tribacteriano para el control de *Botrytis cinerea* en frutales de importancia agrícola

Javiera Olavarría[1]; Camila Moore[2]; Claudio Pizarro[2]; Eduardo Pérez[2]; Linx Castro[2]; Alejandra González[2]; Raquel Araya[2]; Eduardo Donoso[3]; Luis Romero[2]; Rodrigo Herrera[2]; Bernardo Latorre[2]; Antonio Castillo [4]

[1] Universidad de Santiago de Chile; [2] Laboratorio de Control Biológico y Nanotecnología, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile; [3] BioInsumos Nativa; [4] Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile

javiera.olavarria.l@usach.cl

La pudrición gris causada por *Botrytis cinerea* genera pérdidas relevantes en frutales de exportación y su control continúa dependiendo en gran medida de fungicidas químicos. En este estudio se evaluó la eficacia de un biofungicida tribacteriano basado en *Stenotrophomonas rhizophila* CC512, *Bacillus amyloliquefaciens* CC237 y *Pseudomonas protegens* CC483 para el control de *B. cinerea* en distintos tejidos y cultivos frutales. El producto fue formulado como una suspensión bacteriana multicepa, incorporando coadyuvantes de formulación tales como Tween 20, goma arábiga y polietilenglicol-6000, y evaluado mediante bioensayos de protección en condiciones de laboratorio y ensayos de campo. A nivel de laboratorio, el biofungicida inhibió completamente el desarrollo de *B. cinerea* durante 12 días de incubación. En manzanas se obtuvo 100% de protección con la dosis más baja evaluada, mientras que en arándanos se alcanzó 93,4% de protección con una dosis intermedia. En cerezas y hojas de cerezo se logró 100% de inhibición del patógeno con dosis intermedias y altas. En uva de mesa, la formulación produjo porcentajes de daño entre 0,65% y 1,4% en bayas cv. Superior, 100% de protección en racimos cv. Red Globe y menos de 10% de daño en hojas de vid. A nivel de campo, el biofungicida redujo significativamente los síntomas de pudrición gris en vides, cerezos, arándanos y manzanos, mostrando en términos generales una eficacia superior a Serenade ASO y comparable o cercana a Teldor, dependiendo del cultivo y condición experimental. Además, no se observaron efectos fitotóxicos sobre tejidos vegetales ni efectos negativos aparentes sobre polinizadores. Estos resultados respaldan el potencial del biofungicida tribacteriano como alternativa biotecnológica para el manejo integrado de *B. cinerea* en frutales.

Trabajo financiado por el proyecto FONDEF IT24I0065

ID 135 AMB 32

Caracterización genómica y química de un consorcio tribacteriano antagonista de *Botrytis cinerea*

Antonio Castillo[1]; Camila Moore[2]; Claudio Pizarro[2]; Linx Castro[2]; Eduardo Pérez[2]; Javiera Olavarría[3]; Alejandra González[2]; Raquel Araya[2]; Eduardo Donoso[4]; Luis Romero[4]; Rodrigo Herrera[2]; Bernardo Latorre[2]

[1] Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile; [2] Laboratorio de Control Biológico y Nanotecnología, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología; [3] Universidad de Santiago de Chile; [4] Bio Insumos Nativa

antonio.castillo@usach.cl

Botrytis cinerea es un hongo fitopatógeno necrotrófico y polífago que causa pudrición gris en numerosos cultivos de importancia agrícola. El uso intensivo de fungicidas químicos, junto con la aparición de resistencia y las crecientes restricciones asociadas a residuos en fruta, ha impulsado la búsqueda de estrategias de biocontrol basadas en microorganismos con actividad antifúngica y mecanismos de acción complementarios. En este trabajo se caracterizó un consorcio tribacteriano compuesto por *Bacillus amyloliquefaciens* CC237, *Stenotrophomonas rhizophila* CC512 y *Pseudomonas protegens* CC483, seleccionado a partir de cepas silvestres compatibles y con actividad antagonista frente a *B. cinerea*. Las cepas bacterianas fueron estudiadas mediante aproximaciones microbiológicas, bioquímicas, ultraestructurales, genómicas, filogenéticas y químicas. El análisis genómico reveló tamaños de 4.239.629 pb para *B. amyloliquefaciens* CC237, 4.187.818 pb para *S. rhizophila* CC512 y 6.881.793 pb para *P. protegens* CC483, con contenidos de GC de 45,9%, 67,0% y 62,2%, respectivamente. Los análisis filogenéticos multilocus, basados en genes housekeeping concatenados, respaldaron la identidad taxonómica de cada cepa. La caracterización de metabolitos secretados reveló una marcada diversidad química, incluyendo compuestos volátiles y heterocíclicos en *S. rhizophila*, pirrolnitrina y ésteres metílicos de ácidos grasos en *P. protegens*, y lipopéptidos antifúngicos como iturinas, bacilomicinas, fengicinas, surfactinas, kurstakina y lichenisina en *B. amyloliquefaciens.* Esta diversidad sugiere la participación de mecanismos antifúngicos múltiples y potencialmente complementarios, incluyendo antibiosis, inhibición del crecimiento micelial y reducción de la germinación de conidios. En conjunto, los resultados sustentan que el consorcio tribacteriano reúne cepas taxonómicamente definidas, metabólicamente diversas y funcionalmente compatibles, constituyendo una plataforma microbiológica promisoria para el desarrollo de biofungicidas multibacterianos contra *B. cinerea*.

ÁREA

SALUD HUMANA Y ANIMAL

ID 11

SHA 01

Relevamiento epidemiológico de Pegivirus humano (HPgV-1) en Uruguay

Dana Bentancor González[1]; Hernán Álvarez[1]; Alejandra Bauzada[1]; Diego Nin[1]; Santiago Rodríguez[1]; Florencia Cancela[1]; Santiago Mirazo[1]

[1] Laboratorio de Ecología Viral y Virus Zoonóticos, Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República

dana.bentancor@gmail.com

El Pegivirus humano tipo 1 (HPgV-1), se encuentra clasificado dentro de la familia Flaviviridae, especie Pegivirus C (humanos y primates no-humanos), y se divide en 7 genotipos con diferentes distribuciones geográficas. Su genoma está conformado por ARN de cadena simple con polaridad positiva con un tamaño de 9,4 Kb. HPgV-1 se puede transmitir por vía sanguínea, sexual y vertical, sin embargo, hasta el momento la infección con este virus no ha sido directamente asociada a una enfermedad clínica. HPgV-1 fue inicialmente identificado en pacientes con hepatitis aguda o crónica no-A-E, estimándose actualmente una seroprevalencia de 1⁄6 de la población mundial. Son muy escasos los reportes de HPgV-1 en América del Sur, correspondiendo principalmente a Brasil (5.9%-12,42% viremia para donantes de sangre y 23,3% viremia para niños oncológicos). En el marco de las líneas de investigación sobre virus emergentes que lleva adelante el laboratorio, nos propusimos realizar el primer relevamiento epidemiológico de HPgV-1 en Uruguay, enfocado en pacientes con hepatitis de etiología desconocida (no-A-E) y VIH-1, debido a que comparten las mismas vías de transmisión. Se analizaron 188 muestras de suero, correspondientes a 37 adultos y 151 niños, mediante métodos moleculares (RT-qPCR y RT-PCR). Se detectó genoma viral de HPgV-1 exclusivamente en las muestras proveniente de niños, representando un 8,5% del total (16/188) y un 11% (16/151) para dicha población. La caracterización genética y análisis filogenético permitieron identificar a las cepas circulantes como genotipo 2, con un elevado porcentaje de identidad nucleotídica por las secuencias de Brasil.

ID 16

SHA 02

Producción y caracterización del extremo N-terminal de la Env del virus de la leucemia bovina: una herramienta alternativa para estudiar interacciones virus–célula

Melissa De Leon[1]; Jeniffer Cha[1]; Yrupé Arhancet[2]; Agustín Demarco[2]; Camila Irina Sagasti Jaime[3]; Mariana Salinas[1]; Sergio Bianchi[2]; Florencia Rammauro[3]; Martín Fló Díaz[1]; Natalia Olivero Deibe[1]; Federico Carrión[2]

[1] Institut Pasteur de Montevideo; [2] Laboratorio de Inmunovirología, Unidad Biofísica de Proteínas, Institut Pasteur de Montevideo; [3] Unidad Académica de Inmunobiología, Facultad de Medicina, UdelaR

mdeleon@pasteur.edu.uy

El virus de la leucemia bovina (VLB) es un deltaretrovirus que causa leucosis bovina enzoótica, provocando grandes pérdidas económicas. En Uruguay la prevalencia ronda el 80% y su control se ve limitado por la ausencia de alternativas terapéuticas y/o profilácticas y la imposibilidad de aplicar estrategias de control clásicas. La ausencia de datos estructurales de la glicoproteína de envoltura (Env) y del mecanismo molecular de unión al receptor y fusión constituye una limitante para el diseño racional de vacunas y otras estrategias dirigidas al bloqueo del inicio de la infección. El presente trabajo busca producir el extremo N-terminal de la Env (descrito como dominio de unión al receptor celular, RBD) y estudiar su comportamiento en solución, permitiendo avanzar hacia su resolución estructural e identificación de interacciones con proteínas de la superficie celular (potenciales receptores y/o co-receptores). Aquí mostramos la producción del RBD soluble utilizando células S2 de Drosophila, con rendimientos de 40 mg/L. El RBD purificado por SEC y analizado por SDS-PAGE teñido con Coomassie evidencia una proteína de alta pureza con peso molecular acorde a un monómero. Asimismo, los análisis de estabilidad por nanoDSF indican una Tm de 50 °C y estudios de western blot con sueros de ratones inmunizados con el ectodominio completo de Env demuestran su antigenicidad. En análisis preliminares por citometría de flujo se observó interacción con células CC81 (susceptibles y permisivas a VLB) y se procederá a realizar estudios proteómicos para identificar interactores en células que expresan la proteína CAT1 (propuesta como receptor de VLB) y otras proteínas candidatas a co-receptores. En conjunto, estos resultados demuestran la obtención de un RBD recombinante, estable y antigénicamente funcional, aportando evidencia preliminar de interacción con células susceptibles a VLB, sentando bases para futuros estudios estructurales y la identificación de proteínas involucradas en la entrada viral.

