



ASOCIACIÓN LATINOAMERICANA
DE MICROBIOLOGÍA

ALAM 2025



XXVII

CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

SANTO DOMINGO - REPÚBLICA DOMINICANA

12-14 Noviembre 2025

LIBRO DE

RESÚMENES



CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

XXVII

**ALAM
2025**



XXVII CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

SANTO DOMINGO - REPÚBLICA DOMINICANA

12-14 Noviembre 2025

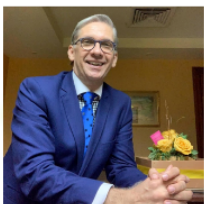


COMITÉ EJECUTIVO



Prof. Dr. Modesto Cruz

M.D.; Ph.D.
Presidente ALAM



Dr. Carlos Rodríguez-Taveras

M.D.; MSc.
Primer vicepresidente



Dra. Magaly Estrella

Sociedad Ecuatoriana de Microbiología
Segundo vicepresidente



Prof. Dr. Luis Henrique Souza Guimarães

Sociedad Brasileña de Microbiología
Tercer vicepresidente



Maestra Mildre Disla

BSc., MSc
Secretaria General



Dr. José Díaz Aquino

M.D.; MSc
Prosecretario



Maestra Ramona Hernández

MSc
Secretaria de Asuntos Académicos

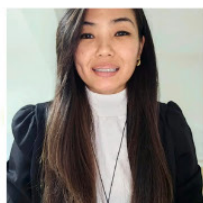


COMITÉ EJECUTIVO



Dr. Genaro Reynoso

Ph.D
Tesorero



Lic. Akemi Tabata

BSc., MSc
Protesorero



Dra. María Isabel Veiga

Ph.D
1er Vocal



Licdo. Isaac Miguel

MSc
2do Vocal



Lic. Celenia Fermín

BSc., MSc
3ra Vocal



COMITÉ CIENTÍFICO

- **Modesto Cruz** Republica Dominicana
- **Fernando Vallente** Chile
- **Adriana Sucari** Argentina
- **Luis Henrique** Brazil
- **Jorge Olivares** Chile
- **Patricia Aguila** Chile
- **Howard Junca** Colombia
- **Victor M Tibatá** Colombia
- **Rafael Giraldo** España
- **Angel Vizoso Vazquez** España
- **Melisa Florentín** Paraguay
- **José Pereira** Paraguay
- **Maria Isabel Velga** Portugal
- **Ana Celia Valenzuela** Republica Dominicana
- **Blaine Baez** Republica Dominicana
- **Genaro Reynoso** Republica Dominicana
- **Jackeline Alger** Republica Dominicana



AGRADECIMIENTOS

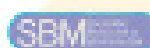
- **Maestro Ediltrudis Beltrán Crisóstomo** – Rector UASD
- **Dr. Radhamés Silverio González** – Vicerrector de Investigación y Postgrado
- **Maestro Wilson A. Mejía** – Vicerrector Docente
- **Lic. Ramón A. Desangles** – Vicerrector Administrativo
- **Dra. Rosalía Sosa Pérez** – Vicerrectora de Extensión Universidad
- **Mtro. José Ferreira Capellán** – Decano de la Facultad de Ciencias
- **Mtro. Franklin Suzaña** – Vicedecano de la Facultad de Ciencias
- **Ing. Omar J. Segura A.** – Decano de la Facultad de Ingeniería y Arquitectura
- **Dra. Justina Chávez M.** – Vicedecana de la Facultad de Ingeniería y Arquitectura
- **Dr. Mario S. Uffre C.** – Decano de la Facultad de Ciencias de la Salud
- **Dra. Zelandia Mates** – Vicedecana de la Facultad de Ciencias de la Salud
- **Dr. Antonio Ciriaco Cruz** – Decano de la Facultad de Ciencias Económicas y Sociales
- **Mtra. Maribel Lorenzo** – Vicedecana de la Facultad de Ciencias Económicas y Sociales
- **Ing. Julio C. Borbón R.** – Decano de la Facultad de Ciencias Agronómicas y Veterinarias
- **M.V. Argentina Figueroa Espinosa** – Vicedecana Facultad de Ciencias Agronómicas y Veterinarias
- **Lic. Rita Solís** – Presidente del Colegio Dominicano de Bioanalistas, CODOBIO 2025–2027
- **Magistrado Dr. Manuel Ramón Herrera Carbuccia** – Presidente de la Academia de Ciencias de la República Dominicana (ACRD)



PATROCINADORES



SOCIEDADES CIENTÍFICAS





CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

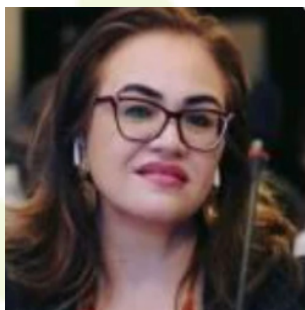
XXVII

PLENARIAS



El Lado Oscuro de la Resistencia Antimicrobiana y su Impacto en la población

Carlos Rodríguez Taveras, Jefe del Servicio de. Infectología del Instituto de Oncología "Dr. Heriberto Pieter", Santo Domingo. Instituto de Microbiología y Parasitología, IMPA, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Santo Domingo, UASD, Rep. Dominicana



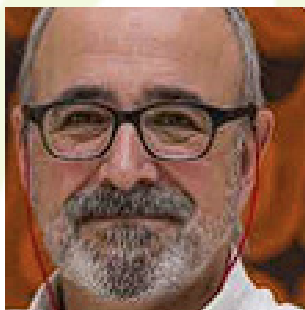
Dengue y Chikungunya, una amenaza constante para la salud pública en las Américas

Leticia Franco, Organización Panamericana de Salud (OPS)



Cracking the Code of Malaria Resistance. From molecules to medicine: understanding malaria resistance to inspire the next generation of solutions.

Maria Isabel Veiga, Life and Health Science Research Institute (ICVS), School of Medicine | University of Minho & ICVS/3B's Portuguese Government Associate Laboratory | 4710-057 Braga | Portugal



Divulgación y comunicación de la Microbiología desde una Sociedad Científica: retos y oportunidades

Ignacio López-Goñi, Universidad de Navarra, Microbiología y Parasitología, Ciencias y Medicina, Campus universitario, Pamplona, España



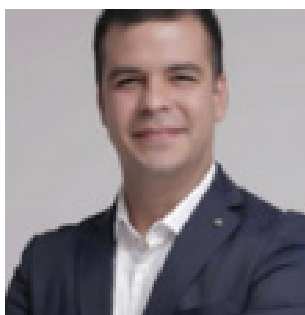
CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

XXVII

SIMPOSIOS



**ENFERMEDADES TROPICALES
DESATENDIDAS QUE AFECTAN PIEL
EN LAS AMÉRICAS**



Aspectos Clínicos y Epidemiológicos de las Enfermedades Tropicales Desatendidas que Afectan la Piel en las Américas.

José Guillermo Pereira Brunelli⁽¹⁾

(1) Center for Dermatological Diseases – Ministry of Health Paraguay, Microbiology Laboratory, Dr. Pellón and Azara, San Lorenzo, Paraguay

Las enfermedades tropicales desatendidas (ETD) que comprometen la piel representan un importante desafío de salud pública en las Américas, con un fuerte impacto social, estigmatización y secuelas discapacitantes. Entre ellas, la lepra, la leishmaniasis tegumentaria y las micosis constituyen las entidades de mayor relevancia clínica y epidemiológica.

La lepra, causada por *Mycobacterium leprae* y *Mycobacterium lepromatosis*, persiste en áreas endémicas de América Latina, con focos activos en Brasil, Paraguay y otros países. La transmisión está asociada a determinantes sociales y ambientales, y la detección temprana sigue siendo un reto. Clínicamente se presenta con lesiones hipopigmentadas, eritematosas o infiltradas, frecuentemente con compromiso neural. El diagnóstico integra baciloscopia, histopatología, serología anti-PGL-1 y PCR, siendo esta última clave en formas paucibacilares y casos de difícil clasificación.

La leishmaniasis tegumentaria, producida por especies de *Leishmania*, se distribuye ampliamente en la región, especialmente en zonas rurales y periurbanas. Su presentación clínica incluye úlceras cutáneas y lesiones mucosas de evolución crónica, con gran morbilidad. El diagnóstico se basa en la combinación de examen parasitológico directo, cultivo, histopatología, pruebas serológicas y métodos moleculares que permiten la identificación de especies y la vigilancia epidemiológica. Las micosis de importancia en la región abarcan formas subcutáneas, como esporotricosis, micetoma y cromoblastomycosis, así como sistémicas endémicas como histoplasmosis y paracoccidioidomycosis. Estas últimas afectan principalmente a varones en áreas rurales, con compromiso pulmonar, mucocutáneo y sistémico, y alta carga de enfermedad en población vulnerable e

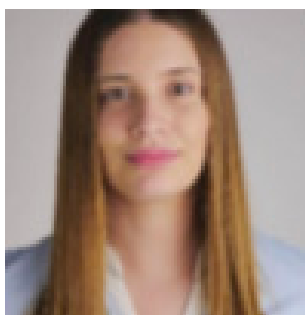


inmunocomprometida. Su diagnóstico combina examen micológico directo, cultivo, histopatología, pruebas serológicas y técnicas moleculares de alta sensibilidad.

En conjunto, estas ETD reflejan profundas inequidades sociales y dificultades en el acceso al diagnóstico precoz y tratamiento oportuno. La integración de nuevas tecnologías moleculares, la mejora en los sistemas de vigilancia y el fortalecimiento de programas de control son fundamentales para reducir su impacto.

Palabras clave: Lepra, Leishmaniasis, Micosis endémicas, Epidemiología, Diagnóstico, Enfermedades Tropicales Desatendidas.

Keywords: Lepra, Leishmaniasis, Micosis endémicas, Diagnóstico, Enfermedades Tropicales Desatendidas



Avances del Diagnóstico Microbiológico de ETD Cutáneas: Integrando Métodos Clásicos y Alternativas Innovadoras

Amiliana Pineda¹

⁽¹⁾ Centro de Especialidades Dermatológicas - Programa Nacional de Control de la Lepra, Laboratorio de Microbiología, Paraguay

Las enfermedades tropicales desatendidas (ETD) de manifestación cutánea, como la leishmaniasis, la lepra, la cromoblastomycosis y los micetomas, representan un desafío persistente en salud pública, especialmente en regiones endémicas con recursos limitados. Esta presentación aborda los avances recientes en el diagnóstico microbiológico de estas patologías, integrando métodos clásicos con tecnologías emergentes que permiten mejorar la precisión, rapidez y accesibilidad del diagnóstico.

En el caso de la lepra, se enfatiza el uso de la baciloscopia, la serología anti-PGL-I y la PCR como herramientas complementarias, mientras que para la leishmaniasis tegumentaria se discuten los métodos parasitológicos directos y la utilidad de los métodos moleculares en casos de baja carga parasitaria.

La cromoblastomycosis y los micetomas, por su diversidad etiológica y presentación clínica variable, requieren abordajes integrados. Se presentan avances en el uso de espectrometría de masas MALDI-TOF MS para la identificación rápida de agentes fúngicos, así como el desarrollo de algoritmos diagnósticos visuales y matrices de decisión que facilitan la interpretación clínica y microbiológica. Asimismo, se destaca la importancia de incorporar tecnologías como la secuenciación genética.

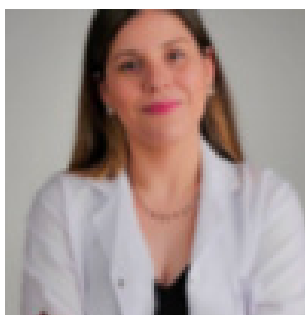
El conjunto de estas herramientas permiten optimizar el diagnóstico en tiempo real, mejorar la vigilancia epidemiológica y orientar el tratamiento oportuno.

Finalmente, se propone un modelo de integración diagnóstica que combina la experiencia clínica, los métodos convencionales y las alternativas innovadoras, adaptado a las realidades locales. Se enfatiza la necesidad de fortalecer la capacitación del personal de salud, la estandarización



de protocolos y la colaboración interdisciplinaria para enfrentar el reto diagnóstico de las ETD cutáneas con enfoque de equidad, calidad y sostenibilidad.

Keywords: Enfermedades Cutáneas Desatendidas, Diagnóstico Integrado, Micobiología clínica, Diagnóstico microbiológico



Variabilidad genética en micosis endémicas: un enfoque en las ETDs fúngicas de la región

Melisa Florentin¹

⁽¹⁾ Centro de Especialidades Dermatológicas, Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, San Lorenzo, Paraguay

Las micosis endémicas como la paracoccidioidomicosis, la histoplasmosis y la coccidioidomicosis representan un desafío creciente para la salud pública en América Latina. Estas enfermedades, reconocidas como parte de las enfermedades tropicales desatendidas (ETDs), están ligadas a condiciones socioambientales y muestran una amplia variabilidad genética en sus agentes etiológicos, lo cual influye en su epidemiología, diagnóstico y manejo clínico. Si bien Brasil concentra la mayoría de casos de paracoccidioidomicosis, y México y el suroeste de EE. UU. presentan una alta carga de coccidioidomicosis, en Paraguay, Colombia y Argentina se documentan series clínicas relevantes de histoplasmosis y paracoccidioidomicosis, reflejando la diversidad regional. Analizar la variabilidad genética de los agentes causales de micosis endémicas en América Latina, con énfasis en Paracoccidioides, Histoplasma y Coccidioides, y discutir su importancia epidemiológica como clínica es sumamente importante.

Se revisaron datos epidemiológicos regionales y estudios de genética molecular publicados en América Latina, incluyendo secuenciación de genoma completo, secuenciación de multilocus (MLST) y análisis filogenéticos de genes nucleares y mitocondriales. Además, se incorporaron experiencias clínicas reportadas en Brasil, México, Colombia, Paraguay y Argentina, así como bases de datos internacionales.

En Paraguay, mediante análisis de MLST, se evaluó la variabilidad genética de aislados de Histoplasma y Paracoccidioides. En Histoplasma, los aislados paraguayos conformaron un clado monofilético propio, agrupado dentro del clado LamB, evidenciando una diferenciación regional significativa. Para Paracoccidioides, los aislados paraguayos se distribuyeron dentro de la especie P. brasiliensis, identificándose los subtipos A y B, además de una cepa mixta A/B, lo que resalta la complejidad genética de la población local.

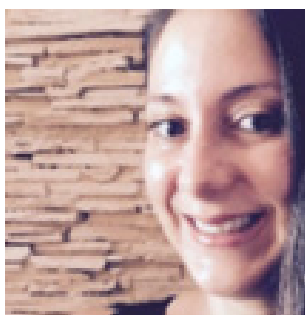


La variabilidad genética de los aislados de micosis endémicas en Latinoamérica constituye un reto para la estandarización diagnóstica y terapéutica, pero a la vez abre oportunidades para el desarrollo de herramientas moleculares y programas de vigilancia regional. Reconocer estas enfermedades como ETDs fúngicas prioritarias permitirá avanzar hacia su inclusión en políticas sanitarias y de investigación en la región.

Keywords: ETDs, Variabilidad genética, micosis sistémicas



**DESAFÍO EN EL DESARROLLO Y
UTILIZACIÓN DE BIOPRODUCTOS
EN BASE A BACTERIÓFAGOS EN
LATINOAMÉRICA**



Desafíos en cuanto a la legislación de bioproductos en base a fagos realidad Chile y sudamericana

Dacil Rivera¹

⁽¹⁾ Universidad de Las Américas, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Av. Walker Martínez 1360, Santiago, Chile

El uso de bacteriófagos como bioproductos para el control de bacterias patógenas ha emergido como una alternativa prometedora frente a la creciente resistencia antimicrobiana. Sin embargo, su implementación en sistemas agroalimentarios se ve obstaculizada por la falta de marcos regulatorios claros y actualizados en varios países sudamericanos, incluida Chile. En el caso chileno, no existe actualmente una normativa específica que regule el uso de fagos en producción animal o alimentos, lo que obliga a investigadores y empresas a adaptarse a normativas diseñadas para productos químicos o biológicos convencionales. Además, la ausencia de categorías regulatorias diferenciadas dentro del Instituto de Salud Pública (ISP) o del Servicio Agrícola y Ganadero (SAG) complica la evaluación y autorización de estos productos, generando barreras para la transferencia tecnológica e innovación en áreas como la prevención de bacterias patógenas, de transmisión zoonótica y resistentes a los antimicrobianos. Y también, se contextualizarán los principales desafíos legislativos que enfrentan los bioproductos fágicos en Sudamérica, como la ambigüedad en su clasificación normativa (medicamento, aditivo o biocontrolador), la ausencia de guías técnicas para evaluación de riesgo, y la necesidad de capacidades institucionales para abordar aspectos como eficacia, estabilidad y trazabilidad. A través de una revisión documental de actores claves del ámbito académico, productivo y regulatorio.

Finalmente, se propone una hoja de ruta para la armonización normativa regional que considere las particularidades de los fagos, su especificidad biológica y su potencial en estrategias sustentables de salud pública y producción animal bajo el enfoque Una Salud.

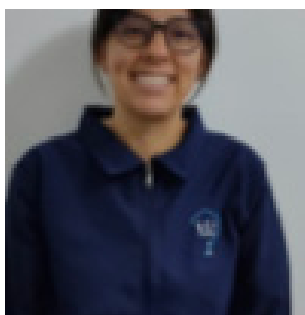
Keywords: bacteriófagos, legislación bioproductos,



bacteriofagos latinoamérica

Financing: Este trabajo fue desarrollado con apoyo institucional de la Universidad de Las Américas, La Agencia Nacional de Inocuidad Alimentaria de Chile.

Acknowledgments: Red Latinoamerica de Bacteriófagos



Innovación en inocuidad alimentaria: Desarrollo de productos a base de fagos modelo

Laura Ximena Henao Herreño¹, Laura Alejandra Morales Lopez¹, Santiago Hernández Villamizar¹, Ana Karina Carrascal Camacho², Viviana Clavijo¹

⁽¹⁾ Ciencia y Tecnología de Fagos Sciphage SAS, Mosquera, Colombia, Mosquera, Colombia

⁽²⁾ Pontificia Universidad Javeriana, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Bogotá, Colombia

La proteína animal representa un mercado clave para la seguridad alimentaria global. Garantizar la inocuidad exige el control riguroso de bacterias patógenas desde la producción hasta el consumo. Esto es esencial para proteger la salud pública, asegurar la calidad de los alimentos y mantener la sanidad animal. Actualmente, el control se basa en antimicrobianos, desinfectantes y tratamientos térmicos, que presentan limitaciones como la resistencia microbiana, la alteración de la calidad del producto y una eficacia limitada.

En este contexto, los bacteriófagos emergen como una alternativa innovadora, segura, y sostenible que supera estas limitaciones. Sciphage, empresa con más de 15 años de experiencia, ha logrado prevenir la salmonelosis en granjas avícolas mediante fagos específicos contra *Salmonella* spp. y está desarrollando un cóctel para controlar *Listeria monocytogenes* en productos cárnicos listos para el consumo.

La salmonelosis representa un problema crítico en aves. El cóctel SalmoFree ha sido validado en pollos de engorde (7 millones), gallinas ponedoras (395 mil) y reproductoras (422 mil). Sus hospederos incluyen serotipos relevantes en salud pública (e.g. *Salmonella enteritidis*, *S. typhimurium*, y *S. infantis*) y aviar (e.g. *Salmonella gallinarum* y *S. pullorum*). En pollos de engorde, SalmoFree ha logrado una detección del 0% de *Salmonella* spp. en plantas de procesamiento. Su aplicación temprana ha prevenido la salmonelosis y mejorando parámetros zootécnicos como la producción de huevos.

Respecto a *L. monocytogenes*, patógeno que causa listeriosis, enfermedad grave en mujeres embarazadas,



adultos mayores e inmunosuprimidos, se formuló un cóctel de fagos dirigido a cepas colombianas. Se aislaron y purificaron fagos a partir de zonas líticas observadas. Su caracterización incluyó curvas de infección, evaluación de rango de hospedero, eficiencia de infección y estabilidad frente a distintas condiciones de pH, temperatura y salinidad. El análisis genómico confirmó la ausencia de genes asociados a toxinas, resistencia a antibióticos o lisogenia. En total, se obtuvieron al menos tres fagos con los criterios para integrar el cóctel.

El simposio ofrecerá una mirada integrada al desarrollo de productos de bacteriófagos con alto potencial de escalamiento, resaltando su aplicabilidad en distintos puntos de la cadena de producción y su aporte a la bioeconomía.

Keywords: Inocuidad alimentaria, Bacteriófagos, Fagoterapia, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp.

Financing: La presente investigación contó con el apoyo del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de Colombia (MinCiencias), en el marco de la Convocatoria Orquídeas 2024–2025.



Bacteriophages to Combat Antimicrobial Resistance in Colombia: Advances in Human and Environmental Health Strategies

J Natalia Jiménez Q¹

(¹) Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada - MICROBA, Escuela de Microbiología, calle 67 No. 53 - 108, Medellín, Colombia

IntroductionAntibiotic resistance represents a critical global health crisis, with profound implications for human, animal, and environmental health. Addressing this challenge requires innovative, targeted interventions framed within a One Health perspective. Lytic bacteriophages have emerged as promising biocontrol agents against multidrug-resistant bacteria and biofilms. This study aimed to develop and evaluate a bacteriophage-based strategy for Colombia to control β -lactam-resistant *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, and *Staphylococcus aureus*, clones of major epidemiological relevance.

MethodsAn experimental design was implemented using samples collected from wastewater, soil, and nasal swabs from humans and animals. Phages were isolated using both susceptible and β -lactam-resistant strains. Biological, structural, and genomic characterizations were performed to select the most effective lytic phages. Eighteen phages were isolated and tested: 6 targeting *K. pneumoniae*, 5 *S. aureus*, and 7 *E. coli*. Biocontrol assays were conducted in synthetic wastewater, ceramic surfaces, and biofilm models to assess efficacy in diverse matrices. Application strategies included single phage doses, multiple doses, and sequential administration of phage cocktails.

ResultsAll phages showed 100% genus specificity. Three *K. pneumoniae* phages were specific to GC258 (56–60%), and two targeted ST307 (66–93%). Cocktails expanded host range to 85.7% of strains, including GC258 (80.7%) and ST307 (93.7%). *S. aureus* phages were active against CC8 (57–63.6%) with cocktails increasing lytic activity to 72.7%. Two *E. coli* phages targeted B2 phylogroup (35%), enhanced to 65% by cocktails. In wastewater, individual phages reduced carbapenem-resistant *K. pneumoniae* by 99% (2.9 Log), and cocktails achieved 99.99% (4.12 Log). For ESBL-producing *E. coli*, reductions reached 99% (2.1 Log) and 99.9% (3.1 Log).



On ceramic surfaces, phages eliminated >90% of *K. pneumoniae* within 15 minutes. *S. aureus* phages demonstrated antibiofilm activity.

Conclusion These findings demonstrate the high specificity and biocontrol potential of bacteriophages against key multidrug-resistant clones. The study supports integrating phage-based interventions into Colombia's AMR strategy, with applications in both clinical and environmental settings under a One Health framework.

Keywords: Bacteriophages, Antimicrobial Resistance, One Health, Colombia

Acknowledgments: MINCIENCIAS -Colombia- Project 111589785393



PhageLab – Resistiendo la resistencia: Fagos, Bacterias & Ciencia.

Pablo Cifuentes¹, Hans Pieringer¹

⁽¹⁾ PhageLab, Technology, Avenida Vicuña Mackenna 4860
– Centro de Innovación UC – Piso 5, Santiago, Chile

La resistencia a antimicrobianos es un problema a nivel global y parte de la estrategia para su lucha es reducir su uso en la producción intensiva de animales. PhageLab, una empresa de biotecnología con más de 15 años de experiencia en Salud Animal, ha desarrollado una plataforma para eliminar bacterias utilizando bacteriófagos (fagos) y datos. Esta plataforma está compuesta por 3 pilares: (i) Bacteriófagos, virus altamente específicos con capacidad para eliminar bacterias multirresistentes a antimicrobianos, (ii) un algoritmo basado en bioinformática y machine Learning para identificar los targets y crear soluciones específicas, y (iii) una línea de producción masiva de calidad mundial. Esta plataforma permitió crear 3 productos a la fecha, con espectaculares resultados en campo y sólida evidencia científica.

Esta presentación resume 15 años de desarrollo de tecnologías de alto impacto y los resultados detrás de la plataforma anti-bacteria más grande del planeta.

Keywords: Bacteriófagos, Antimicrobianos, Resistencia, Bacterias, Datos

Financing: Este trabajo ha sido apoyado principalmente por capital privado.

Acknowledgments: Agradecemos a todo el equipo de PhageLab, cuyo trabajo y esfuerzo han sido fundamentales en este proceso. También agradecemos a nuestros accionistas y stakeholders, por su apoyo y confianza en el proyecto.



**ANTIMALARIAL DRUG RESISTANCE:
EMERGING CHALLENGES AND
MOLECULAR INSIGHTS**



Silent Malaria: When Tests Fail and Genes Speak – Evidence from the Dominican Republic

Maria Isabel Veiga^{1,2}, Francisco Cuevas³, Ana Margarida Gonçalves^{1,2}, Bruno Freitas^{1,2}, Modesto Cruz³, Claudia Cabrera Federo^{1,3}, Isaac Miguel Sánchez³, Vitória Baptista^{1,2}, Edita Aquino³, Mildre Disla³, Akemi Tabata³, Nuno Osório^{1,2}

⁽¹⁾ University of Minho, Life and Health Sciences Research Institute (ICVS), School of Medicine, Braga, Portugal

⁽²⁾ ICVS/3B's – PT Government Associate Laboratory, Braga/Guimarães, Portugal

⁽³⁾ Autonomous University of Santo Domingo (UASD), Institute of Microbiology and Parasitology (IMPA), Faculty of Science, Santo Domingo, Dominican Republic

Malaria elimination in the Dominican Republic is both a public health and economic priority. With low incidence rates and the potential to interrupt transmission in the near future, the country has been included in the WHO E2025 elimination initiative. At this critical stage, highly sensitive diagnostics are essential to detect all infections, particularly in low-transmission settings where undetected cases can sustain transmission and jeopardize elimination efforts.