ID 18

SHA 03

Vigilancia ambiental de Norovirus en aguas residuales: integración de enfoques moleculares y genómicos en Uruguay

Santiago Cuevas[1]; Belen Abella[2]; Liliana Borzacconi[3]; Elizabeth González[3]; Julieta López[3]; Alicia Alemán[4]; Caterina Rufo[2]; Mabel Berois[1]

[1] Sección Virología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República; [2] Alimentos y nutrición, Instituto Polo Tecnológico de Pando, Facultad de Química, Universidad de la República; [3] Departamento de Ingeniería Ambiental, IMFIA,Facultad de Ingeniería, Universidad de la República; [4]Unidad Académica de Medicina Preventiva y Social, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República

scuevas@fcien.edu.uy

La detección de patógenos en aguas residuales permite seguir la circulación comunitaria de enfermedades infecciosas; la epidemiología basada en aguas residuales (WBE) se consolidó tras la pandemia de SARS-CoV-2 y hoy es clave ante patógenos emergentes en Uruguay. En mi trayectoria implementé la detección molecular de Norovirus, principal agente de gastroenteritis viral, con 700 millones de infecciones anuales. Su alta contagiosidad, persistencia ambiental y diversidad genética lo convierten en un blanco prioritario para la vigilancia. El objetivo de mi trabajo era evaluar el potencial informativo de la WBE en la PTAR de Canelones mediante un estudio observacional anual entre 2024 y 2025. Recolectamos muestras quincenales de afluente y efluente; concentramos partículas, extrajimos ARN y aplicamos RT-qPCR para Norovirus, incorporando PMMoV por primera vez. Observamos Norovirus sostenido todo el año con cargas variables. Evidenciamos la cuantificación de PMMoV, con cargas altas y estables, utilizado como indicador de carga fecal y potencial normalizador en este tipo de matrices. Se seleccionó la muestra por mes con mayor carga para Norovirus y se realizó NGS por aproximación de amplicón, a fin de caracterizar diversidad mayoritaria y minoritaria e integrar estacionalidad. El análisis comparativo de genotipificación de norovirus mediante tres pipelines bioinformáticos reveló una predominancia consistente del genotipo de cápside GII.17 y del P-type GII_P17, independientemente del método de análisis utilizado. Notablemente, las primeras muestras temporales presentaron perfiles genotípicos distintos al resto, con presencia de GI.3 y GII.10 en lugar del dominante GII.17, lo que podría indicar una transición epidemiológica. Ante el aumento de detecciones, el desarrollo de vacunas aún en fase clínica y la limitada inmunidad cruzada, resulta clave conocer la diversidad genotípica de Norovirus para orientar decisiones y anticipar riesgos sanitarios. Con ello, se busca aportar evidencia al uso de la vigilancia epidemiológica en aguas residuales aplicada a este virus.

ID 22

SHA 04

Expresión de toxinas Shiga en STEC de origen ambiental, clínico y alimentario

Juan Victorio Silvera Esteves[1]; Ana Laura Caetano[2]; Yamila Figueroa[1]; Gabriela Martínez de la Escalera[1]; Carla Stolentiy[1]; Ana Umpiérrez[1]; Gustavo Varela[2]

[1] Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable; [2] Unidad de Bacteriología y Virología. Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República

juansil0407@gmail.com

Escherichia coli productora de toxina Shiga (STEC) es un patógeno zoonótico con fuerte impacto en la salud pública mundial. Causa enfermedades entéricas leves hasta graves como el síndrome urémico hemolítico, con brotes asociados a muertes desde la década de 1980. Su principal factor de virulencia son las toxinas Shiga (Stx1 y Stx2), codificadas por los genes *stx* y transportados por bacteriófagos insertados en el genoma bacteriano. La expresión de las Stx es principalmente influenciada por la estructura genética bacteriana y su relación con las condiciones ambientales. En este trabajo evaluamos cómo las condiciones nutricionales afectan el crecimiento de cinco STEC de distintos orígenes (MBG10 animal, 4H humano, BZ0742 alimentario, CAVS123 y CBVS85 de agua de arroyo), y cómo estas condiciones sumado a la presencia de antibióticos, modulan la expresión de las Stx. Se determinó el crecimiento en distintas condiciones nutricionales: déficit=agua de arroyo, estándar=TSB, exceso=agua+peptona(5%)+ext.levadura(5%) mediante recuentos bacterianos, y se cuantificó la expresión de *stx1* y *stx2* por qPCR en presencia y ausencia de Ciprofloxacina (concentración subinhibitoria). Todos los aislamientos resultaron viables en los distintos medios, destacando la capacidad de STEC de crecer en diferentes condiciones nutricionales, con un crecimiento significativamente menor en déficit nutricional. De 30 condiciones evaluadas, 9 presentaron expresión (4 para *stx1* y 5 para *stx2*). Para *stx2*, un único aislamiento, de alimento, se encontró dentro del rango cuantificable. Por otro lado, la incorporación de Ciprofloxacina aumentó más de 3 veces la expresión de *stx1* en la STEC de origen animal (en superávit nutricional), confirmando la inducción mediada por este antibiótico. Los resultados evidencian una marcada variabilidad entre cepas en cuanto a la expresión de los genes *stx* y refuerzan el riesgo asociado al uso de antibióticos frente a infecciones por STEC, capaces de inducir la sobreexpresión de toxinas.

ID 24

SHA 05

Perfil de factores de virulencia y mecanismos de resistencia de *Staphylococcus aureus* en aislamientos invasivos del Hospital Pediátrico de referencia, 2022-2023

Darío Bonello Charlon[1]; Andrés Parnizari Pérez[1]; Lorena Pardo[1]; Gustavo Varela[1]; María Inés Mota[1]; Adriana Varela[2]

[1] Unidad de Bacteriología y Virología. Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República; [2] Laboratorio de Bacteriología, Centro Hospitalario Pereira Rossell, ASSE

dbonello@higiene.edu.uy

Antecedentes: *Staphylococcus aureus* es un importante patógeno de infecciones invasivas y potencialmente graves. La capacidad de invadir los tejidos está dada por la síntesis de diversos factores de virulencia.

Objetivo: Analizar la presencia de factores de virulencia y genes involucrados en resistencia antibiótica en aislamientos de *S. aureus* recuperados de infecciones invasivas en menores de 15 años, atendidos en un centro de referencia pediátrico entre el 2022 y 2023.

Metodología: Se identificaron cepas de *S. aureus* de infecciones invasivas mediante sistema automatizado Vitek 2 en el período y centro de salud mencionado y se caracterizó el antibiotipo. Para el analizar de factores de virulencia (*pvl*, *fnbA*, *fnbB*, *IcaA*, *IcaD*, *cap8*, *cap5*, *clfA* y *SodA*) se utilizó la técnica de reacción en cadena de la polimerasa. Se analizó el *mecA* y el tipo de SCCmec cuando correspondía.

Resultados: Se estudiaron 40 aislamientos, 28 procedentes de hemocultivos, 4 a tejido óseo, 3 líquido articular, 1 a colección subdérmica, 1 a catéter y 1 a una biopsia de adenomegalia axilar. Se evidenció que 12 (30%) presentaron el gen *pvl*, 40 (100%) tanto *fnbA* como *fnbB*, ningún aislamiento presentó el gen *IcaA* mientras que 40 (100%) presentaron el gen *IcaD*, 36% presentaron el gen *Cap8* mientras que 64% presentaron el gen *Cap5*, 80% presentaron *cflA* mientras que 56% presentaron el gen *SodA*. Fueron meticilino resistente 11 (27,5%) cepas, todas presentaron *mecA*. Se tipificó el SCCmec en 6, 2 SCCmecIV, 4 SCCmecII. De los 29 *S. aureus* meticilino sensible, 12 asociaron resistencia a otro grupo de antibióticos.

Conclusiones: *S. aureus* es un patógeno prevalente en infecciones invasivas. Se observó un perfil variado en la existencia de factores de virulencia que son capaces de contribuir en la formación de estas infecciones invasivas.

ID 29

SHA 06

Modelo de organoides intestinales murinos para el estudio comparativo de serovares de *Salmonella enterica*

Olivero, Mateo[1,2]; Cancela, Saira[2]; Pagotto, Romina[2]; Bollati, Mariela[2]; Chabalgoity, Alejandro[1]; Betancor, Laura[1]; Yim, Lucía[1]

[1] Unidad Académica de Desarrollo Biotecnológico, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República; [2] Unidad de Biología Celular, Instituto Pasteur de Montevideo

mateo.olivero.stein@gmail.com

Los organoides tridimensionales recrean aspectos clave de la arquitectura y composición celular, consolidándose como un modelo potente para estudiar interacciones patógeno-hospedero. En particular, los organoides intestinales presentan un epitelio polarizado que forma un esferoide con un lumen cerrado en el centro. Contienen la mayoría de los tipos celulares especializados del intestino incluyendo células epiteliales, de Paneth, de Goblet, enteroendócrinas y células madre. Este modelo ofrece la ventaja de ser más sencillo que un modelo in vivo, permitiendo una gran variedad de estudios. *Salmonella* es un patógeno de importancia clínica ya que es uno de los principales agentes causantes de enfermedades transmitidas a través de los alimentos en todo el mundo. Las infecciones por serovares no tifoideos en humanos suelen causar gastroenteritis autolimitadas, aunque en el 5% de los casos pueden derivar en infecciones sistémicas con mayor morbi-mortalidad. *Salmonella* Dublin (SDu) es un serovar adaptado a ganado bovino muy poco prevalente en humanos, pero causante de infecciones invasivas con elevada morbi-mortalidad. En contraste, *Salmonella* Enteritidis (SEn) tiene un amplio rango de hospederos y es altamente prevalente en infecciones gastrointestinales humanas. En este trabajo aplicamos el modelo de organoides intestinales murinos diferenciados para comparar dos aislamientos de cada serovar (SDu y SEn), mediante microinyección de las bacterias directamente en el lumen. Cuantificamos bacterias totales e intracelulares a 2,5 y 19 h post-infección. El número de bacterias totales aumentó entre 1 y 2 órdenes de magnitud, indicando colonización exitosa. A tiempos cortos, SEn mostró mayor crecimiento luminal, mientras que a tiempos largos SDu se recuperó en mayores niveles intracelulares. Estos resultados recapitulan lo observado en otros modelos (animales y células en cultivo) y refuerzan la utilidad de los organoides para estudios orientados a dilucidar las bases moleculares de estas diferencias fenotípicas.