This study assessed the sensitivity of current malaria diagnostic methods in the Dominican Republic. A total of 1,105 suspected malaria cases, initially negative by HRP2-based rapid diagnostic tests (RDTs) and microscopy, were re-evaluated. Nucleic acids were extracted from used RDT cassettes and screened for *Plasmodium* spp. by real-time PCR. *Pfhrp2* gene deletion analysis was performed on *P. falciparum*-positive samples.

Results showed a 1.6% false-negative rate, all due to *P. falciparum*. Notably, 28% of these false negatives carried *pfhrp2* deletions, which undermine HRP2-based RDT performance.

These findings underscore the urgent need to strengthen diagnostic strategies to sustain and accelerate malaria elimination efforts in the Dominican Republic.

Keywords: Malaria, Rapid diagnostic test, drug resistance, *Plasmodium falciparum*, HRP2 deletions



Financing: National Fund for Innovation and Development of Science and Technology, FONDOCyT, from the Ministry of Higher Education, Science and Technology of the Dominican Republic, MESCYT (2018-2019-2A5-252 M.C.;2013-2A2-002;409-P01-2018 M.C.). Portuguese Foundation for Science and Technology, FCT (UIDB/50026/2020,UIDP/50026/2020), and contract to MIV_2023.06477.CEECIND

Acknowledgments: We thank to the healthcare professionals, field workers, and laboratory technicians who assisted in sample collection, processing, and data recording at the participating clinics across the Dominican Republic. Their dedication and efforts were fundamental to the execution of this research.



Mining, Mobility, and Malaria: Tracking Drug Resistance Across the Brazil, Venezuela, Guyana Border

Yanka E. A. R. Salazar^{1,2}, Maria C. S. B. Puça^{1,2}, Antonio M. Rezende¹, Maria E. P. Mascarenhas¹, Jaime Louzada³, Sonja Lagström⁴, Dhélio B. Pereira⁵, Marcelo U. Ferreira^{6,8}, Joseli Oliveira-Ferreira⁷, José P. Gil^{2,8}, Tais Nobrega de Sousa^{1,2}

⁽¹⁾ Instituto René Rachou, Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Belo Horizonte, Brazil

⁽²⁾ Karolinska Institutet, Department of Microbiology, Tumor and Cell Biology, Solna, Sweden

⁽³⁾ Universidade Federal de Roraima, Boa Vista, Brazil

⁽⁴⁾ Agilent Technologies Sweden AB, Diagnostics and Genomics Group, Sundbyberg, Sweden

⁽⁵⁾ Centro de Pesquisa em Medicina Tropical de Rondônia (CEPEM), Porto Velho, Brazil

⁽⁶⁾ University of São Paulo, Institute of Biomedical Sciences, São Paulo, Brazil

⁽⁷⁾ Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro, Brazil

⁽⁸⁾ Institute of Hygiene and Tropical Medicine, Clinical Tropical Medicine (CTM), Global Health and Tropical Medicine, Lisbon, Portugal

The spread of antimalarial drug resistance poses a growing threat to malaria control efforts in the Brazilian Amazon, particularly in border regions where population mobility, informal mining, and limited healthcare access create ideal conditions for the emergence and dissemination of resistant parasites. This study investigated molecular markers of resistance in *Plasmodium falciparum* and *Plasmodium vivax* isolates collected from Boa Vista (Roraima State) and surrounding regions, with a focus on populations affected by gold mining and cross-border transmission. Between 2016 and 2020, ninety-nine *P. falciparum* isolates were analyzed using next-generation sequencing (NGS) targeting 48 resistance-related genes, alongside copy number variation (CNV) analysis for *pfmdr1*, *pfpm2* and *pfpm3*. Notably, the *pfmdr1* NFD haplotype (N86, I84F, D1246), a marker associated with reduced lumefantrine susceptibility, was detected for the first time in Brazil. CNVs in *pfpm2* and *pfpm3*, linked to piperazine (PPQ) resistance, were observed in 5–6% of isolates, and the *pfprt*-C350R mutation, also implicated in PPQ resistance, was found in 7% of samples, more than double the previously reported frequency in Brazil, suggesting



recent expansion of resistant strains. In parallel, 400 *P. vivax* isolates from the states of Acre and Rondônia (western Amazon), and Roraima (north-central Amazon) were analyzed using NGS and qPCR to assess *pvm*dr1 CNVs. While nearly all samples from Acre and Rondônia carried single-copy *pvm*dr1, 61% of Roraima isolates exhibited gene amplifications, increasing steadily over time to exceed 70% by 2023–2024. Together, these findings reveal a concerning convergence of resistance markers in both *P. falciparum* and *P. vivax* in northern Brazil, particularly in Roraima. The emergence of the *pfm*dr1 NFD haplotype and widespread *pvm*dr1 amplifications signal early warning of reduced ACT partner drug efficacy. In this high-risk border setting, expanding genomic surveillance and improving access to timely diagnosis and supervised treatment are critical to mitigating resistance spread and sustaining progress toward malaria elimination.

Keywords: Malaria, Drug resistance, Antimalarials, Molecular marker, Next-Generation Sequencing

Financing: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Programa PrInt-Fiocruz-CAPES, and Swedish Research Council Grant

Acknowledgments: The authors thank the Karolinka Institutet Gene Core Facility, the National Genomics Infrastructure at the SciLifeLab and the Program for Technological Development in Tools for Health-PDTISFIOCRUZ at René Rachou Institute.



Creating capacity for the screening, development and monitoring of antimalarial drug performance in Angola.

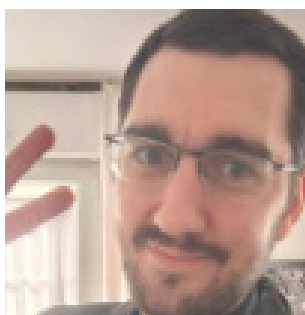
Cláudia Fançony², Aguinaldo Kanjungo¹, Kerobi Padjondaka¹, Kelson Francisco², Paulo Sasputa², Guinaldo Cardoso^{2,3}, Maria Isabel Veiga^{2,3}

⁽¹⁾ Centro de Investigação em Saúde de Angola (CISA)

⁽²⁾ Instituto Nacional de Investigação em Saúde (INIS)

⁽³⁾ Instituto de Investigação em Ciências da Vida e Saúde (ICVS)

Artemisinin-based combination therapies (ACTs) are considered the frontline treatments for malaria. However, despite reporting that ACTs remain effective in the African region, the WHO points out that there is evidence of the emergence of partial artemisinin resistance in Uganda, Rwanda, Eritrea and Tanzania. Furthermore, in vitro and ex vivo results suggest that the performance of Lumefantrine (LUM), used as partner drug in the Artemether-Lumefantrine ACT combination, may also be decreasing in some African regions. Several strategies to prevent, slow down, control and/or delay resistance in Africa are currently being discussed, tested and/or implemented, which constitute a great momentum for drug discovery and development. Monitoring the performance of drugs being used is also essential, as context-specific evidence can contribute for a faster replacement of potentially ineffective artemisinin-based combination therapies. Despite that Angola is fast-moving into higher knowledge productivity and impact in several scientific areas, the participation in global efforts to discover and developing new antimalarials still residual. Insufficient institutional synchronicity, low number of specialized equipment, limited operational capacities and technical expertise and limited funding are among the main constraints. Within our research line, we intend to use in vitro and ex vivo *P. falciparum* susceptibility assays to investigate drug interactions (using promising drug combinations that have the potential to delay resistance or increase the lifespan of currently used antimalarials) and to determine the potency of new molecules and plant extracts, providing the proof of concept needed to further advance future drug development projects. Furthermore, our research is being based on the molecular profile of parasites circulating in the country. Furthermore, pharmacogenetic evidence is orienting the drug combinations being tested.



Tolerance of *Plasmodium falciparum* mefloquine-resistant clinical isolates to mefloquine-piperaquine with implications for triple artemisinin-based combination therapies

Romain Coppée¹

⁽¹⁾ Without Affiliation

Triple artemisinin-based combination therapies (TACTs) have been proposed to delay the emergence of multidrug-resistant *Plasmodium falciparum* by combining two partner drugs with an artemisinin derivative. Among these, mefloquine-piperaquine (MQ-PPQ) is a leading candidate, based on the assumption that simultaneous resistance to both partner drugs would be difficult to develop. Here, we assess the efficacy and resistance potential of MQ-PPQ using Cambodian clinical isolates with distinct resistance profiles. We find that MQ resistance confers significant cross-tolerance to the MQ-PPQ combination, whereas PPQ-resistant and -sensitive strains remain susceptible. Under repeated MQ-PPQ pressure for four months, parasites rapidly acquire MQ-PPQ tolerance, driven by *pfmdr1* amplification. Mechanistic investigations reveal that MQ inhibits PPQ accumulation in a dose-dependent manner, providing a functional explanation for the compromised efficacy of the combination. These findings demonstrate that MQ resistance alone can undermine MQ-PPQ TACT efficacy, calling into question the strategic rationale of this combination and underscoring the need for alternative regimens with a lower risk of resistance selection.

Keywords: Malaria, *Plasmodium falciparum*, drug resistance, tri-therapies, mefloquine-piperaquine



ROL DE LA MICROBIOTA EN LA SALUD Y LA ENFERMEDAD



Descifrando las infecciones del tracto urinario: el urobioma, los reservorios bacterianos y nuevos enfoques de control.

PAOLA SCAVONE¹

⁽¹⁾ Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Departamento de Microbiología, Laboratorio de Biofilms microbianos, Av. Italia 3318, Montevideo, Uruguay

Las infecciones del tracto urinario (ITU) son las infecciones más frecuentes, afectando principalmente a mujeres. Al menos el 50% de las mujeres y el 12% de los hombres experimentarán un episodio de ITU en sus vidas. La orina ha sido considerada estéril durante mucho tiempo debido principalmente al método de estudio (urocultivo). Estudios recientes empleando secuenciación masiva han demostrado la existencia de una microbiota urinaria (urobioma). Géneros como *Lactobacillus* y *Streptococcus* han sido identificados como parte del urobioma, posiblemente asociados al mantenimiento de la homeostasis.

Los principales agentes causales de ITU incluyen *Escherichia coli* (80%), *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus saprophyticus* y *Proteus mirabilis*. Algunos de estos microorganismos pueden persistir intracelularmente, contribuyendo a la recurrencia de las ITU. Recientemente hemos reportado la presencia de comunidades bacterianas intracelulares en personas sin síntomas de ITU. Hemos además descripto por primera vez la presencia de *Stenotrophomonas maltophilia*, *Enterococcus faecalis* y *Staphylococcus haemolyticus* intracelularmente en personas con síntomas de ITU.

La composición del urobioma varía entre personas sintomáticas y asintomáticas: en estas últimas predominan los microorganismos de la clase Bacilli en donde encontramos *Lactobacillus* spp y *Staphylococcus* spp, mientras que en los sintomáticos se observan un incremento en la clase Gammaproteobacteria en donde encontramos a *Escherichia* spp, *Shigella* spp y *Klebsiella* spp. Además las personas con síntomas de ITU presentan una disminución de la clase Bacilli. Se han hallado diferencias según el sexo observándose en varones predominio de géneros potencialmente patógenos, mientras que en mujeres es más común encontrar *Lactobacillus*. Estos hallazgos muestran la existencia de un balance entre Bacilli y Gammaproteobacterias siendo la

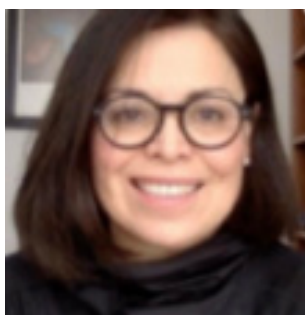


presencia de Bacilli incrementada en las poblaciones sanas y las Gammaproteobacterias en las con ITU.

Estos hallazgos abren nuevas preguntas sobre la relación entre el urobioma y la salud urinaria, en personas sanas, con ITU y con bacterias intracelulares. Profundizar en su estudio permitirá desarrollar estrategias terapéuticas alternativas al uso exclusivo de antibióticos, como la restauración de la microbiota nativa, el uso de probióticos específicos provenientes del tracto urinario, así como considerar el potencial del diagnóstico mediante el estudio del urobioma en la prevención y tratamiento de estas patologías urinarias.