Palabras clave: Organoides intestinales; *Salmonella enterica*; Infección bacteriana

ID 53

SHA 07

Primera caracterización de la β-lactamasa OXA-439 proveniente de un aislamiento clínico en Uruguay

Flórez-Cardona, Valeria[1]; Ticona-Morales, Elizabeth[1]; Vieytes, Mariela[2]; Alba, Antonella[1]; Silva dos Santos, Lucianna Helene[1]; Charlo, Marisabel[1]; Manta, Bruno[1]

[1] Institut Pasteur de Montevideo; [2] Hospital Maciel, Montevideo Uruguay

vflorez@pasteur.edu.uy

Las β-lactamasas tipo OXA-48 (originalmente descritas como oxacilinasas) constituyen una subfamilia de β-lactamasas de clase D con perfiles hidrolíticos heterogéneos, que en su mayoría inactivan eficientemente penicilinas y cefalosporinas de espectro reducido, pero no así cefalosporinas de espectro extendido (ESCs), y presentan actividad débil frente a carbapenémicos. Su detección ha aumentado a nivel mundial, tanto en entornos clínicos como ambientales, principalmente asociadas a enterobacterias. En este trabajo, reportamos la identificación de OXA-439, una variante de OXA-163 perteneciente a la subfamilia OXA-48, en una *Escherichia coli* uropatógena (UPEC) aislada en Uruguay a partir de una infección urinaria asociada a catéter, con resultados de susceptibilidad rutinaria discordantes. La identificación se realizó mediante secuenciación del aislamiento por lecturas largas (ONT). Los genes *bla_OXA-439*, *bla_OXA-48* y *bla_OXA-163* fueron sintetizados y clonados en el vector *pET24a* para su expresión en *Escherichia coli* BL21(DE3). La actividad β-lactamasa se evaluó mediante microdilución para la determinación de concentraciones inhibitorias mínimas (MIC) frente a un panel de penicilinas, cefalosporinas de espectro reducido y extendido (ESCs), carbapenémicos y combinaciones β-lactámico/inhibidor. OXA-439 mostró un perfil de sustrato similar al de OXA-163, confiriendo resistencia a piperacilina y cefalosporinas de tercera generación, mientras se mantiene susceptible a carbapenémicos, aunque con valores de MIC globalmente menores y pérdida completa de actividad frente a amoxicilina ± clavulanato. La variación en el perfil hidrolítico de OXA-439 respecto a OXA-163 sugiere que la sustitución Y123H, localizada cerca del sitio activo, puede resultar en una reducción de la eficiencia catalítica frente a sustratos dependientes de complementariedad hidrofóbica-aromática. Análisis estructurales y computacionales en curso permitirán evaluar cómo esta sustitución modula las interacciones atómicas y los patrones de formación de puentes de hidrógeno en el sitio activo, aportando evidencia mecanística para la variación observada en el perfil hidrolítico.

ID 60 SHA 08

Formación temprana de biopelícula en *Salmonella* Infantis aislada de una planta avícola en Santiago, Chile, bajo estrés osmótico

Francisca Urbina[1]; Ana Oviedo[1]; Nicolás Avilés[1]; Gabriel Krüger[2]; Catalina Kusch[1]; Sofía Quintana[1]; Juan Castro-Severyn[1]; Coral Pardo-Esté[1]; Claudia Saavedra[1]

[1] Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile; [2] Facultad de Ingeniería y Negocios, Universidad de las Américas, Sede Providencia, Santiago, Chile

fran.urbina17@gmail.com

Antecedente-Objetivo: *Salmonella* Infantis (*S.* Infantis) es un patógeno emergente y persistente en la industria avícola, expuesto a estreses ambientales asociados a procesos de limpieza y desinfección. Entre ellos, las condiciones hiperosmóticas y la desecación de superficies podrían favorecer la formación de biopelículas e inducir cambios fenotípicos y moleculares, incluyendo la modulación de genes asociados a biopelícula, respuesta al estrés de envoltura, adaptación osmótica, permeabilidad de membrana y metabolismo de c-di-GMP. Sin embargo, aún se desconoce cómo este estrés modula la formación temprana de la biopelícula y la respuesta génica asociada en *S.* Infantis. En este contexto, este estudio evaluó el efecto del estrés osmótico sobre la formación temprana de biopelícula y su asociación con cambios en la expresión de genes seleccionados.

Metodología: Se evaluó la cepa de referencia ATCC-SARB27 y el aislado industrial SE016 en medio mínimo MgM (control) y bajo estrés osmótico con 15% de sacarosa. La formación temprana de biopelícula se determinó mediante cristal violeta y la expresión génica se analizó por qRT-PCR en genes asociados a biopelícula (*csgD*, *wcaJ*), respuesta al estrés de envoltura (*rpoE*, *rseA*), adaptación osmótica (*proP*), permeabilidad de membrana (*ompF*) y metabolismo de c-di-GMP (*dgcJ*, *dgcQ*).

Resultados: El estrés osmótico incrementó la formación de biopelícula en la cepa SE016, con mayor biomasa adherida a las 12h respecto de las 24h. Estos resultados sugieren una respuesta temprana al estrés osmótico, la cual será complementada con el análisis de expresión génica de determinantes asociados a biopelícula, respuesta al estrés de envoltura, adaptación osmótica, permeabilidad de membrana y metabolismo de c-di-GMP.

Discusión: Estos resultados preliminares sugieren que el estrés osmótico promueve tempranamente la transición hacia el estado sésil en *S.* Infantis. La integración de datos de biomasa y expresión génica permitirá explorar mecanismos moleculares potencialmente implicados en la persistencia bacteriana en sistemas avícolas e industriales.

ID 63 SHA 09

Vigilancia ambiental de *Chlamydia psittaci* en complejos habitacionales con exposición a palomas

Nicolás González[1]; Marisol Barneche[2];Tatiana Picún[1]; Victoria Iribarnegaray[3]

[1] Unidad Académica de Microbiología, Departamento de Patobiología, Facultad de Veterinaria, Udelar; [2] Unidad Académica de Extensión Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Udelar; [3] Instituto de Investigación Una Salud

nicogc1995@gmail.com

Chlamydia psittaci es una bacteria intracelular obligada de alto potencial zoonótico, agente causal de la clamidiosis aviar y de la psitacosis humana, una enfermedad respiratoria frecuentemente subdiagnosticada. Las aves, incluidas especies urbanas como las palomas (*Columba livia*), pueden actuar como reservorios y eliminar el agente a través de secreciones y materia fecal, generando potenciales escenarios de exposición ambiental. En Uruguay, si bien existen antecedentes puntuales de detección de *C. psittaci* en aves, no existen estudios que evalúen su presencia en ambientes urbanos compartidos con humanos. En el marco del curso Espacio de Formación integral: "Vigilancia de *Chlamydia psittaci* en ambientes urbanos: integración de salud animal, humana y ambiental", se realizó un muestreo ambiental exploratorio en cuatro complejos habitacionales de Montevideo destinados a personas adultas mayores. El objetivo fue evaluar la presencia de ADN de *C. psittaci* en materia fecal de palomas como aproximación inicial a la vigilancia ambiental del patógeno. Se recolectaron 45 muestras ambientales de materia fecal aviar en áreas comunes de los complejos. Las muestras fueron procesadas mediante extracción de ADN y analizadas por PCR digital, una herramienta molecular de alta sensibilidad para la detección y cuantificación de ácidos nucleicos. Se detectó ADN de *C. psittaci* en dos muestras ambientales, provenientes de uno de los cuatro complejos habitacionales evaluados ambas con baja carga bacteriana. Estos resultados no permiten estimar prevalencia, evaluar riesgo sanitario directo ni inferir enfermedad en residentes. Sin embargo, estos hallazgos constituyen evidencia preliminar de la presencia ambiental del patógeno en espacios residenciales con interacción humano-paloma. El hallazgo resalta la pertinencia de implementar un seguimiento sistemático y territorialmente coordinado, que permita evaluar la recurrencia, distribución y condiciones asociadas a la detección ambiental de *C. psittaci.* Este estudio aporta evidencia inicial para el desarrollo de estrategias de vigilancia Una Salud en ambientes urbanos.

ID 64

SHA 10

Caracterización genómica y fenotípica de un aislado de *Salmonella* Infantis proveniente de aguas residuales revela multirresistencia y vínculos con cepas asociadas a la producción avícola

Ana Oviedo Bustos[1]; Gabriel Krüger[2]; Francisca Urbina[1]; Valentina Severín[1]; Yoelvis Sulbaran-Bracho[3]; Coral Pardo-Esté[1]; Nicolas Avilés-Núñes[1]; Sofia Quintana[1]; Catalina Kusch[1]; Alessandra Choque[4]; Gabriel Donoso[4]; Francisco Remonsellez[4]; Juan Castro-Severyn[4]; Claudia Saavedra[1]

[1] Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello; [2] Facultad de Ingeniería y Negocios, Universidad de las Américas; [3] Instituto de Ciencias Agroalimentarias, Animales y Ambientales, Universidad de O'Higgins; [4] Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad Católica del Norte

acob11doctorado@gmail.com

Salmonella enterica serovar Infantis es un patógeno emergente multirresistente asociado a sistemas de producción avícola debido a su capacidad de persistir en ambientes industriales expuestos de forma recurrente a desinfectantes y antimicrobianos. En los últimos años este serovar ha sido detectado con mayor frecuencia en reservorios ambientales, lo que genera preocupación sobre su dispersión más allá de la cadena productiva. El objetivo de este estudio fue caracterizar un aislado de *S.* Infantis recuperado desde aguas residuales de una institución educativa en el norte de Chile y compararlo con cepas de origen avícola para explorar posibles vínculos epidemiológicos.