Keywords: ITU, urobioma, comunidades bacterianas intracelulares

Financing: FCE_2019_1_155481



Seasonal Variation in the Oral and Nasopharyngeal Microbiota of School-Aged Children: Influences of Viral Circulation

Juan Pablo Castro¹, Gabriel Kruger¹, Guillermo Valdivia³, Catalina Kusch¹, Francisco Remonsellez⁴, Fernando Valiente², Aldo Gaggero², Jorge Valdes³, Claudia Saavedra¹

⁽¹⁾ Universidad Andres Bello, Lab Microbiología Molecular, One Health Institute, Ciencias de la Vida, Avenida Republica 330, Santiago, Chile

⁽²⁾ Universidad de Chile, Laboratorio de Virología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomedicas, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

⁽³⁾ Universidad Andres Bello, Bio-computing and Genome Biology Laboratory, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Ciencias de la Vida, Avenida Republica 330, Santiago, Chile

⁽⁴⁾ Universidad Catolica del Norte, Laboratorio de Microbiología Aplicada y Extremófilos, Departamento de Ingeniería Química, Ingeniería, Antofagasta, Chile

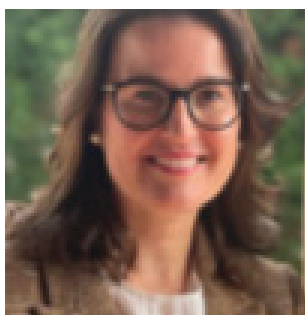
The School MicroBE initiative explores how the built environment influences the nasopharyngeal and oral microbiota of school-age children regarding the circulation of respiratory viruses; through a longitudinal study conducted in a public school in Santiago, Chile. Samples were collected from healthy children aged 6–12 during three campaigns in 2024 (autumn, winter, and spring). Using 16S rRNA amplicon sequencing, we assessed microbial diversity and composition through alpha and beta diversity metrics, hierarchical clustering, and transition network analyses. Our results reveal significant seasonal shifts in microbiome structure. Alpha diversity increased notably between autumn and spring, and beta diversity analyses identified distinct microbial communities linked to both season and anatomical sites. Oral microbiota were consistently more diverse than nasopharyngeal microbiota. Dominant taxa included *Moraxella* in the nasopharynx and *Streptococcus* in the oral cavity. Hierarchical clustering and transition network analyses highlighted dynamic community changes and potential ecological roles of key taxa in shaping microbiome composition over time. We are currently analyzing the correlations between the microbiota patterns observed in children and the respiratory viruses detected in the school population. The viral landscape was seasonally dominated by adenovirus in autumn, rhinovirus in winter, and human



coronavirus in spring. These findings underscore the combined impact of temporal variation and the built environment on respiratory and oral microbiome development in children. Understanding these dynamics may inform public health strategies related to respiratory health and pathogen susceptibility in school environments.

Keywords: respiratory virus, nasopharyngeal microbiota, microbiota

Financing: Anillo ATE220007 , Fondecyt 1250419



Microbiomes of Hispanics in Puerto Rico: implications for health and disease

Filipa Godoy-Vitorino¹

⁽¹⁾ University of Puerto Rico School of Medicine, Microbiology, Medicine, San Juan, Puerto Rico, USA

This conference will expand on results gathered over the past years in Human Microbiome studies Puerto Rico. Emphasis will be on the most diverse human body niche, the gut, and the least diverse, the vagina. Women's health research in Hispanic populations shows that the microbiome plays a central role in both cervical disease and cognitive decline. Our studies in Puerto Rico examined microbial patterns in over 500 women with different physiological stages, contraceptive use, BMI, and HPV-related cervical outcomes. Dysbiotic bacterial communities (CST-III/IV), enriched with *Gardnerella vaginalis*, *Candida*, and *Aspergillus*, were linked to high-risk HPV infections and high-grade cervical lesions. In contrast, communities dominated by *Lactobacillus crispatus* were associated with healthier cervical profiles.

In a related study on cognitive health, we analyzed the gut microbiota of 100 adults—50 with Alzheimer's disease (AD) and 50 without. Although there were no major differences in overall bacterial diversity, *Clostridium innocuum* was significantly more abundant in individuals with moderate cognitive impairment and increased in those with more severe AD. This bacterium may contribute to neuroinflammation along the gut-brain axis and represents a possible microbial marker of disease progression.

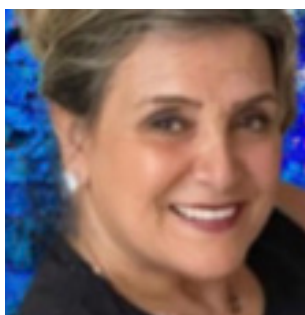
Together, these findings highlight the relevance of the microbiome in multiple aspects of Hispanic women's health—from reproductive to neurological—underscoring the need for microbiome-informed strategies for prevention and care.

Keywords: microbiome, women's health, vagina, alzheimer's, Hispanics

Financing: RCMI U54MD007600 PR-INBRE P20GM103475 Hispanic Alliance U54GM133807COBRE PR Center for Microbiome Sciences IP20GM156713-01



**RESISTENCIA ANTIMICROBIANA
Y DESAFÍOS EN EL DESARROLLO
DE TERAPIAS CON PRODUCTOS
NATURALES**



Resistencia antimicrobiana en *Streptococcus pneumoniae* y serotipos asociados: estudio pos vacunal en niños y adultos en Paraguay

Graciela Russomando^{1,6}, Norma Fariña⁴, Selilah Amour⁵, Lorena Grau², Rosa Guillen¹, Sonia Abente¹, Monserrat Aldama¹, Ingrid Hahn², Hector Castro², Melina Messaoudi³, Zunilda Sanchez¹, Florence Komurian-Pradel³, Milen Milenkov³

(1) Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay

(2) Hospital General Pediátrico, Niños de Acosta Ñu, Minsiterio de Salud Pública, San Lorenzo, Paraguay

(3) Merieux Foundation, Lyon, Francia

(4) Laboratorio San Roque, Asunción, Paraguay

(5) Public Health, Epidemiology and Evolutionary Ecology of Infectious Diseases (PHE3ID), CNRS UMR5308, ENS de Lyon, Université de Lyon 1, Lyon, Francia

(6) Facultad de Ciencias Químicas y Facultad Politécnica, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay

Introducción

La portación nasofaríngea de *Streptococcus pneumoniae* es fundamental en la transmisión y patogénesis de las enfermedades neumocócicas. La mayoría de las revisiones destacan las diferencias geográficas en el reemplazo de serotipos y la resistencia a los antibióticos observadas a través de la vigilancia de la enfermedad neumocócica invasiva (ENI), muy poco sobre portación.

Objetivo

Determinar las tasas de portación nasofaríngea de *Streptococcus pneumoniae* en niños sanos menores de 5 años y en adultos que conviven en el mismo hogar, la distribución de serotipos y los serotipos asociados a perfiles de resistencia antimicrobiana, tras la introducción de las vacunas PCV10/PCV13.

Métodos

Estudio observacional realizado entre 2018–2019 en 420 pares niño–adulto convivientes atendidos en el Hospital General Pediátrico “Niños de Acosta Ñu”. Se compararon los hallazgos con una cohorte pre–vacunal (2010–2014). Las muestras nasofaríngeas se analizaron mediante qPCR, aislamiento en cultivos, serotipificación (NF y cultivos) y pruebas de susceptibilidad antimicrobiana.



Resultados

Se observó una mayor portación neumocócica en niños (39%) que en adultos (20%), solo el 17,4% de los pares compartieron serotipos, indicando transmisión intrafamiliar limitada.

- Persisten serotipos vacunales: 10,7% de niños vacunados portaban serotipos incluidos en la vacuna, predominando 6A/B.- Se observó reemplazo por serotipos no vacunales (NVT), con incremento significativo del 35,8% post-PCV ($p < 0,001$), destacándose 6C, 19A y 23A.- La resistencia antimicrobiana aumentó notablemente respecto a datos previos. La resistencia a antibióticos β -lactámicos y macrólidos ha aumentado; casi un tercio de los aislados fueron multirresistentes, incluyendo cepas resistentes a seis clases de antibióticos, siendo los serotipos 19F y 19A los más comúnmente asociados con cepas pediátricas multirresistentes.

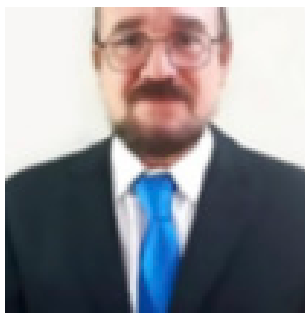
Conclusión

Nuestros hallazgos evidencian tendencias preocupantes en la epidemiología de *Streptococcus pneumoniae* en Paraguay, como la persistencia de serotipos incluidos en la vacuna entre niños vacunados y el aumento de la resistencia antimicrobiana en las cepas aisladas. Considerando el papel clave de los estudios de portación en la evaluación del impacto de las vacunas neumocócicas conjugadas (PCV) en países de ingresos bajos y medianos, es fundamental que la comunidad de salud pública explore estrategias para mejorar su viabilidad y costo-efectividad, así como su integración en los sistemas rutinarios de vigilancia de enfermedades prevenibles por vacunación.

Keywords: *S. pneumoniae*, vacunas, portacion, niños/adultos, Paraguay

Financing: Fundación Merieux y Universidad Nacional de Asunción

Acknowledgments: Agradecemos a BioMérieux por haber proporcionado las tarjetas Vitek2 para pruebas de susceptibilidad a antibióticos utilizadas en este estudio.



ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA Y ANTIBIOFILM DE PRODUCTOS NATURALES

Nelson Alvarenga¹, Andrea Cáceres¹, Rosa Guillen²

⁽¹⁾ Universidad Nacional de Asunción, Fitoquímica, Facultad de Ciencias Químicas, Campus Universitario de San Lorenzo Km 9,5, San Lorenzo, Paraguay

⁽²⁾ Universidad Nacional de Asunción, Microbiología, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Campus Universitario de San Lorenzo Km 9,5, San Lorenzo, Paraguay

La persistencia de cepas de microorganismos resistentes a los fármacos en uso clínico plantea problemas serios para su tratamiento, tanto a nivel de infecciones de la comunidad así como hospitalarias. Los productos naturales se presentan como alternativas válidas para el abordaje de estas infecciones, en algunos casos por sí mismos así como también en combinación con los fármacos en uso clínico. Desde este punto de vista, metabolitos secundarios de fuentes vegetales, como alcaloides, flavonoides, cumarinas y terpenos han mostrado efectos prometedores. Otro inconveniente asociado con la persistencia de cepas microbianas en diferentes ambientes es su capacidad de formar biopelículas, conocidas también como biofilms. Productos naturales, como es el caso de los terpenos y otros, también han mostrado capacidad de actuar tanto evitando la formación de las biopelículas así como facilitando su remoción.

Otro aspecto importante respecto a la actividad antibacteriana de productos naturales es su gran diversidad estructural, lo cual posibilita descubrir mecanismos de acción novedosos, complementando así a los fármacos usados clínicamente. Ésta presentación aporta información sobre evaluación de actividad sobre bacterias Gram (+) y Gram (-) de alcaloides, flavonoides, terpenos y cumarinas, tanto presentes en extractos de diferentes especies como aislados. Además se presenta la capacidad de inhibir la formación de biofilm de terpenos y cumarinas frente a *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM).

Keywords: Productos naturales, Actividad antibacteriana, Metabolitos secundarios, SARM

Financing: Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay - Instituto de Investigaciones



en Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay.

Acknowledgments: Al Departamento de Botánica de la Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Nacional de Aunción por la colección e identificación de las especies estudiadas.



ACTIVIDAD ANTIVIRAL DE PRODUCTOS NATURALES.

Pablo Hernán Sotelo Torres¹

⁽¹⁾ Universidad Nacional de Asunción, Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias Químicas, Campus Universitario, San Lorenzo, Paraguay

La identificación y el desarrollo de nuevos agentes antivirales a partir de productos naturales ha ganado atención debido al aumento de la prevalencia de infecciones virales y la aparición de resistencia a los medicamentos actualmente utilizados. En este simposio se discutirán diferentes estrategias para la identificación de nuevos antivirales y sus mecanismos de acción. Se analizará el estudio de antivirales contra el virus de herpes simple (HSV)-1 identificando productos naturales que afectan diferentes etapas del ciclo viral. Además, se examinará el uso de ensayos in vitro asociados con el uso de herramientas bioinformáticas como la farmacología de sistemas para la identificación de mecanismos de acción antiviral. Posteriormente se discutirá el uso de métodos que permitan identificar productos naturales que inhiben procesos específicos del ciclo viral, en particular la evaluación de inhibidores de entrada del virus SARS-CoV2.

Keywords:

Antivirales, Herpes Simplex Virus 1, SARS-CoV2, Pseudovirus, Network Pharmacology

Financing:

Este trabajo ha sido financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología del Paraguay con los proyectos PINV15-224, PINV 20-006, PINV01-059 y INIC01-206.



**MICRO ENEMIGOS DEL AGRO:
SIMPOSIO SOBRE NEMATODOS
FITOPATÓGENOS, DESDE LA
BIOLOGÍA AL MANEJO SOSTENIBLE**

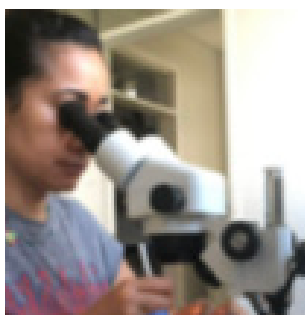


Factores que influyen en la detección de *Oscheius myriophila* en suelos de café en Puerto Rico.

Jose Garcia¹

⁽¹⁾ Instituto Dominicano de Investigaciones Agropecuarias y Forestales (IDIAF), Nematología, Santo Domingo, República Dominicana

Los nematodos entomopatógenos (NEP) viven simbióticamente con bacterias patógenas en orden de insectos parasitados dentro de las 24-48 horas. Son ampliamente reconocidos como un posible agente de control biológico inundativo para varias plagas de insectos de importancia agrícola. El éxito del uso de NEP, depende de una variedad de factores abióticos que afectan su persistencia y supervivencia en el suelo. Por lo tanto, es preferible utilizar especies nativas de agentes de biocontrol debido a que están mejor adaptadas al medio ambiente. Se realizó un muestreo de NEP nativos en el área de cultivo de café de Puerto Rico. La especie aislada más frecuente fue *Oscheius myriophila*, considerada como un posible agente de biocontrol. El objetivo de esta investigación es evaluar la influencia de factores abióticos en la detección de *O. myriophila*. Noventa y tres muestras de suelo, a través del área principal productora de café, fueron recolectadas. Los NEP se aislaron usando el método de insectos trampa con *Galleria mellonella*. Cada sitio muestreado se caracterizó por las propiedades fisicoquímicas del suelo y el tipo de agroecosistema (café de sol o sombra). Utilizamos una regresión logística (GLM) para estimar probabilidad de detección de *O. myriophila* y las propiedades fisicoquímicas del suelo y los agroecosistemas de café. Encontramos una fuerte relación entre la frecuencia de detección de *O. myriophila* y los agroecosistemas de café, la clasificación de la textura del suelo, el pH, la altitud y no se encontró una relación significativa con la materia orgánica. Esto representa el 84% de la varianza total. Al comprender los factores que influyen en la detección de *O. myriophila*, ayuda a mejorar el potencial como agentes de biocontrol en un tipo de suelo en particular.



Prodigiosina, nematodo fitopatógeno, Helicotylenchus, Rotylenchulus, Pratylenchus, piña, biocontrol.

Romy T. M. Amparo Grullón^{1,2,3}, Teofila Reinoso³, José García³, Paulo Grazzioti¹, Modesto Cruz²

⁽¹⁾ Universidade Federal dos Vales de Jequitinhonha e Mucuri, Microbiologia do Solo, Agronomia, Rodovia MGT 367 - Km 583 - nº 5000. Diamantina/Alto da Jacuba. Minas Gerais. 39100-000., Diamantina, Brasil

⁽²⁾ Universidad Autónoma de Santo Domingo, Instituto de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias, Alma Mater, Zona Universitaria, Santo Domingo, República Dominicana

⁽³⁾ Instituto Dominicano de Investigaciones Agropecuarias y Floresta, Protección vegetal, Ministerio de Agricultura, Pantoja, Santo Domingo, República Dominicana

Los nematodos fitopatógenos representan una amenaza creciente para los cultivos tropicales de alto valor económico, como la piña (*Ananas comosus*), al causar pérdidas significativas en rendimiento y calidad. Frente a la necesidad de alternativas sostenibles al uso de controladores químicos, esta investigación evalúa el potencial nematocida de la prodigiosina, un metabolito secundario producido por bacterias del género *Serratia*, reconocido por sus propiedades bioactivas. En este estudio se probó la actividad nematocida in vitro e in vivo de la prodigiosina sobre tres géneros de nematodos de importancia agrícola: *Helicotylenchus*, *Rotylenchulus* y *Pratylenchus*, aislados de cultivos comerciales de piña en la República Dominicana, mostrando una alta prevalencia en estos cultivos. Las pruebas in vitro incluyeron ensayos de mortalidad y movilidad a diferentes concentraciones del metabolito, mientras que en condiciones de invernadero se evaluó su efecto sobre la densidad poblacional de nematodos en suelo y raíces, así como el impacto en el crecimiento de las plantas. Investigaciones previas por otros autores muestran una alta eficacia nematocida de la prodigiosina en *Meloidogyne*, con tasas de mortalidad superiores al 80% en las concentraciones más altas, y reducciones significativas de la población en condiciones controladas. Asimismo, se observaron mejoras en parámetros vegetativos en plantas tratadas. Estos hallazgos sugieren que la prodigiosina podría constituir una alternativa biotecnológica prometedora para el manejo integrado de

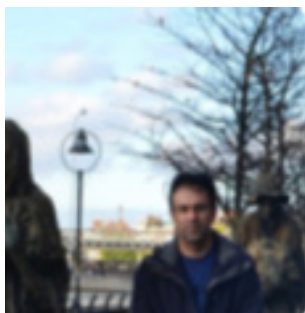


nematodos en cultivos de piña, contribuyendo a una agricultura más sostenible y libre de residuos químicos.

Keywords: Prodigiosina, Nematodos fitopatógenos, Piña, Biocintroladores

Financing: IMPA-UASD, UFVJM, CAPES, IDIAF

Acknowledgments: Instituto de Microbiología y Parasitología, Universidade Federal dos Vales de Jequitinhonha e Mucuri, Instituto Dominicano de Investigaciones Agropecuarias y Floresta.



Biological Control of Plant-Parasitic Nematodes in Tropical Conditions – The Brazilian Experience.

Everaldo Lopes¹

⁽¹⁾ Universidade Federal de Viçosa, Agronomia, Rio Paranaíba, Brasil

Plant-parasitic nematodes are responsible for losses in several economically important crops in Brazil, including soybeans, coffee, corn, cotton, sugarcane, common beans, vegetables, and fruit trees. In recent decades, the use of bionematicides has become one of the main nematode management tools in the country. Over 100 products are commercially available to farmers, primarily targeting root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) and root-lesion nematodes (*Pratylenchus* spp.). Most products contain one or more strains of *Bacillus*. Some bionematicides are formulated with *Purpureocillium lilacinum*, *Pochonia chlamydosporia*, *Trichoderma* spp., *Pasteuria nishizawae*, *Pseudomonas* spp., or *Priestia megaterium*. Although the bionematicide market in Brazil is growing rapidly and has far surpassed that of chemical nematicides, the dynamics of tropical agricultural systems present constant challenges for bioproduct development. These include identifying new targets, developing efficient formulations, optimizing application methods, preserving antagonistic microorganisms, and integrating biological control with other management strategies. All these aspects will be covered in the presentation.

Acknowledgments: CNPq, FAPEMIG, and CAPES.



**A ONE HEALTH APPROACH TO
UNDERSTAND THE ANTIMICROBIAL
RESISTANCE PREVALENCE AND
DISTRIBUTION IN THE ANIMAL
PRODUCTION AND THE IMPACTS ON
PRODUCED FOODS**



A One Health Approach to Understand the Antimicrobial Resistance Prevalence and Distribution in the Animal Production and the Impacts on Produced Foods

Luís Augusto Nero¹, KwangCheol Casey Jeong², Alexandra Calle³, Ricardo Seiti Yamatogi¹

⁽¹⁾ Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Veterinária, Campus UFV, Viçosa, MG, Brazil

⁽²⁾ University of Florida, Department of Animal Science, Gainesville, FL, United States

⁽³⁾ Texas Tech University, School of Veterinary Medicine, Amarillo, TX, United States

The current worldwide demand for foods of animal origin forces producing countries to increase their production. Intensive animal production is a strategy to improve production, but it generates high concentration of animals that live in close relationship. This is the perfect scenario for spreading pathogenic agents, pushing producers to use large amounts of antimicrobials to avoid infection and control diseases. High volumes of antibiotics delivered to food-producing animals to avoid, to control and to treat potential diseases contribute to accelerate the development of antibiotic-resistant bacteria. In several countries the amount of antibiotics delivered to producing animals is four times higher than the amount used in humans, and they are often employed as growth promoters and preventive agents for diseases. Antibiotic resistant bacteria can be transmitted from producing animals to humans through direct contact with these animals and directly from the environment, but the production chain plays an important role in this context. Consumers can be in contact with resistant bacteria while eating contaminated food, leading to antimicrobial-resistant infections that will cause longer illnesses, increasing hospitalization, and treatment flaws that can result in deaths. Considering the complexity of the antimicrobial resistance epidemiology, a holistic approach based on One Health aspects must be considered to characterize, understand, control and manage this hazard, including the full production chain, from farm to fork. It is obvious the need for an overall reduction in the use of antibiotics in food-producing animals to keep their effectiveness for human medicine, as indicated by the World Health Organization, but alternatives must be considered to allow proper food production to feed the current and future



world demands.

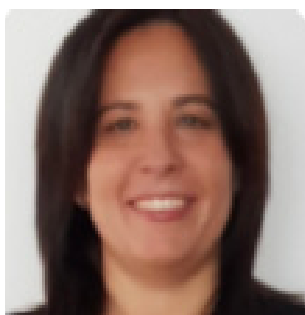
Keywords: animal, food, resistance, one health, production chain

Financing: CAPES, CNPq, FAPEMIG

Acknowledgments: CAPES, CNPq, FAPEMIG



BACTERIÓFAGOS EN EL CONTEXTO “ONE HEALTH”



Phage therapy against Salmonella in broilers: limited emergence of reduced-phage-susceptibility variants and their association with lateral gene transfer

Susana Campoy^{1,2}, Pilar Cortés¹, Júlia López¹, Pau Conill¹, Jennifer Otero¹, Ivan Erill³, Montserrat Llagostera¹

⁽¹⁾ Universitat Autònoma de Barcelona, Departament de Genètica i de Microbiologia, Facultat de Biociències, Torre C3, Edifici C, Eix Central, Bellaterra (Cerdanyola del Vallès), Spain

⁽²⁾ Serra Hunter Fellow

⁽³⁾ Universitat Autònoma de Barcelona, Departament d'Enginyeria de la Informació i de les Comunicacions, Escola d'Enginyeria, Edifici Q, Carrer de les Sitges, Bellaterra (Cerdanyola del Vallès), Spain

Bacteriophages are emerging as a promising alternative to antibiotics in the fight against antimicrobial-resistant bacteria. Their ability to selectively target pathogenic strains without disturbing the host microbiota makes them ideal candidates for biocontrol strategies, particularly in livestock production systems, aiming to develop sustainable from-farm-to-fork approaches. *Salmonella enterica*, a major zoonotic pathogen in poultry, is a key target for such interventions.

In our studies, we evaluated the use of oral bacteriophage cocktails to control *Salmonella* in broiler. Special attention was given to the emergence of reduced-phage-susceptibility variants (RPSVs) and their potential implications for the efficacy of phage therapy. Our results show that RPSVs can emerge following in vivo oral phage treatment, and their appearance is significantly influenced by the concentration of *Salmonella* present in the host. However, even under these conditions, RPSVs consistently remained at low levels and did not compromise the overall effectiveness of phage therapy in reducing bacterial populations.

Comparative in vitro assays confirmed that the appearance and dynamics of RPSV differ from those observed in vivo, underscoring the importance of context-specific evaluations when assessing resistance risks.

Additionally, we have identified that some RPSVs had acquired mobile genetic elements from the poultry microbiota. Plasmid analysis revealed several anti-phage defense systems



capable of interfering with different stages of the phage cycle. Although these findings do not represent an immediate threat to phage therapy, they highlight the importance of characterizing and monitoring such mechanisms to prevent future scenarios resembling the widespread dissemination of antibiotic bacterial resistance.

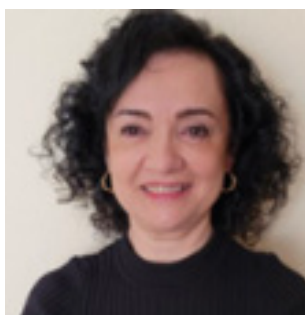
Overall, our studies demonstrate the efficacy and robustness of phage therapy in controlling *Salmonella* in broilers, even in the presence of emerging RPSVs. These findings support the integration of phage-based interventions into livestock health strategies and align with global efforts to reduce antibiotic use in animal production. By promoting healthier poultry and safer food products, phage therapy offers significant promise for improving public health and consumer confidence.

Keywords:

Bacteriophages, *Salmonella*, Poultry, Phage Defense Mechanisms, Horizontal Gene Transfer

Financing:

PID2023-152240OB-C21; SGR2021 00646; PID2020-117708GB-I00; Programa Serra Húnter.