Métodos: El aislado se obtuvo a través del método microbiológico ISO 6579-1:2017, identificado mediante amplificación del gen *invA*, PCR del gen 16S rRNA y secuenciación de Sanger. Además, se realizó secuenciación del genoma completo utilizando tecnología Illumina. La susceptibilidad antimicrobiana se evaluó mediante difusión en disco según lo descrito en Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Los genes de resistencia se identificaron utilizando ResFinder. Se realizaron ensayos fenotípicos de crecimiento bajo estrés osmótico, formación de biopelículas mediante tinción con violeta de cristal y motilidad en agar semisólido. Los resultados se compararon con una cepa de origen avícola (SE016).

Resultados: El aislado fue confirmado como *S.* Infantis y presentó un fenotipo multirresistente, con resistencia a β-lactámicos, aminoglucósidos y trimetoprima/sulfametoxazol. El análisis genómico identificó múltiples genes de resistencia, incluyendo *blaCTX-M-65, aac(3)-IV, ant(3")-Ia, dfrA14, sul1, tet(A)* y *floR.* El perfil de resistencia fue comparable al de la cepa avícola SE016. Los ensayos fenotípicos evidenciaron capacidad de formación de biopelículas y disminución de la motilidad bajo condiciones de estrés osmótico.

Conclusiones: Estos resultados evidencian la circulación ambiental de *S.* Infantis multirresistente y su posible vínculo epidemiológico con cepas de origen avícola, destacando a las aguas residuales como un componente critico en la diseminación de patógenos resistentes desde una perspectiva One Health.

ID 71 SHA 11

Seroprevalencia de *Leptospira* spp. en ciervo axis (*Axis axis*) y jabalí (*Sus scrofa*) en Uruguay

Tamara Iglesias[1]; Gustavo Varela[1]

[1] Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, UdelaR

tiglesias@higiene.edu.uy

La información sobre la circulación de *Leptospira* spp. en fauna silvestre en Uruguay es limitada. En este contexto, especies invasoras como el ciervo axis (*Axis axis*) y el jabalí (*Sus scrofa*), ampliamente distribuidas y en contacto con animales domésticos y humanos, podrían desempeñar un rol relevante en su epidemiología. El objetivo de este estudio fue estimar la seroprevalencia de anticuerpos anti-*Leptospira* spp. en ambas especies y analizar su distribución a nivel nacional. Se analizaron muestras de suero de 55 ciervos y 44 jabalíes, provenientes de animales cazados en actividades cinegéticas y colectas científicas autorizadas. Las determinaciones se realizaron mediante la técnica de microaglutinación (MAT), empleando 15 cepas representativas de *Leptospira interrogans*, *Leptospira borgpetersenii*, *Leptospira kirschneri* y *Leptospira noguchii*. Se consideró seropositivo un título ≥100. Se detectaron anticuerpos en 67% de los ciervos y 93% de los jabalíes. En ciervos, las principales reacciones se observaron frente a *L. interrogans* (Icterohaemorrhagiae) y *L. kirschneri* (Cynopteri), seguidas por *L. noguchii* (Panama). En jabalíes, predominaron *L. interrogans* (Australis e Icterohaemorrhagiae) y, en menor proporción, *L. kirschneri* (Cynopteri). La elevada frecuencia de anticuerpos en ambas especies evidencia una amplia circulación de *Leptospira* spp. en fauna silvestre en Uruguay. La detección de serogrupos de relevancia sanitaria refuerza la necesidad de su inclusión en los sistemas de vigilancia.

ID 81 SHA 12

Variabilidad geográfica del microbioma intestinal materno-infantil y su potencial funcional en las primeras etapas de la vida

Martina Baizán Urgell[1]; Jimmy Becerra[2]; Luz Adriana Sarmiento[2]; Bei Han[3]; Mari Olcina[4]; Gabriel Vinderola[5]; Marta Selma Royo[1]; María Carmen Collado[1]

[1] Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Valencia España; [2] Grupo de Investigación Alimentación y Comportamiento Humano, Universidad Metropolitana, Barranquilla, Colombia; [3] School of Public Health, Health Science Center, Xi'an Jiaotong University, Xi'an, China; [4] Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública, Ciencias de la Alimentación, Toxicología y Medicina Legal, Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación, Universidad de Valencia, Valencia, España; [5] Instituto de Lactología Industrial (CONICET-UNL), Facultad de Ingeniería Química, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina

Antecedentes: El microbioma intestinal está influenciado por factores como la edad, la dieta, el uso de antibióticos y el estilo de vida; sin embargo, las comparaciones globales entre madres e infantes siguen siendo limitadas. Este estudio evaluó la influencia del origen geográfico sobre la composición y función del microbioma intestinal durante las primeras etapas de vida, así como la dinámica de transmisión de cepas entre madres e hijos en distintos países.

Métodos: Se analizaron 150 muestras metagenómicas fecales provenientes de Argentina, Colombia, China, Etiopía y España, incluyendo 64 pares madre–infante. Las secuencias fueron sometidas a control de calidad y procesadas mediante MetaPhlAn 4.1.1 y StrainPhlAn para el análisis taxonómico a nivel de especie y cepa. Además, HUMAnN v3.9 y Cayman se utilizaron para evaluar el potencial funcional de los metagenomas. Se calcularon diversidades alfa y beta, y se analizaron diferencias entre grupos.

Resultados: Los microbiomas maternos presentaron diferencias significativas según el país de origen (Adonis2, p.adj = 0.001). Las comunidades enriquecidas con *Prevotella* y *Veillonella* predominaron en Colombia y Etiopía, mientras que Argentina, China y España mostraron perfiles taxonómicos distintos. Las madres chinas presentaron la menor diversidad alfa, mientras que las etíopes mostraron la mayor riqueza microbiana. En los infantes predominaron taxones característicos de la primera infancia, como *Bifidobacterium longum*, *Streptococcus salivarius* y *Escherichia coli*, cuya composición estuvo influenciada por el origen (Adonis2 p.adj = 0.004), como por el tipo de parto Adonis2, p.adj = 0.030). La composición microbiana infantil estuvo influenciada por el país de origen y el tipo de parto. El análisis funcional reveló un núcleo compartido de rutas metabólicas entre las poblaciones, aunque también se observaron variaciones geográficas.

Conclusiones: Estos hallazgos indican que tanto la composición taxonómica como la capacidad funcional del microbioma intestinal están moduladas por factores geográficos y del huésped, resaltando el papel del entorno y de las interacciones materno-infantiles en el desarrollo microbiano temprano.

ID 83 SHA 13

Vigilancia de *Streptococcus pneumoniae* en escolares sanos: detección de serotipos circulantes en muestras orales

Valentina Pavez Rodriguez[1]; Nicolás Avilés[1]; Juan Castro-Severyn[1]; Aldo Gaggero[2] ; Alejandro Hidalgo[3]; Gabriel Krüger[4]; Catalina Kusch[1] ; Ana Oviedo Bustos[1]; Nicolas Pacheco[1]; Coral Pardo-Esté[1]; Sofía Quintana[1]; Francisco Remonsellez[5]; Claudia Saavedra[1]; Francisca Urbina[1]; Rolando Vernal[1]

[1] Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile; [2] Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile; [3] Escuela de Química y Farmacia, Facultad de Medicina, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile; [4] Facultad de Ingeniería y Negocios, Universidad de las Américas, Sede Providencia, Santiago, Chile; [5] Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad Católica del Norte; [6] Laboratorio de Biología Periodontal, Facultad de Odontología, Universidad de Chile

vpavez.rodriguez@gmail.com

Streptococcus pneumoniae continúa siendo un patógeno respiratorio relevante en población pediátrica, especialmente en la era posvacunal, donde la portación asintomática y el reemplazo de serotipos favorecen la circulación de variantes no vacunales. Las escuelas constituyen ambientes centinela para estudiar esta circulación, ya que reúnen contacto estrecho entre niños, microbioma oral compartido y transmisión comunitaria silenciosa El objetivo de esta investigación es determinar la prevalencia y diversidad de serotipos de *S. pneumoniae* en muestras orales de escolares sanos y compararlos con aislados de niños con enfermedad respiratoria de edades similares. Para llevarla a cabo se desarrollará un estudio longitudinal en escolares de 5 a 14 años, con recolección de saliva e hisopado bucal en dos rondas de muestreo. Las muestras serán cultivadas en agar sangre e incubadas a 37°C con 5% de CO_2. Las colonias compatibles con *Streptococcus* serán seleccionadas mediante criterios fenotípicos, incluyendo catalasa, tinción de Gram, sensibilidad a optoquina y solubilidad en bilis. Posteriormente, los aislados serán sometidos a extracción de ADN, amplificación del gen 16S rRNA, confirmación taxonómica y serotipificación molecular. Los serotipos detectados en escolares sanos serán comparados con aislados clínicos pediátricos asociados a enfermedad respiratoria. Como resultado, se han procesado 195 muestras de hisopado bucal y saliva. A partir del cultivo primario, se seleccionaron 161 colonias catalasa negativas compatibles con Streptococcus, las cuales fueron purificadas en agar sangre. En aislados seleccionados se realizó tinción de Gram, extracción de ADN y amplificación del gen 16S rRNA, cuyo producto fue enviado a secuenciación para confirmación taxonómica. Este estudio permitirá evaluar si escolares sanos actúan como reservorio comunitario de serotipos neumocócicos compartidos con casos respiratorios pediátricos. La comparación entre aislados comunitarios y clínicos aportará evidencia para fortalecer la vigilancia escolar de *S. pneumoniae* y comprender la circulación de serotipos no vacunales bajo un enfoque One Health.

ID 85 SHA 14

Actividad antimicrobiana de mieles producidas en diferentes agroecosistemas del norte del Uruguay

Matilde Alarcón[1]; Cora Selva[2]; Horacio Heinzen[3]; Natalia Mattos[2] ; Yamandú Mendoza[4]; Estela Santos[5]; Gabriela Tamaño[2] ; Karina Antúnez[1]

[1] Laboratorio de Microbiología y Salud de las Abejas, Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; [2] Laboratorio de Tecnología de la Miel y Productos Apícolas (ApiUTEC), Universidad Tecnológica-UTEC, Paysandú, Uruguay; [3] Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [4] Cooperativa Apicultores de Artigas, Uruguay; [5] Centro de Operaciones Apícolas Los Espinillos, Canelones, Uruguay

matialarconmartinez@gmail.com

La actividad apícola constituye un rubro relevante en Uruguay. Cada año se producen cerca de 12.000 toneladas de miel, de las cuales el 90-95% se exporta a Estados Unidos y Europa. Sin embargo, esta exportación se realiza a granel, sin diferenciación ni agregado de valor, resultando en precios bajos. Dado que la miel es un alimento complejo, elaborado por las abejas melíferas a partir de néctar y mielatos provenientes de distintos recursos vegetales, presenta una gran variación en su composición según el origen botánico y geográfico. En este contexto, la caracterización y diferenciación de las mieles producidas en Uruguay es clave para generar valor agregado y mejorar la rentabilidad de la cadena apícola. El objetivo de este trabajo fue evaluar la actividad antimicrobiana de mieles producidas en diferentes agroecosistemas del norte del Uruguay. Se colectaron muestras de colmenas fijas localizadas en zonas agrícolas, principalmente de colza (a), así como en montes de citrus (c), monte natural (m) y montes de *Eucalyptus* spp. (en). También se incluyeron mieles de colmenas trashumantes, provenientes del sur del país y trasladadas a montes de *Eucalyptus* en el norte (es). Se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) y la concentración microbicida mínima frente a *Staphylococcus aureus* ATCC 6538, *Escherichia coli* ATCC 8735, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853 y *Candida albicans* ATCC 101231. Las mieles analizadas presentaron actividad bacteriostática frente a las cepas estudiadas y algunas también presentaron actividad bactericida. Las mieles provenientes de montes frutales mostraron valores de CIM más bajos que aquellas obtenidas de colmenas ubicadas en entornos agrícolas. Estos resultados evidencian la influencia del origen botánico y del agroecosistema sobre las propiedades antimicrobianas de las mieles. A la vez, contribuyen a la valorización de mieles provenientes de flora nativa del país y resaltan la importancia de conservar estas áreas.

ID 89

SHA 15

Péptidos antimicrobianos para diagnóstico de enfermedades fúngicas invasivas

María Fernanda Ramos Arangüena[1]; Mariana Barraco-Vega[1]; Roberto Castro Rosas[2,3]; Constanza Ceretta García[1] ; Mariella Terán[4]

[1] Laboratorio de Microbiología Molecular, Microbiología-DEPBIO-Facultad de Química-UdelaR; [2] Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [3] Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [4] Área Radioquímica, Departamento Estrella Campos, Facultad de Química, Universidad de la República

ramos.fr.11@gmail.com

Las enfermedades fúngicas invasivas (EFI) constituyen un desafío clínico relevante, especialmente en pacientes inmunocomprometidos, donde el diagnóstico temprano sigue siendo limitado. Entre los patógenos fúngicos prioritarios definidos por OMS se incluyen distintas especies de *Candida*, cuya detección oportuna es clave para mejorar el manejo terapéutico. En este escenario, las defensinas, un tipo de péptido antimicrobiano, representan moléculas candidatas para el desarrollo de radiotrazadores en imagenología molecular. Su capacidad de interactuar con patógenos fúngicos las posiciona como plataformas promisorias para su asociación con radionúclidos y evaluación en el diagnóstico de EFI. Antecedentes del grupo demostraron que un péptido de 10 aminoácidos que se corresponde con el motivo asociado a la actividad de una defensina de ceibo, (E10: G1-H2-C3-R4-G5-F6-R7-R8-R9-C10), presenta actividad frente a *Candida albicans* y un perfil biocinético favorable. En este trabajo se diseñaron variantes de E10 con sustituciones en distintas posiciones, así como nuevos péptidos de 10 residuos derivados de secuencias de siete defensinas identificadas en transcriptomas de otras dos plantas nativas (ibirapitá y congorosa). Estas variantes fueron evaluadas para explorar la relación secuencia-actividad y determinar su potencial frente a *Candida auris*, *Candida albicans*, *Candida tropicalis* y *Candida parapsilosis*. Los resultados preliminares mostraron que E10, además de su actividad frente a *C. albicans*, también es activo frente a *C. auris*, *C. parapsilosis* y *C. tropicalis*. Entre los nuevos péptidos evaluados se observaron perfiles de actividad diferenciales: M1(GKCHGFRRRC) se destacó frente a *C. albicans* (MIC: 3,3 mM), E10 frente a *C. auris* (IC90: 1,2 mM), M3(GHCRGLRRRC) frente a *C. parapsilosis* (MIC: 2 mM) y un péptido derivado de una defensina de congorosa (GACHVRGGKHMC) frente a *C. tropicalis* (MIC: 0,1 mM). Estos resultados de actividad antimicrobiana constituyen un indicador relevante de una potencial interacción específica con los microorganismos diana, lo que sugiere adecuados niveles de afinidad y especificidad péptido-microorganismo, características fundamentales para el diseño de herramientas diagnósticas sensibles y selectivas.

ID 94

SHA 16

Primer aislamiento de Influenza porcina en Uruguay: evaluación de matrices biológicas y biosustratos

Belen Canay Vazquez[1]; Natalia Ramos D' Elía[1]

[1] Sección Virología, Instituto de Biología y Química Biológica, Facultad de Ciencias, Udelar

belencanayy@gmail.com

La influenza porcina es una enfermedad respiratoria causada por el virus Influenza A que representa un importante problema sanitario y económico para la producción de cerdos. Estos animales cumplen un rol relevante en la ecología y evolución de los virus influenza, favoreciendo la aparición de variantes con potencial zoonótico. El aislamiento viral resulta fundamental para profundizar en la caracterización biológica de los virus circulantes y constituye una herramienta necesaria para futuros estudios asociados al desarrollo de estrategias de control y vacunas para la producción porcina nacional. Como antecedente, se contaba con muestras de saliva y de pulmón de cerdo positivas para Influenza A mediante RT-PCR. A partir de este hallazgo, el objetivo de este trabajo fue evaluar diferentes estrategias de procesamiento de muestras y distintos biosustratos para el aislamiento viral. Las muestras fueron procesadas mediante diferentes enfoques, incluyendo filtrado, tratamiento antibiótico y diluciones, con el fin de disminuir la contaminación microbiana y favorecer el aislamiento del virus. Las diferentes muestras fueron inoculadas en huevos embrionados de gallina de 9 días y/o en cultivos celulares MDCK (Madin-Darby Canine Kidney), realizando pasajes sucesivos según la estrategia utilizada. La identificación viral fue evaluada mediante inmunofluorescencia indirecta, utilizando un anticuerpo primario policlonal anti-Influenza y un anticuerpo secundario anti-mouse conjugado a Alexa Fluor 488®. Los resultados obtenidos confirmaron el aislamiento del virus a partir de la muestra de pulmón mediante la combinación de huevos embrionados y cultivos MDCK. Este es el primer aislamiento de un virus de la Influenza A identificado en cerdo en Uruguay previamente caracterizado a nivel genético por secuenciación masiva. Como continuación de este trabajo, se buscará obtener stocks virales de mayor título y se seguirán evaluando estrategias de aislamiento a partir de muestras de saliva, una matriz biológica más compleja debido a su elevada carga microbiana y presencia de contaminantes.

ID 95

SHA 17

La fosfatasa micobacteriana PtpA y su potencial rol inmunometabólico en un modelo celular de macrófagos

Gabriela Betancour Curutchet[1] ; Marina Forrellad[2] ; Fabiana Bigi[2] ; María Magdalena Portela[1,3] ; Andrea Villarino[1]

[1] Instituto de Biología, Sección Bioquímica, Universidad de la República, Facultad de Ciencias, Montevideo, Uruguay; [2] Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Buenos Aires, Argentina; [3] Unidad de Bioquímica y Proteómica Analíticas, Institut Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay

gbetancour@fcien.edu.uy

Para persistir dentro de los macrófagos humanos *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) introduce factores de virulencia como la fosfatasa de tirosina PtpA durante la infección. Dentro del macrófago PtpA interactúa con numerosas proteínas humanas, modulando distintas respuestas celulares del hospedero, incluyendo la inhibición de la maduración del fagosoma, la respuesta inmune innata y la apoptosis. Al momento no se han realizado estudios de proteómica diferencial de macrófagos infectados con una cepa conteniendo o no PtpA. En este trabajo se realizaron ensayos de infección de macrófagos derivados de monocitos THP-1 humanos con una cepa virulenta de Mtb conteniendo o no el gen de PtpA (*Mtb*CDC1551 y *Mtb*CDC1551ΔPtpA, respectivamente). Para los ensayos de proteómica diferencial se partió de seis replicas independientes de cada condición evaluada (macrófagos control sin infectar, infectados con la cepa wt, *Mtb*CDC1551, y con la cepa mutante, *Mtb*CDC1551ΔPtpA). Se observó homogeneidad entre las réplicas de cada condición, lográndose diferenciar claramente las muestras control de las infectadas, y se obtuvo un total de 2800 proteínas, lo que representa un 77% de cobertura. Además, el análisis diferencial mostró más de 50 proteínas diferenciales en la condición de infección con la cepa wt. En su conjunto estas representan diversos procesos biológicos que incluyen, por ejemplo, metabolismo, transducción de señales, respuesta inmune, transporte mediado por vesículas. Por otro lado, en estos datos se buscó los candidatos reportados como blancos de PtpA y sus vías asociadas, identificándose posibles nuevos candidatos no reportados previamente y que motiva estudios futuros.