Bacteriófagos y endolisinas como estrategias sostenibles para el control de patógenos en la industria alimentaria

Pilar García¹

⁽¹⁾ Consejo Superior de Investigaciones Científicas-CSIC, Tecnología y Biotecnología de Productos Lácteos, Instituto de Productos Lácteos de Asturias-IPLA-CSIC, C/Francisco Pintado Fe, 26, 33011, Oviedo, España

La sostenibilidad de la cadena alimentaria es un tema de gran preocupación a nivel global que va ligado a otra problemática como es la transmisión de resistencias bacterianas a los antibióticos. El abordaje One Health es indispensable y la búsqueda de alternativas para el control de patógenos en todo el sistema resulta de gran urgencia. Los bacteriófagos, por su capacidad de multiplicarse y lisar a las bacterias a las que infectan, constituyen una alternativa para el biocontrol de patógenos. Además, ciertas proteínas fágicas como las endolisinas, también resultan muy atractivas por su alta eficiencia bactericida y por la baja tasa de aparición de resistencias. El potencial de esta estrategia (terapia fágica) se está estudiando tanto para evitar la contaminación de los alimentos como para mejorar los procedimientos de limpieza y desinfección de las industrias de procesamiento. El grupo DairySafe ha desarrollado ambas líneas de investigación con resultados prometedores utilizando bacteriófagos y endolisinas frente a *Staphylococcus aureus* en productos lácteos. En concreto, los resultados apuntan a que la endolisina LysROD Δ Ami es un buen candidato como bioconservante en la elaboración de queso. Por su parte, los biofilms formados por este patógeno sobre superficies de procesamiento de la leche, por su complejidad y resistencia, pueden ser eliminados con una mezcla de la endolisina LysROD Δ Ami y el fago Kayvirus rodi. En el contexto de mejora de la desinfección, también se ha estudiado el potencial de otras proteínas fágicas como la exopolisacárido despolimerasa Dpo7, la cual mostró sinergia con el fago Kayvirus rodi. La aplicación conjunta da lugar a una disminución de la biomasa y del número de células viables, además de reducir los polisacáridos de la matriz extracelular. Esto repercute en la pérdida de la estructura facilitando el acceso de las partículas de fagos a sus células huésped y la eliminación de la misma.

Keywords: bacteriófagos, endolisinas, antimicrobianos,



resistencia antibióticos, alimentos

Financing: Este estudio se financió a través de MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE, referencia PID2022-140988OB-I00, y de la subvención AYUD/2021/52120 (Programa de Ciencia, Tecnología e Innovación 2021-2023 y FEDER UE, Principado de Asturias, España).



ACTUALIZACIÓN EN VIH



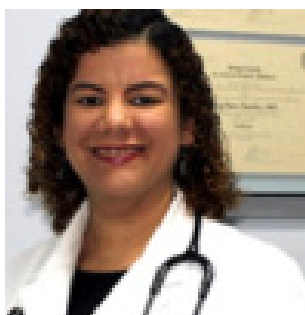
Epidemiología del VIH

José De Jesús Díaz Aquino¹

⁽¹⁾ Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD).

La infección por el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) y el diagnóstico del SIDA constituyen unos de los mayores problemas de salud pública en el mundo. El objetivo de la vigilancia es cuantificar la magnitud de la epidemia y definir las características de la población afectada.¹ 40,8 millones de personas en todo el mundo viven con VIH. 91,4 millones de personas se han infectado desde el comienzo de la epidemia (Estimaciones epidemiológicas ONUSIDA 2025). Factores sociodemográficos, culturales, económicos y políticos determinan la evolución de la epidemia en las distintas áreas geográficas del planeta. En los países más afectados se han producido descensos importantes en la esperanza de vida por esta causa. La principal forma de contagio en el mundo es la relación sexual no protegida y entre los casos pediátricos el 90% son atribuibles al contagio vertical, pero los patrones de la epidemia han variado con el tiempo en algunas regiones. Europa del Este y Asia Central, son cada vez más atribuibles al contacto sexual. En Asia, se caracteriza por la transmisión heterosexual, como en las zonas hiperendémicas como es el África subsahariana, es la más afectada, con el 71% de las nuevas infecciones en el mundo.¹ Se estima que entre 2010 y 2023, las nuevas infecciones por VIH en América Latina aumentaron un 9%, alcanzando alrededor de 120.000 casos en 2023. La epidemia de VIH en la región afecta a poblaciones clave, hombres que tienen relaciones sexuales con hombres, mujeres transgénero y trabajadoras sexuales. En 2023, había 4 millones de personas viviendo con VIH en las Américas, de las cuales 2,7 millones residían en América Latina y el Caribe. Se estima que alrededor del 12% de las personas con VIH en América Latina y el Caribe desconocen su infección, un tercio de ellas se diagnostica tarde, con inmunodeficiencia avanzada.²

Keywords: Epidemiología, Virus de Inmunodeficiencia Humana



Estado del arte de la vacuna contra el VIH

Clevys Perez²

⁽¹⁾ Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD).

⁽²⁾ Without Affiliation

Desde su descubrimiento en 1981 hasta la actualidad, son múltiples los esfuerzos realizados en la búsqueda de estrategias de prevención contra el virus del VIH, especialmente, en el desarrollo de vacunas. La comprensión de las dianas celulares del VIH, los estudios de fisiología viral y de la interacción del virus con el sistema inmunológico, permitieron el desarrollo de candidatos vacúnales promisorios, sin embargo, los mismos mostraron ser ineficaces en la prevención de VIH en personas de alto riesgo de contagio. El desarrollo de una vacuna eficaz contra el VIH no ha sido posible, entre otras razones: por la alta variabilidad genética, con mutaciones frecuentes, del virus, por cambios de sus epítomos y de la respuesta antigénica que producen, por la capacidad del virus de integrarse al genoma de la célula hospedadora y evadir la respuesta inmune, por las limitaciones de los modelos animales, etc. En síntesis, por la incapacidad de las vacunas probadas hasta el momento, de generar una respuesta inmune celular y humoral protectoras a largo plazo. Sin embargo, en la actualidad, se han puesto a punto nuevas estrategias, que incluyen: el desarrollo de nuevos vectores virales (como CMV y adenovirus), vacunas ARNm y nuevos adyuvantes que potencien la respuesta inmune para la formulación de nuevas vacunas contra el VIH. El desarrollo de la inteligencia artificial (IA) también está ayudando a acelerar las investigaciones en procesos como: la selección de antígenos, el diseño de inmunógenos, el descubrimiento de adyuvantes y la predicción de epítomos. Palabras clave: vacuna VIH, historia, nuevas estrategias, IA.

Keywords: Estado del arte, Vacuna, Virus de Inmunodeficiencia Adquirida



ACTUALIZACION EN LA PrEP Y POST EXPOSICION AL VIH

Carlos Rodriguez Taveras²

⁽¹⁾ Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD).

⁽²⁾ Without Affiliation

La profilaxis pre y post exposición al VIH son estrategias clave de prevención, altamente eficaces cuando se aplican según las consideraciones o consensos actuales. La profilaxis pre exposición (PrEP) consiste en la administración de medicamentos antirretrovirales a personas sin VIH pero con riesgo elevado de adquirirlo, para lo cual existen varias modalidades: una que implica la toma de fármacos antirretrovirales por vía oral como la combinación tenofovir/emtricitabina, y otras dos más recientes que incorporan antirretrovirales inyectables de acción prolongada como cabotegravir o lenacapavir, aún pendientes de implementación en muchos países. También se han incorporado alternativas como el anillo vaginal de dapivirina de eficacia moderada, pero útil como opción adicional en contextos con baja disponibilidad de otras formas. Por otro lado, la profilaxis post exposición (PEP) se administra tras una posible exposición al VIH, como relaciones sexuales sin protección, agresión sexual o accidentes laborales, que debe iniciarse dentro de las primeras 72 horas y mantenerse durante 28 días. La PEP no sustituye a la PrEP ni a otras medidas preventivas como el uso de preservativos y está indicada solo en situaciones de emergencia. En resumen, estas estrategias permiten adaptar la prevención del VIH a distintos estilos de vida, géneros y niveles de riesgo y deben ser prescritas por profesionales de salud con experiencia, acompañadas de consejería, tamizaje de otras ITS y seguimiento clínico. Su implementación forma parte de políticas públicas en muchos países y representan un avance crucial en la lucha contra el VIH.

Keywords: Profilaxis, pre y post exposicion, Virus de Inmnodeficiencia Humana



APLICACIONES DE LA PROTEÓMICA EN MICROBIOLOGÍA Y BIOMEDICINA



Study of putative IncPEPs presented by HLA-I and associated to orphan TCRs in CD8⁺ tumor-infiltrating lymphocyte population from epithelial ovarian cancer

Cora Rey-Souto^{1,2,3}, Anahir Franco-Gacio^{1,2,3}, Jose Manuel Pérez-Mártinez^{1,2,3}, Samuel Martín-Revuelta^{1,2,3}, Aída Barreiro-Alonso^{1,2,3}, Mónica Lamas-Maceiras^{1,2,3}, Esther Rodríguez-Belmonte^{1,2,3}, Maria Esperanza Cerdán^{1,2,3}, Angel Vizoso-Vazquez^{1,2,3}

(1) CICA - Centro Interdisciplinar de Química e Bioloxía, Biomedicina, As Carballeiras, s/n, Campus de Elviña 15071, A Coruña, Spain

(2) Universidad de A Coruña, Biología, Ciencias, Rúa da Fraga, 10, A Coruña, Spain

(3) Instituto de Investigación Biomédica de A Coruña (INIBIC), Xubias de Arriba, 84 - CP 15006, A Coruña, Spain

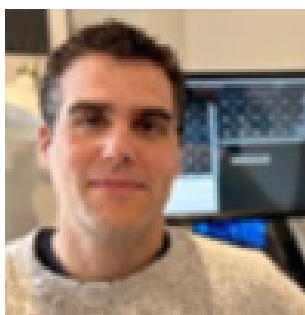
Ovarian cancer, with epithelial ovarian cancer (EOC) as the most prevalent subtype (90% of cases), is the fifth leading cause of cancer-related mortality in women worldwide. Late diagnosis, the limited efficacy of current treatments and high relapse rates (75–85% of patients experience recurrence), underscore the urgent need for novel diagnostic and therapeutic strategies. Neoantigens (neoAgs) are tumor-specific peptides that arise from genetic mutations or other alterations in tumor cells, representing promising targets for immunotherapy. Presented by human leukocyte antigen class I (HLA-I) molecules, neoAgs are recognized by cytotoxic CD8⁺ T cells through their T-cell receptor (TCR), leading to the activation of an immune response against cancer cells. However, in EOC, the immunologically 'cold' tumor microenvironment poses a major challenge for the study of immune cell infiltration and the development of effective immunotherapies. CD8⁺ TILs were successfully isolated from tumor tissue, whereas their presence in healthy tissue was minimal. Subsequently, the TILs from tumor tissue were analyzed using Chromium Single Cell (10x Genomics), enabling gene expression analysis and TCR sequencing at the single cell level (Illumina Novaseq platform). Production of TCRs from the most expanded clones of cytotoxic CD8⁺ TILs will allow to screen them against peptide-HLA (pHLA) libraries generated using Yeast Surface Display. This approach aims to identify high-affinity pHLA complexes, thereby facilitating the discovery of novel neoantigens for immunotherapeutic applications. Additionally, RNA sequencing of paired tumor



epithelial cells were performed, and HLA typing was inferred from mRNA data, enabling the identification of the patient's six HLA-I alleles. Simultaneously, lncRNA expression profiles obtained from tumor tissues are compared with reference databases of ovarian healthy tissues to identify EOC-associated lncRNAs. The protein-coding potential of these lncRNAs is then assessed, generating a list of putative lncPEPs. Finally, the potential of these lncPEPs as HLA-I-associated neoAgs is evaluated using HLA-peptide binding affinity prediction tools, considering each patient's specific HLA alleles. This study aims to characterize the landscape of CD8⁺ TILs in EOC, and contributes to a deeper understanding of lncRNA-neoAgs in EOC, by identifying high-affinity pHLA complexes, and thereby facilitating the discovery of novel neoantigens for early diagnostics and precision immunotherapy applications.

Keywords: Ovarian cancer, TILs, lncRNAs, Cryptic peptide, Single Cell omics

Financing: CICA center, member of the CIGUS Network, is co-financed by the EU through the FEDER Galicia 2021-27 operational program (Ref.ED431G 2023/09). This project was also funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE (Ref.PID2021-124564OB-I00), as well as several FPU national grants (Ref.FPU21/05348;FPU22/01720 and FPU22/00894).



Understanding the mitochondrial DNA replication machinery

Rafael Fernandez-Leiro¹, Samuel Miguez-Amil¹

⁽¹⁾ Spanish National Cancer Research Center – CNIO, Structural Biology Programme, Melchor Fernandez Almagro, 3, 28029, Madrid, Spain

Mitochondrial diseases affect at least 1 in 200 individuals worldwide and present a broad spectrum of clinical phenotypes, ranging from localised muscle dysfunction to severe multisystem disorders. Central to the maintenance of mitochondrial DNA (mtDNA) is the mtDNA replisome, which comprises the DNA polymerase gamma holoenzyme (Poly), the Twinkle helicase, and mitochondrial single-stranded DNA-binding protein (mtSSB). Mutations in these factors, particularly within the nuclear POLG gene that encodes PolyA, are responsible for many mtDNA-associated pathologies. While we understand Poly's essential roles in high-fidelity replication, the molecular mechanisms that enable it to overcome various barriers during mtDNA replication remain poorly understood. Here, we present new structural and functional insights into how Poly interacts with more complex DNA substrates and binding partners. Using a combination of cryo-electron microscopy, biochemical assays, and single-molecule studies, we capture Poly in different modes of DNA synthesis. Notably, we identify a previously unrecognised motif that is crucial for organising DNA during replication. By elucidating these underlying molecular principles, we enhance our understanding of mtDNA replication and repair and provide a conceptual framework for developing potential therapeutic strategies aimed at Poly-related mitochondrial diseases.

Keywords: POLG, mitochondrial DNA replication, cryo-EM



From basics to breakthroughs: Exploring the power of mass cytometry

Paula Díez^{1,2}

⁽¹⁾ University of Oviedo, Functional Biology, Faculty of Medicine and Health Sciences, Oviedo, Spain

⁽²⁾ Health Research Institute of Principality of Asturias, Oviedo, Spain

Mass cytometry, commonly known as CyTOF, is a state-of-the-art technology that enables high-dimensional single-cell analysis by simultaneously quantifying up to 50 cellular markers using metal-tagged antibodies. Initially applied in immunology and oncology, where it has facilitated deep profiling of immune cell populations, characterization of rare subsets, and exploration of tumor microenvironment complexity, recent advances have positioned CyTOF as a powerful tool in microbiology. Its adoption in this field has opened new avenues for single-bacterium analysis, including the quantification of metal uptake, protein expression, and physiological heterogeneity within complex microbial communities. Within our research team, CyTOF is applied across a broad spectrum of studies, ranging from fundamental investigations into the elemental composition of microbiomes to nanoparticle uptake assays and clinically oriented research. This talk will explore the principles and emerging applications of CyTOF, highlighting how mass cytometry is driving innovation in clinical, environmental, and translational microbiology by enabling more quantitative, comprehensive, and reproducible single-cell analyses than ever before.

Keywords: CyTOF, mass cytometry, element, immunology

Financing: Paula Díez is supported by a Ramón y Cajal research grant (MCINN-24-RYC2022-035568-I).



Unraveling molecular mechanisms underlying antitumor therapies through proteomics and immunopeptidomics

Aida Barreiro-Alonso^{1,2}

⁽¹⁾ Universidade da Coruña, Biología, Facultad de Ciencias, Campus da Zapateira, 15008, A Coruña, España

⁽²⁾ CICA - Centro Interdisciplinar de Química e Bioloxía, Grupo Exprela, Campus de Elviña 15071, A Coruña, España

Proteomic studies coupled to mass spectrometry analysis have been widely used in recent years to allow us elucidate protein function and their interactions with other proteins, as well as to study proteome changes when disease happens. Lately, the study of peptides exposed by the MHC molecules in the cell surface, referred to as the immunopeptidome, has been of great importance. This technique allows us to identify antigenic peptides presented to T cells by the MHC. Analysis of the immunopeptidome can help improving immunotherapy treatments and vaccines design in diseases like cancer. In this work we show how the study of the proteome and the immunopeptidome helped to probe mechanistic interaction between two drugs used for melanoma treatment, and how the combination of the two have a synergistic effect, improving treatment. Results show how antigen-processing machinery and immunogenicity increased when the two drugs are used in combination. Immunopeptidome studies allowed to confirm how antigen presentation was modified after treatment, and how the number of peptides presented by the MHC increased after it.

Keywords: proteomics, immunopeptidomics, cancer



Proteómica en la era postgenómica aplicada a la microbiología: oportunidades y desafíos.

Akemi Tabata¹, Modesto Cruz¹, Angel Vizoso²

⁽¹⁾ Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD), Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA), Facultad de Ciencias, Santo Domingo, República Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo, Dominican Republic

⁽²⁾ Universidade A Coruña, Laboratorio de Bioquímica, Facultad de Ciencias, A Coruña, España, España, Spain

La microbiología es, sin duda, además de la bioquímica, bioinformática y medicina, es uno de los campos de la ciencia que se ha beneficiado significativamente del desarrollo de técnicas proteómicas. Herramientas como la electroforesis en dos dimensiones, espectrometría de masas han revolucionado la caracterización de especies microbianas, permitiendo comparaciones precisas entre cepas y líneas clonales. Sin embargo, este campo enfrenta hoy una serie de desafíos, amenazas y demandas que requieren respuestas innovadoras y un enfoque interdisciplinario. La preocupante reemergencia de enfermedades infecciosas, junto con la aparición de nuevos patógenos, exige una comprensión más profunda de los mecanismos moleculares que sustentan la vida microbiana. El desafío principal de la biología moderna es entender la expresión, función y regulación del conjunto completo de proteínas codificadas por un organismo o microorganismo, lo que constituye el núcleo del estudio proteómico. Dado que las proteínas son las principales ejecutoras de las funciones celulares, el análisis de sus perfiles de expresión y de sus variaciones bajo condiciones fisiológicas o patológicas permite revelar las complejas redes de interacción que regulan el funcionamiento de una sola célula. La secuenciación genómica representa apenas el punto de partida. A partir de ella, se inicia un recorrido complejo hacia el entendimiento integral de la biología de los microorganismos. En este trayecto, la proteómica se posiciona como una herramienta esencial para abordar los desafíos actuales en microbiología.

Keywords: 1. Proteómica, 2. microbiología, 3. oportunidades, 4. desafíos

Financing: Fondo Nacional de Innovación y Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDOCYT).



Microbial and Functional Insights into Xylooligosaccharides from Wheat Straw and Red Algae as Novel Prebiotics

Manuel Becerra-Fernández^{1,2,3}, Natalia-María Nogueira-Prieto^{1,2,3}, Carmen Ansín-Vallejo^{1,2,3}, María-Isabel González-Siso^{1,2,3}

⁽¹⁾ EXPRELA Research Group, CICA – Centro Interdisciplinar de Química e Bioloxía, Universidade da Coruña, Campus de Elviña, As Carballeiras, s/n, 15071, A Coruña, Spain

⁽²⁾ EXPRELA Research Group, Departamento de Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, Campus da Zapateira, Rúa da Fraga, 10, 15071, A Coruña, Spain

⁽³⁾ EXPRELA Research Group, Instituto de Investigación Biomédica de A Coruña (INIBIC), As Xubias de Arriba 84, 15006, A Coruña, Spain

Prebiotics are non-digestible compounds that promote host health by selectively stimulating beneficial gut microorganisms. Among them, xylooligosaccharides (XOS) are gaining attention due to their resistance to digestion and ability to modulate the gut microbiota. This study explores the microbiological and functional potential of XOS obtained from two sustainable sources: wheat straw and the red algae *Palmaria palmata*.

Both types of XOS were confirmed to be non-cytotoxic in mammalian cell lines (human and mouse). They also resisted simulated gastrointestinal digestion, suggesting they can reach the colon intact and thus exert a true prebiotic effect. Functionally, both XOS types displayed antioxidant capacity, although with different efficacy levels depending on the source. Microbial growth studies revealed that XOS from *P. palmata* selectively promoted the proliferation of *Bifidobacterium adolescentis*, *B. catenulatum*, and *Weissella confusa*. Wheat straw XOS stimulated the growth of the same species and, additionally, enhanced the proliferation of *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* and *Weissella koreensis*. Their selective action suggests a promising application in targeted modulation of dysbiotic microbiota, particularly in obesity-related profiles characterized by decreased *Bifidobacterium* abundance. Besides, these source-dependent differences underline the importance of chemical composition and origin in determining XOS bioactivity.



In fermentation assays with human fecal microbiota, wheat straw XOS enhanced short-chain fatty acid production (acetate, propionate, butyrate), acidified the medium, and significantly shifted microbial composition. 16S rRNA sequencing revealed a selective enrichment of probiotic genera such as *Bifidobacterium*, along with a notable reduction in potentially pathogenic *Proteobacteria* and *Enterobacteriaceae*, including *Escherichia coli*.

Moreover, wheat straw XOS exhibited immunomodulatory properties by reducing the expression of key proinflammatory cytokines in macrophage cultures.

These findings emphasize the relevance of XOS as emerging prebiotics with microbiota-modulating, antioxidant, and anti-inflammatory properties. They also highlight how the biological effects of XOS are shaped by their structural features and botanical terrestrial or marine origin. Valorizing agro-industrial and marine biomass as sources of functional oligosaccharides represents a promising and sustainable strategy to support gut health and develop microbiome-oriented interventions.

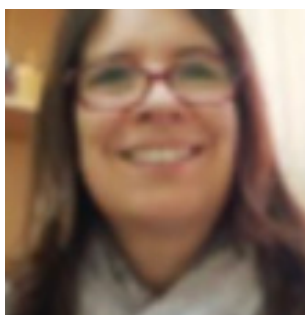
Keywords: Prebiotics, Xylooligosaccharides (XOS), Gut microbiota, Bifidogenic effect, Microbiome modulation

Financing: This research was funded by the Ministerio de Ciencia e Innovación, Gobierno de España (grant no. PID2021126194OB-C22) and by the Xunta de Galicia (GRC, grant no. ED431C 2024/01).

Acknowledgments: Natalia-María Nogueira-Prieto acknowledges the Ministry of Science, Innovation, and Universities of Spain for funding through an FPU fellowship (FPU21/05026).



**ABORDAJE INTEGRAL DE
LAS EMERGENCIAS VIRALES:
ARTICULACIONES ENTRE ACADEMIA
Y SALUD PÚBLICA**



Strengthening public health through inter-institutional collaboration: The epizootic outbreak of WEE virus in Uruguay

Sandra Frabasile¹, María Moelia Morel², Ramiro Pérez³, Lucía Moreira Marrero¹, Analía Burgueño², María Noel Cortinas⁴, Lucía Bassetti³, Raúl Negro³, Sirley Rodríguez³, Victoria Bormida⁴, Valeria Gayo³, Víctor Costa de Souza⁵, Felipe Gomes Naveca⁵, Mariela Martínez Gómez⁶, Lionel Gresh⁶, Jairo Méndez Rico⁶, Héctor Chiparelli², ADRIANA DELFRARO¹

⁽¹⁾ Sección Virología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Igua 4225, Montevideo, Uruguay

⁽²⁾ Unidad de Virología, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública, Alfredo Navarro 3051, Montevideo, Uruguay

⁽³⁾ División de Laboratorios Veterinarios (DILAVE), Dirección General de Servicios Ganaderos (DGSG), Ministerio de Ganadería Agricultura y Pesca, (MGAP), Ruta 8, Km 17,500, Montevideo, Uruguay

⁽⁴⁾ Laboratorio de Genómica, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública (MSP), Alfredo Navarro 3051, Montevideo, Uruguay

⁽⁵⁾ Núcleo de Vigilância de Vírus Emergentes, Reemergentes ou Negligenciados – ViVER/EDTA, Instituto Leônidas e Maria Deane, Fiocruz, Manaus (AM), Brazil

⁽⁶⁾ Infectious Hazards Management Unit, Health Emergencies Department, Pan-American Health Organization (PAHO), Washington, USA

In November 2023, an epizootic of equine encephalomyelitis was detected in Western Uruguay, simultaneously with outbreaks in Argentina's Corrientes and Santa Fe provinces. On December 5, Western Equine Encephalitis Virus (WEEV) was confirmed as the etiological agent via laboratory analysis of a deceased horse from Salto Department. The outbreak disseminated nationwide in Uruguay by March 2024. Prior to this event, WEEV activity in Uruguay was last documented by a PRNT-seropositive equine sample in 2007 and a fatal human case in 2009. Notably, no equine or human WEEV cases have been reported in North America since 1998.

Rapid pathogen identification resulted from collaborative efforts between public health authorities and academic institutions. Brain tissue homogenates and cerebrospinal fluid were processed for nucleic acid extraction. Molecular



diagnosis employed an RT-nested PCR targeting the nsp4 gene, with subsequent Sanger sequencing and phylogenetic analysis. Whole-genome sequences from six samples were generated using hybrid-capture enrichment and Illumina® Miseq NGS (Viral Surveillance Panel).

Maximum likelihood phylogenetic analysis revealed Uruguayan outbreak sequences form a monophyletic cluster within the WEEV clade, grouping closely with contemporary Brazilian outbreak genomes and remaining distinct from North American lineages. Genomes from this outbreak are related to an old Argentinean equine isolate from 1950. Additionally, two Argentinean sequences—one from *Culex* spp. mosquitoes (1980) and one from a horse (1933)—were associated with the epizootic clade. In contrast, the Uruguayan sequence from the 2009 human case clustered with North American (USA) strains and was unrelated to the current outbreak.