ID 97

SHA 18

Aprendizaje profundo revela nuevos péptidos antimicrobianos encriptados derivados de cecropinas de insectos

Lorena Velásquez Mejía[1] ; Paola Scavone[2]; Marcelo Der Torossian Torres[3-6] ; Cesar de la Fuente-Nunez[3-6] ; Hyun-Su Lee[3-6] ; Jesús Alejandro Zamora-Briseño[1] ; Abraham Vidal-Limón[1]

[1] Red de Estudios Moleculares Avanzados, Instituto de Ecología A. C., Carretera Antigua a Coatepec 351, Xalapa, Veracruz CP 91073, México; [2] 2Laboratorio de Biofilms Microbianos, Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; [3] Machine Biology Group, Departments of Psychiatry and Microbiology, Institute for Biomedical Informatics, Institute for Translational Medicine and Therapeutics, Perelman School of Medicine, University of Pennsylvania, Philadelphia, Pennsylvania 19104, United States of America; [4] Departments of Bioengineering and Chemical and Biomolecular Engineering, School of Engineering and Applied Science, University of Pennsylvania, Philadelphia, Pennsylvania 19104, United States of America; [5] Department of Chemistry, School of Arts and Sciences, University of Pennsylvania, Philadelphia, Pennsylvania 19104, United States of America; [6] Penn Institute for Computational Science, University of Pennsylvania, Philadelphia, Pennsylvania 19104, United States of America.

lore01mejia@gmail.com

La resistencia antimicrobiana es un grave problema de salud mundial, lo que ha impulsado la búsqueda de nuevas moléculas con potencial antimicrobiano. Entre estas alternativas destacan los péptidos antimicrobianos (AMPs), reconocidos por su amplio espectro de actividad antimicrobiana y su papel fundamental en la respuesta inmune innata de los insectos. Las cecropinas son uno de los AMPs más estudiados en insectos y destacan por su actividad contra bacterias Gram-positivas y Gram-negativas. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue identificar y caracterizar AMPs encriptados a partir de proteomas de insectos mediante modelos basados en Inteligencia Artificial (IA). Utilizamos un modelo probabilístico de IA, los Modelos Ocultos de Markov, para identificar secuencias asociadas a cecropinas. A partir de las secuencias identificadas, se generaron péptidos encriptados más cortos, y con APEX, se predijeron los valores de concentración mínima inhibitoria (CMI). Con base en las puntuaciones obtenidas, se seleccionaron aquellos candidatos con mejores puntuaciones para realizar estudios de dinámica molecular y simular su interacción con bicapas de bacterias Gram-positivas y Gram-negativas. Finalmente, algunos de los candidatos más prometedores fueron seleccionados para su síntesis y evaluación experimental mediante bioensayos antimicrobianos, ensayos de dicroísmo celular y ensayos de citotoxicidad. Identificamos 308 secuencias de cecropinas; a partir de estas se generaron 465,674 péptidos encriptados y se seleccionaron siete candidatos para estudios de dinámica molecular. Posteriormente, se evaluó experimentalmente la actividad antimicrobiana frente a bacterias Gram-positivas y Gram-negativas. Entre ellos, el péptido encriptado 1 destacó por presentar una importante actividad antimicrobiana frente a *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Salmonella enterica*. Asimismo, el péptido encriptado 3 mostró actividad parcial contra algunos de los patógenos evaluados. Estos resultados sugieren que los AMPs encriptados identificados poseen potencial como candidatos antimicrobianos de amplio espectro.

ID 98 SHA 19

Estrategias antimicrobianas para el manejo de Enterobacterales productores de carbapenemasas

Federica Ferreira[1] ; Romina Papa Ezdra[1] ; Santiago Munilla[2] ; Matilde Outeda[2] ; Veronica Seija[2] ; Rafael Vignoli[1] ; Inés Bado[1]

[1] Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Udelar; [2] Facultad de Medicina, Udelar

fferreira@higiene.edu.uy

En los últimos años, los organismos multirresistentes representan una amenaza creciente para la salud pública, por lo que resulta fundamental generar información local de sensibilidad antibiótica mediante técnicas in vitro de evaluación de combinaciones, que no suelen implementarse de forma rutinaria en laboratorios clínicos debido a su elevada carga de trabajo. Nos propusimos determinar la sensibilidad de Enterobacterales productores de carbapenemasas (EPC) aislados de hemocultivos del Hospital de Clínicas, evaluando la CIM frente a aztreonam, ceftazidima-avibactam, piperacilina-tazobactam y plazomicina, y la actividad de la combinación aztreonam/piperacilina-tazobactam mediante método de checkerboard según recomendaciones CLSI 2026. Se analizaron 30 aislamientos clínicos: *K. pneumoniae* (14), *E. cloacae* (8), *C. freundii* (3), *E. coli* (2), *P. rettgeri, P. mirabilis* y *K. oxytoca.* Las carbapenemasas fueron NDM (23/30), KPC (6/30) y VIM (1/30). Todos los aislamientos fueron sensibles a plazomicina (CIM 0,25–1 µg/mL). En el caso de aztreonam, las cepas presentaron CIMs entre ≤0,06 y >256 µg/mL, con 19/30 aislamientos resistentes. Todos fueron resistentes a piperacilina-tazobactam (≥128–>256 µg/mL) y 21/30 a ceftazidime-avibactam. El índice de concentración inhibitoria fraccional (FICI) se calculó como la suma de las CIM fraccionales (CIM en combinación/CIM individual), utilizando rangos de 4–256 µg/mL para aztreonam y 0,25–256 µg/mL para piperacilina-tazobactam. La combinación mostró sinergia en 8/30 aislamientos, efecto indiferente en 2/30 y ausencia de inhibición en el resto del rango ensayado. Pese a la resistencia universal a piperacilina-tazobactam, la combinación con aztreonam mostró recuperación de actividad in vitro en 8 cepas. Asimismo, 4/8 aislamientos presentaron resistencia a aztreonam, recuperándose actividad in vitro para ambos antibióticos. Se destaca la heterogeneidad fenotípica de los aislamientos y la necesidad de explorar nuevas combinaciones terapéuticas in vitro en EPC.

ID 100 SHA 20

Portación de *Escherichia coli* multirresistente productora de BLEE y AmpC en gatos

Nadia Coppola Fon[1,2] ; Cecilia Fenocchi[1] ; Fernando Fumagalli[3] ; Virginia Garcia-Fulgueiras[1] ; Cesar Hernandez[3] ; Leonardo Lopez[1]; Rafael Vignoli[1]

[1] Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [2] Unidad Académica de Salud Pública Veterinaria, Departamento de Salud Pública, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República; [3] Unidad Académica de Semiología y Departamento de Ciencias Clínicas y Hospital Veterinario, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República

ncoppola@higiene.edu.uy

Introducción y objetivos: La diseminación de Enterobacterales productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y AmpC representa un importante desafío tanto para la medicina humana como veterinaria. Si bien estas bacterias han sido reportadas en diversas especies animales en Uruguay, los datos en gatos continúan siendo escasos. El objetivo de este estudio fue detectar *Escherichia coli* resistentes a cefalosporinas de tercera generación y caracterizar sus mecanismos de resistencia en gatos atendidos en un hospital veterinario universitario.

Métodos: Se realizó un estudio transversal en 50 gatos atendidos en un hospital veterinario universitario de Uruguay. Las muestras se cultivaron en medios suplementados con ceftriaxona. Los aislamientos fueron identificados como *E. coli* y se realizó el estudio de susceptibilidad antimicrobiana. La producción de betalactamasas se evaluó mediante métodos fenotípicos. Los genes de resistencia, incluyendo BLEE, AmpC y determinantes de resistencia a quinolonas mediada por plásmidos, fueron detectados por PCR.

Resultados: Quince de los 50 gatos (30%) presentaron aislamientos resistentes a ceftriaxona. Los 15 aislamientos de *E. coli* mostraron multirresistencia. Once aislamientos presentaron perfiles fenotípicos compatibles con producción de BLEE y cuatro con enzimas AmpC. El análisis molecular detectó los genes *blaCTX-M-15*, *blaCTX-M-55*, *blaCTX-M-2* y *blaCTX-M-8*, así como *blaCMY-2*. Cuatro aislamientos también portaban genes qnr asociados a resistencia a quinolonas mediada por plásmidos.

Conclusiones: Este estudio demuestra la presencia en Uruguay de *E. coli* multirresistente portadora de genes clínicamente relevantes de BLEE, AmpC y resistencia a quinolonas en gatos. Los animales de compañía podrían representar un reservorio de determinantes de resistencia transferibles, lo que resalta su relevancia en la vigilancia de la resistencia antimicrobiana.

ID 101 SHA 21

Genomic Characterization of *Staphylococcus* spp. Associated with Bovine Mastitis and Exploration of Bacteriophages as Targeted Biocontrol Agents

Ana Catalina Baserga[1] ; Natalia Echeverría[1,2] ; Victoria Iribarnegaray[3] ; Daniela Megrian[4] ; Juan Moreno[3]

[1] Laboratorio de Evolución Experimental de Virus, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay; [2] Laboratorio de Virología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo; [3] Departamento de Patobiología, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [4] Unidad de Bioinformática, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay

cata.baserga@gmail.com

Bovine mastitis is the most prevalent disease in dairy production worldwide and a major cause of economic losses in the livestock sector. In Uruguay, a leading milk exporter, mastitis negatively affects animal health, milk yield and quality, and requires costly therapeutic interventions.

Staphylococcus species, including *Staphylococcus aureus* and *non-aureus staphylococci (NAS)*, are among the most frequently isolated pathogens. Their ability to form biofilms represents a key virulence mechanism, conferring tolerance to antimicrobial treatments and host immune responses and contributing to chronic and recurrent infections. The widespread use of antibiotics has promoted the emergence of multidrug-resistant strains, highlighting the need for alternative and sustainable control strategies.

This study aims to characterize the genomic diversity of *Staphylococcus* spp. isolated from bovine mastitis cases in Uruguay and to predict their biofilm-forming capacity based on genomic content, with a view to developing phage-based biocontrol strategies. A representative subset of 48 isolates will be selected from a national collection of previously characterized strains, integrating phylogenetic, genotypic, and phenotypic data. Complete genome sequencing will be performed using Oxford Nanopore long-read technology to obtain high-quality chromosomal and plasmid assemblies. Comparative genomic analyses will be conducted to identify genetic determinants associated with biofilm formation, including alternative mechanisms in strains lacking canonical genes such as *icaA* or *bap*. Supervised machine learning models will be developed to predict biofilm-forming capacity from genomic features. In parallel, bacteriophages will be isolated and evaluated for lytic activity and *in vitro* antibiofilm potential against local *Staphylococcus* strains. This integrative approach is expected to generate complete and well-annotated genomes representative of *Staphylococcus* diversity in Uruguayan dairy systems, predictive tools for biofilm formation, and a preliminary panel of antibiofilm bacteriophages, contributing to improved surveillance and alternative control strategies for bovine mastitis.

Keywords: bovine mastitis, *Staphylococcus* spp., biofilm formation, bacteriophages, machine learning, antimicrobial resistance.

ID 104

SHA 22

Evaluación de la susceptibilidad a cefiderocol en aislamientos clínicos de *Klebsiella pneumoniae* multirresistente

Carmen Magallanes Charlone[1] ; Mercedes Castro[1] ; Magdalena Rodríguez[2] ; Graciella Malher[2] ; Alejandro Vila[3] ; Carolina Marquéz Villalba[1,4]

[1] Unidad de Microbiología Clínica, Departamento de Bioquímica Clínica, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [2] Laboratorio de Química Farmacéutica, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay; [3] Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario, CONICET, Universidad Nacional de Rosario, Argentina; [4] Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

carmenmagallanes15@gmail.com

Los aislamientos clínicos de *Klebsiella pneumoniae* productoras de carbapenemasas representan un importante problema de salud pública debido a las limitadas opciones terapéuticas disponibles para el tratamiento de infecciones causadas por estas bacterias multirresistentes. Cefiderocol es una cefalosporina sideróforo de última generación con actividad frente a bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas. En Uruguay, este antimicrobiano aún no se encuentra disponible para uso clínico. El objetivo de este estudio fue determinar la susceptibilidad al cefiderocol en *Klebsiella pneumoniae* multirresistente y explorar posibles mecanismos genéticos asociados con la disminución de la susceptibilidad. Se estudiaron 32 aislamientos clínicos de *K. pneumoniae* provenientes de distintos hospitales de Montevideo, recopilados entre 2017 y 2025. La colección incluyó cepas productoras de carbapenemasas tipo NDM y KPC, así como aislamientos productores de betalactamasa CTX-M-15. La susceptibilidad a cefiderocol se determinó mediante microdilución en caldo, siguiendo recomendaciones CLSI y EUCAST 2025, utilizando criterios interpretativos CLSI. Además, para el análisis de genes asociados a resistencia se empleó la secuenciación genómica completa Los valores de CIM oscilaron entre 0,125 y 16 µg/mL. Se observó 1 aislamiento resistente, 6 aislamientos con sensibilidad intermedia y 25 sensibles. La CIM50 y CIM90 fueron de 2 µg/mL y 8 µg/mL, respectivamente. Las cepas con valores de CIM más elevados correspondieron principalmente a productores de NDM-5; sin embargo, no se observó una correlación clara entre tipo de carbapenemasa y susceptibilidad a cefiderocol. El análisis del receptor sideróforo CirA no evidenció mutaciones asociadas a resistencia. Nuestros resultados evidencian la presencia de aislamientos con susceptibilidad disminuida a cefiderocol aun en ausencia de uso clínico del antimicrobiano, lo que sugiere que la resistencia a cefiderocol podría responder a mecanismos multifactoriales en la que la producción de carbapenemasas, las alteraciones de permeabilidad y los sistemas de captación de hierro podrían actuar de manera combinada.

ID 105 SHA 23

Análisis comparativo de PFGE y WGS para la caracterización genómica de *Listeria monocytogenes* en aislamientos de Uruguay

Gabriela Sosa[1] ; Valeria Braga[1] ; María Inés Mota[1] ; Gustavo Varela[1]

[1] Unidad de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Udelar

gsosa@higiene.edu.uy

Introducción: Listeriosis, causada por *Listeria monocytogenes*, es una enfermedad transmitida por alimentos contaminados que puede causar enfermedad invasiva grave, constituyendo un desafío para la salud pública.

Objetivo: Comparar la electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) y secuenciación genómica completa (WGS) en aislamientos de *L. monocytogenes* de diferentes orígenes, para evaluar el aporte del WGS en su caracterización molecular.

Metodología: Se analizaron 50 aislamientos de *L. monocytogenes* (38 humano, 8 alimentario y 4 animal) obtenidos entre 2010-2019, mediante PFGE y core genome multilocus sequence typing (cgMLST). Para PFGE se utilizó el protocolo de PulseNet con enzimas AscI y ApaI y se analizaron con BioNumerics versión 6.1. El cgMLST se determinó en el perfil alélico de 1748 loci del core genome, según esquema descrito por Moura et al., utilizando datos por WGS.

Resultados: El análisis por PFGE (AscI/ApaI) identificó 6 clusters (definidos como ≥2 aislamientos con perfiles idénticos para ambas enzimas), agrupando 26 aislamientos (52%). Los principales clusters correspondieron a los perfiles A4/P1 (n=9), A2/P2 (n=6) y A3/P2 (n=5).

El cgMLST identificó 43 perfiles (CT), 5 se encontraron repetidos (CT10711, CT271, CT10690, CT10737 y CT10740), definiendo 5 clusters que agruparon 12 aislamientos (24% del total), evidenciando menor agrupamiento que PFGE. Aislamientos con igual pulsotipo por PFGE fueron subdivididos en múltiples perfiles de cgMLST y diferentes perfiles de PFGE se agruparon en un mismo CT, evidenciando discrepancias. Este patrón fue evidente en CC3 (linaje II), donde perfiles de PFGE similares se asociaron a múltiples CT. El cgMLST mostró una mayor diversidad genética (índice de Simpson = 0,995) que PFGE (0,985), evidenciando una mayor capacidad discriminatoria.

Conclusiones: PFGE resulto útil para la caracterización inicial, presentando limitada resolución. WGS basado en cgMLST demostró mayor capacidad de discriminación genética, respaldando su utilidad como herramienta complementaria en vigilancia epidemiológica y caracterización molecular de *L. monocytogenes.*

ID 110

SHA 24

Primer estudio epidemiológico multitopográfico de VPH en pacientes con inmunosupresión celular en Uruguay: resultados preliminares

Cecilia D´Albora[1]; Victoria Frantchez[2]; Ximena Pazos[3]; Ignacio Moratorio[3] ; Pablo Lopez[4] ; Vania Medina[4]; Dione Curcho[4]; Paola Silveira[4]; Lucia Diz[5] ; Pilar Acosta y Lara[3]; Benedicta Caserta Orona[6]; Santiago Mirazo[1]

[1] Unidad de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Udelar; [2] Unidad Académica de. Infectología, Facultad de Medicina, Universidad de la República; [3] Unidad Académica de Gastroenterología, Facultad de Medicina, Universidad de la República; [4] Departamento de Laboratorio Clínico, Hospital de Clínicas; [5] Unidad Académica de. Ginecotocológica B, Facultad de Medicina, Universidad de la República; [6] Unidad Académica de Anatomía Patológica, Facultad de Medicina, Universidad de la República

cdalbora@higiene.edu.uy

Introducción: El Virus del Papiloma Humano (VPH) es la infección de transmisión sexual más común a nivel mundial. Los genotipos de alto riesgo oncogénico (VPH-AR) son responsables de la mayoría de los cánceres de tipo escamoso en varias localizaciones, especialmente en cuello uterino y ano. Las personas con inmunosupresión celular, tienen reducida su capacidad para controlar y eliminar la infección, lo que aumenta el riesgo de infecciones persistentes y desarrollo de cáncer.

Métodos: Estudio transversal con enrolamiento prospectivo de pacientes con fármacos que determinan inmunosupresión celular en el contexto de enfermedad inflamatoria sistémica (EAI), intestinal (EII), trasplante renal (TR) y pacientes con VIH atendidos en el Hospital de Clínicas. Se tomaron muestras anales, orales-orofaríngeas y cervicales. La caracterización de VPH se realizó mediante hibridación reversa seguida de dot blot para detectar hasta 37 genotipos. El estudio incluyó 68 pacientes (31 mujeres y 37 hombres) con una edad media de 47 años (18-76), distribuidos en 5 EAI, 30 EII, 17 TR y 16 VIH.

Resultados: En pacientes VIH se detectaron 25 genotipos distintos en muestras anales, 1 en cervicales y 6 en orales; en el grupo EII se hallaron 14 genotipos en muestras anales, 2 en cervicales y 3 en orales; en los pacientes TR se identificaron 6 genotipos en muestras anales, 4 en cervicales y 1 en orales; mientras que en el grupo con EAI se registraron 5 genotipos en muestra anales, 4 en cervicales y 1 genotipo no determinado a nivel oral. En el total de las muestras se identificaron hasta 15 genotipos distintos de VPH-AR y hasta 13 de bajo riesgo.

Conclusiones: Estos resultados muestran que los pacientes con inmunosupresión exhiben un patrón de coinfecciones múltiples con una amplia diversidad de genotipos en múltiples localizaciones. Este trabajo constituye el primer estudio epidemiológico multitopográfico con estas características en Uruguay.

ID 111

SHA 25

Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis aislados de tambos de Uruguay: una aproximación genómica

Martín Fraga Cotelo[1] ; Sofía Fernández-Ciganda[1] ; Nicole Kummel[2]; Agustín Martínez[2] ; Marina Maurente-Berón[1]

[1] Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular, Plataforma de Investigación en Salud Animal, INIA - La Estanzuela; [2] Equibiota SAS, Montevideo, Uruguay

mfraga@inia.org.uy

Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis es el agente etiológico de la paratuberculosis o enfermedad de Johne. La paratuberculosis es una enfermedad crónica de lento desarrollo, que afecta a los rumiantes y tiene impacto tanto sanitario como en la en la producción. En nuestro país el ganado lechero se ve particularmente afectado. En este trabajo se evaluaron 15 aislamientos de *Mycobacterium avium* paratuberculosis aisladas de tambos de Uruguay mediante (i) detección de genes de resistencia antimicrobiana y virulencia, (ii) filogenia basada en SNPs frente a un panel de 20 genomas RefSeq con metadata geográfica, se construyó un conjunto de core SNPs compartidos y se estimó un árbol de máxima verosimilitud con IQ-TREE (modelo GTR+G; UFBoot 1000) para visualizar el agrupamiento relativo de queries y referencias. Para los vecinos principales se recuperó metadata pública disponible (BioSample, aislamiento/host y localización) cuando existía. Los 15 aislamientos se agrupan como un clado, indicando alta afinidad genética interna frente al panel de referencias. El árbol SNP-based mostró un clado compacto que agrupa las 15 muestras, con longitudes de rama muy pequeñas. La información disponible indica alta cercanía relativa dentro del panel, aunque la resolución filogenética fina depende de la cantidad de sitios comparables y de la completitud del panel de referencia. En el screening de ResFinder/abricate, la mayoría de los aislamientos no presentó genes de resistencia detectables. Se observó un hallazgo aislado de *fosB1* (identidad ~99.8%) en una muestra, sin otros determinantes detectados en el conjunto mostrado. Esto sugiere baja carga de genes de resistencia adquiridos en el set analizado por esta aproximación. Este enfoque es útil como primera etapa de contextualización genómica para vigilancia e interpretación comparativa, y puede ampliarse incorporando paneles de referencia con mayor diversidad y metadata geográfica/epidemiológica más completa para fortalecer inferencias regionales.

ID 130 SHA 26

Bioprospección de *Streptomyces* sp. marino como fuente de compuestos citotóxicos en líneas celulares de cáncer pediátrico

Lizbedalia Gonzalez Jesus[1]; Cesar Iglesias Santos[2]; Rebeca Santes Palacios[1]; Wendy Escobedo Hinojosa[1]; Alejandra Prieto Davó[1]

[1] UNAM; [2] Facultad de Química, UdelaR, Uruguay

lizbedaliag@gmail.com

Los actinomicetos marinos representan una fuente relevante de metabolitos secundarios con diversas aplicaciones biomédicas. En particular, el género *Streptomyces* ha sido ampliamente reconocido por su capacidad de producir compuestos con actividad antimicrobiana y antitumoral. Recientemente se aisló una cepa de actinomiceto de un cenote costero ubicado en Yucatán, México, identificada mediante estudios moleculares basados en la secuenciación del gen ARNr 16S como *Streptomyces* sp. Por lo tanto, en este trabajo se evaluó la posible actividad citotóxica del extracto etanólico y las fracciones de esta cepa en líneas celulares pediátricas cancerosas, incluyendo rabdomiosarcoma (RMS), carcinoma hepatocelular (HepG2) y sarcoma de Ewing (A-673). Las fracciones del extracto mostraron actividad citotóxica en las tres líneas celulares, donde de las 11 fracciones evaluadas, 8 mostraron actividad citotóxica estadísticamente significativa en la línea celular RMS a concentraciones de 500 ng/mL, lo que sugiere un efecto selectivo hacia este tipo de cáncer. Además, se exploró la influencia de las fracciones con mayor citotoxicidad sobre la expresión génica de los citocromos P450 (CYP2E1 y CYP3A5) y transportadores de tipo ABC (ABCC1) asociados a la quimiorresistencia. La fracción 10 incrementó la expresión de CYP3A5, mientras que la expresión de ABCC1 se vio aumentada por las fracciones 7 y 9. Los niveles de CYP2E1 no se modificaron en presencia del extracto o sus fracciones. En conclusión, los hallazgos de este trabajo evidencian que los metabolitos derivados de *Streptomyces* sp. no solo poseen actividad citotóxica, sino que también interactúan con mecanismos moleculares vinculados a la quimiorresistencia. Por lo tanto, los actinomicetos marinos de cenotes costeros se perfilan como fuentes potenciales en la búsqueda de compuestos bioactivos para el desarrollo de nuevos agentes contra el cáncer pediátrico.

ID 132

SHA 27

Evaluación de la actividad de bacteriófagos sobre biofilms de *Klebsiella pneumoniae* de relevancia clínica

Federica Ferreira[1]; Julieta Gurmendez[2,4]; Romina Papa Ezdra[1]; Veronica Seija[3]; Rafael Vignoli[1]; Inés Bado[1]; Natalia Echeverría Chagas[2,4]

[1] Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Udelar; [2] Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Investigaciones Nucleares, Facultad de Ciencias, [3] Unidad Académica Laboratorio de Patología Clínica, Área Microbiología, Hospital de Clínicas, Facultad de Medicina, UdelaR, [4] Laboratorio de Evolución Experimental de Virus, Institut Pasteur de Montevideo

fferreira@higiene.edu.uy

La creciente prevalencia de infecciones por microorganismos multirresistentes representa un desafío clínico debido a la limitada disponibilidad de opciones terapéuticas. Se cobra mayor importancia cuando estos microorganismos se encuentran ocasionando infecciones tales como bacteriemias. *Klebsiella pneumoniae* se destaca como uno de los principales patógenos nosocomiales implicados en infecciones multirresistentes, con mortalidades que pueden superar el 40% en cepas productoras de carbapenemasas. En este contexto, los bacteriófagos virulentos han re emergido como una estrategia terapéutica prometedora. Nos propusimos evaluar la capacidad de dos bacteriófagos estrictamente líticos para erradicar biofilms preformados de una cepa clínica de *K. pneumoniae* de relevancia clínica. Se partió de una colección de 20 aislamientos clínicos de hemocultivos del Hospital de Clínicas, previamente caracterizados mediante WGS para identificar mecanismos de resistencia antibiótica y fágica. Se seleccionó una cepa multirresistente de *K. pneumoniae* (IH5) debido a la presencia de genes de resistencia a β-lactámicos, (*blaKPC-2*), aminoglucósidos, quinolonas, macrólidos, fosfomicina, tetraciclinas y sulfonamidas, además de su fuerte capacidad de formación de biofilm, para evaluar la actividad fágica de Roth 22 y de Roth 68. La capacidad de dichos bacteriófagos para reducir biofilms preformados se evaluó mediante un ensayo de reducción de biomasa, comparando la biomasa residual con controles no tratados. Asimismo, IH5 presentó múltiples sistemas de defensa anti-fago, incluyendo mecanismos de restricción-modificación, infección abortiva y sistemas toxina-antitoxina. Finalmente, ninguno de los bacteriófagos logró reducir significativamente la biomasa del biofilm de IH5 respecto a los controles no tratados, observándose incluso una tendencia al aumento de la biomasa residual. Este fenómeno podría deberse a la presencia de respuestas adaptativas frente a la presión fágica que favorecen la persistencia bacteriana en biofilms, como se ha reportado en diversos estudios.

ID 133 SHA 28

Explorando el diálogo entre la microbiota intestinal y la obesidad con un modelo murino

Lucia Bonanni Iturria[1]; Andrés Parada[2]; Karina Cal[3]; Carlos Escande[3]

[1] Laboratorio Genómica Microbiana, Institut Pasteur Montevideo; [2] Depto Ecologia y Evolucion, Facultad de Ciencias, Udelar; [3] Patologías del Metabolismo y el Envejecimiento, Institut Pasteur Montevideo

luciabonanni7@gmail.com

La obesidad es un trastorno metabólico cuya prevalencia en Uruguay (65%) supera el promedio mundial, predisponiendo a resistencia a la insulina y enfermedades cardiovasculares. Una nueva droga anti-obesidad (NDAO) demostró promover la pérdida de peso sin alterar la ingesta calórica al inducir termogénesis en el tejido adiposo, mejorando las comorbilidades asociadas. Dado el rol de la microbiota intestinal (MI) en la fisiopatología de la obesidad y que esta droga presenta circulación enterohepática, interesa evaluar su impacto sobre la MI. Hipotetizamos que el fármaco modula la estructura de la MI, contribuyendo a sus efectos metabólicos beneficiosos. Se utilizaron ratones machos C57BL/6 divididos en 3 grupos: dieta normal (ND), dieta rica en grasas (HFD) en presencia y ausencia del compuesto, durante 8 semanas. Se extrajo ADN genómico de las fecas y se realizó la caracterización taxonómica mediante la secuenciación del gen 16S rRNA (regiones V1-V9) utilizando tecnología Oxford Nanopore. El análisis bioinformático se realizó con la pipeline Porefile y con paquetes del lenguaje R, evaluando diferencias en diversidad alfa y beta, comparando redes de asociación y detectando biomarcadores mediante los métodos LEfSe y MaAslin3. En todo el dataset se lograron identificar 42 especies y en total unos 75 taxones. Pese a que no se encontraron diferencias en la alfa diversidad entre ambos tratamientos, la modulación farmacológica generó un cambio significativo en la composición de la MI (Beta diversidad, PERMANOVA p=0.003) respecto al grupo HFD, estableciendo un nuevo estado comunitario. El análisis de componentes principales (PCA) mostró que los primeros tres componentes explican el 52.5% de la varianza entre grupos. Este nuevo fármaco fue capaz de modificar las redes de correlación bacteriana, aumentando el número de especies conectoras y transformando la red de forma cualitativa en comparación al grupo HFD. Asimismo, se identificaron especies biomarcadoras para el tratamiento con HFD en presencia y ausencia de la droga. Podemos concluir que tanto una dieta rica en grasas como este tratamiento farmacológico anti-obesidad modulan significativamente la microbiota intestinal. Este nuevo compuesto podría estar afectando la estructura comunitaria bacteriana, contribuyendo a revertir la obesidad y sus patologías asociadas.

XVI Congreso Nacional de Microbiología

VI Encuentro Nacional de Jóvenes Investigadores e Microbiología

Universidad Católica del Uruguay. Montevideo, Uruguay

SUM

SOCIEDAD URUGUAYA DE Microbiología