The emergence and propagation of the 2023–2024 outbreak are likely associated with an anomalously high precipitation regime and widespread flooding in the precedent months. These environmental conditions facilitated the proliferation of vector mosquitoes, particularly *Aedes albifasciatus*, a species known for its population surges following inundation events, thereby potentially enhancing the transmission dynamics and geographic spread of this epizootic episode. Ongoing field investigations aim to elucidate the main vertebrate amplifying hosts and the mosquito vectors responsible for viral transmission during this epizootic event.

Keywords: WEEV, horses, Uruguay, epizootic

Financing: Centers for Disease Control and Prevention (no. NU50CK000639) to PAHOCSIC R&D Groups (UdelaR), no. 22620220100213UD). to A.D.FAPEAM Call 023/2022–INICIATIVA MAZÔNIA +10: Inova Fiocruz–Inova Amazônia and CNPq/MCTI10/2023–(no. 421620/2023–4) to F.G.N.



COVIRed, una acción estratégica de CYTED

Sandra Goñi¹, Fernando Valiente-Echeverría²

(1) Universidad Nacional de Quilmes, Laboratorio de Virus Emergentes, Instituto de Microbiología Básica y Aplicada, Departamento de Ciencia y Tecnología, Roque Sáenz Peña 352, BERNAL, Argentina

(2) Universidad de Chile, Molecular and Cellular Virology Laboratory, Virology Program, Institute of Biomedical Sciences, Faculty of Medicine, Av. Independencia #1027, Santiago, Chile

La aparición recurrente de brotes de virus emergentes y reemergentes en Iberoamérica, como el dengue, la gripe A (H1N1) y el COVID-19, evidencia su persistente impacto en la salud pública de nuestra región. Frente a este desafío, es esencial una respuesta coordinada entre organismos e instituciones.

El Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED) proporciona el marco para el trabajo conjunto entre los 22 países de la región a través de redes como RIVE, VIORRED y, más recientemente, COVIRed, creada en 2020 en respuesta a la pandemia de COVID-19, con participación de instituciones propuestas por los organismos nacionales de ciencia y tecnología.

Esta iniciativa se organizó en dos ejes: diagnóstico/aspectos virológicos y aspectos clínicos/tratamiento. Desde allí se discutieron temas como la validación de metodologías diagnósticas, el análisis genético del SARS-CoV-2 y la evaluación de estrategias clínicas y terapéuticas, incluyendo estudios sobre ivermectina y la creación de registros estandarizados.

Entre 2020 y 2023 se realizaron reuniones virtuales periódicas, talleres y seminarios que abordaron temas como neutralización, secuenciación, dengue, influenza aviar, long COVID y el desarrollo de vacunas, como la Abdala (Cuba). Las reuniones contaron con destacados expertos internacionales, como el Dr. Adolfo García-Sastre. Además, se organizaron talleres virtuales de secuenciación con alta participación.

En 2022 se concretó el primer encuentro presencial en Chile, fortaleciendo el vínculo entre investigación y salud pública. Posteriormente, en 2023, se llevó adelante el evento "Actualización en Virosis con Potencial Epidémico" en la Ciudad de México, junto con la II Reunión Anual de COVIRed-CYTED.

Esta iniciativa reafirma la importancia de la interdisciplinariedad, la cooperación regional y la soberanía científica como pilares fundamentales para enfrentar epidemias. A través de redes como COVIRed-CYTED y en articulación con la Organización Panamericana de la Salud, se busca consolidar respuestas eficaces con impacto real en las políticas públicas sanitarias de la región.

Keywords: COVID, virus, diagnóstico, emergentes, salud



Financing: COVIRed, Acción Estratégica dentro del Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED)

Acknowledgments: Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED), Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CIC-PBA), Universidad Nacional de Quilmes



La relación entre Europa e Iberoamérica a través de la gripe y otros virus respiratorios

Inmaculada CASAS⁽¹⁾

⁽¹⁾ Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), Centro Nacional de Microbiología, Laboratorio de Referencia e Investigación en Virus Respiratorios. Unidad de Virus Respiratorios y Gripe, Carretera Majadahonda Pozuelo km2, Majadahonda, Madrid, España

La relación entre Europa e Iberoamérica en el ámbito de la gripe y otros virus respiratorios ha sido históricamente dinámica, marcada por desafíos compartidos y una creciente cooperación científica y sanitaria. Durante décadas, ambos continentes han mantenido una vigilancia epidemiológica coordinada, intercambiando información clave y desarrollando estrategias de respuesta conjunta, favorecidas por sus calendarios estacionales complementarios.

Desde la creación del sistema global de vigilancia de la gripe de la OMS (GISRS) en 1952 hasta proyectos recientes financiados por la Unión Europea y organismos regionales, la colaboración ha sido esencial para mejorar la detección temprana, el diagnóstico y la respuesta ante brotes. La pandemia de gripe A(H1N1) en 2009, originada en América, y la crisis del COVID-19 reforzaron la urgencia de fortalecer las capacidades nacionales y regionales en vigilancia, laboratorios, bioinformática y comunicación de riesgos.

Ambas regiones enfrentan desafíos similares frente a virus respiratorios como la gripe estacional, el SARS-CoV-2 y el virus respiratorio sincitial (VRS), así como ante amenazas emergentes como la gripe aviar. En este último caso, la propagación del virus a través de nuevas especies de aves migratorias —incluyendo pelícanos y halcones peregrinos— ha extendido su alcance desde Asia a Europa, África y América, intensificando la necesidad de una vigilancia coordinada bajo el enfoque “One Health”.

A pesar de las diferencias estructurales, la cooperación se ha consolidado a través de iniciativas como VIRORED/COVIREN, que reflejan el compromiso con una agenda común de salud global basada en la equidad, la investigación colaborativa y la formación continua. Estas alianzas permiten una detección más eficaz de variantes, una mejor evaluación de riesgos y



una toma de decisiones más informada.

En un contexto de creciente circulación viral, cambio climático y presión sobre los ecosistemas, la colaboración euro-iberoamericana se ha vuelto indispensable para anticipar y mitigar riesgos, proteger a las poblaciones más vulnerables y fortalecer la resiliencia de los sistemas sanitarios frente a futuras crisis.

Keywords: Influenza, Respiratory-Virus, Europe-Iberoamerica, SARS-CoV-2, RSV

Acknowledgments: Se agradece a CYTED por el mantenimiento de la red VIRORED/COVIREN, que ha sido clave para sostener esta colaboración a lo largo del tiempo.



CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

XXVII

COMUNICACIÓN ORAL



“Dictyostelium discoideum: A Tool for Virulence Profiling of Cultivable Antarctic Soil Bacterial Diversity”

Ian Pérez Ramírez¹, Matías Gálvez², Patricio Arros², Jacqueline Acuña³, Milko Jorquera³, Verónica Cambiazo⁴, Andrés Marcoleta², Francisco Chávez¹

(1) University of Chile, Systems Microbiology Laboratory (SysmicroLab), Department of Biology, Faculty of Sciences, Santiago de Chile, Chile

(2) University of Chile, Integrative Microbiology Group, Department of Biology, Faculty of Sciences, Santiago de Chile, Chile

(3) University of La Frontera, Laboratory of Applied Microbial Ecology (EMALAB), Scientific and Technological Center of Bioresources (BIOREN), Temuco, Chile

(4) University of Chile, National Institute of Food Technology INTA, Laboratory of Bioinformatics and Gene Expression, Santiago de Chile, Chile

Dictyostelium discoideum is a non-animal alternative model that offers a novel approach to studying the functional mechanisms of bacterial virulence, as it feeds on environmental bacteria through phagocytosis. Its natural interaction with opportunistic pathogens allows it to discriminate against pathogenic bacteria, even in their dormant stages, making it a valuable tool for identifying virulence mechanisms. Additionally, *D. discoideum* possesses genes potentially involved in antimicrobial synthesis, whose heterologous expression has confirmed their activity. The presence of human orthologous genes also makes it useful for studying human diseases and drug characterization. *D. discoideum* has been successfully used to study host-pathogen interactions in various bacteria, including *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Salmonella typhimurium*, *Legionella*, and *Mycobacterium*. Our research group has developed an innovative methodology called DIVA (*Dictyostelium*-based Indicator of Virulence Assay) for the selection and characterization of potential bacterial pathogens. This methodology has been validated with clinical strains and is useful for identifying environmental strains with virulent phenotypes. In this study, we analyzed a set of Antarctic soil samples to assess the presence of virulence factor genes through metagenomics and to investigate the cultivable bacterial diversity. We used *D. discoideum* to select strains with pathogenic potential, identifying those that show resistance to amoeba phagocytosis and intracellular survival. Subsequently, bacterial sequencing allowed us to correlate the total bacterial taxa in Antarctic soil with the cultivable taxa and determine the pathogenic potential based on the identified virulence factor genes.

Keywords: *Dictyostelium discoideum*, cultivable taxa, bacterial virulence, virulence factor genes

Financing: Project Anillo ACT210044 ANID PhD Scholarship 2022-21232343



AISLAMIENTO DE *Fusarium* spp. Y CUANTIFICACIÓN DE FUMONISINAS EN LA CADENA PRODUCTIVA DEL ARROZ (*Oryza sativa*) EN ALGUNOS MUNICIPIOS DE NORTE DE SANTANDER

Liliana Rojas Contreras¹, Criss Fernando Salazar Téllez¹, Angela Maritza Cajiao Pedraza¹

(1) Universidad de Pamplona, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Básicas, Km 1 vía Bucaramanga, Pamplona, Colombia

Fusarium spp. comprende un grupo de hongos filamentosos que representan un riesgo tanto fitosanitario como toxicológico en productos agrícolas, incluido el arroz (*Oryza sativa*), debido a la producción de micotoxinas como las fumonisinas. Estas últimas han sido clasificadas por la Agencia Internacional para la Investigación del Cáncer como posibles carcinógenos humanos (grupo 2B). El objetivo del presente trabajo fue determinar la presencia de *Fusarium* spp. y cuantificar las fumonisinas a lo largo de la cadena productiva del arroz en los municipios de Cúcuta, El Zulia, San Cayetano y Puerto Santander (Colombia).

Para ello, se tomaron muestras de 5 eslabones de la cadena de producción. Se realizaron aislamientos de cepas de *Fusarium* spp. empleando medios selectivos, seguidos de la purificación de los cultivos y su caracterización fenotípica y genotípica. Adicionalmente, se cuantificaron las fumonisinas mediante los métodos ROSA FAST5 Fumonisin Quantitative Test y HPLC con espectrofluorometría (AOAC 995.15). Además, se realizaron determinaciones fisicoquímicas como pH, actividad acuosa y contenido de humedad.

Como resultado, se encontró que el 50 % de las muestras de arroz paddy y el 16,66 % de las muestras de cascarilla estaban contaminadas con el hongo. No se detectó la presencia de *Fusarium* spp. en ninguna de las muestras de arroz integral, arroz blanco ni harina de arroz. En cuanto a las fumonisinas, solo se detectó y cuantificó la toxina en una muestra de harina de arroz, las demás muestras no presentaron concentraciones detectables. Las variables fisicoquímicas mostraron diferencias significativas ($p < 0,05$) en función de la procedencia de la muestra y del eslabón de la cadena productiva. Los resultados demostraron que, a medida que el arroz avanza en su procesamiento, la presencia de *Fusarium* spp. disminuye. Sin embargo, la presencia del hongo no implica necesariamente la producción de fumonisinas, ya que esta está influenciada por otras variables.

Keywords: Arroz, *Fusarium* spp., Fumonisin, Micotoxinas, Variables fisicoquímicas

Financing: Universidad de Pamplona, Vicerrectoría de Investigaciones, proyecto convocatoria interna 2021.

Acknowledgments: Agradecimiento a la Universidad de Pamplona, a la Vicerrectoría de Investigaciones y al Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología [GIMBIO].



Detección de *Treponema pallidum* por medio de PCR digital en muestras clínicas de sífilis congénita: una contribución para la salud materno-infantil

Ana M Bossa-Castro¹, Narda M. Olarte Escobar², Zayda Lorena Corredor-Rozo¹, Ismael Alberto Valderrama Márquez², Deisy Abril¹, Luis Fuentes¹, Ruth Liliana López Cruz², Sharon Hassbleidy Ochoa Ramírez², José Alejandro Mojica Madera², Pedro José Ramos Cabrera², Jorge Eliecer Castellanos Corredor², Nidia Aydee Garay Bernal², Javier Escobar-Perez¹

(1) Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá, Colombia

(2) Subred Integrada de Servicios de Salud Sur E.S.E. de Bogotá, Colombia

La sífilis es una enfermedad infecciosa producida por la bacteria *Treponema pallidum* subespecie *pallidum*. La sífilis gestacional y congénita son eventos de alto interés en salud pública mundial, con un incremento en las incidencias en varios países en los últimos años, incluido Colombia. El diagnóstico es bastante complejo y se realiza utilizando técnicas indirectas serológicas que orientan la conducta terapéutica con alto grado de incertidumbre. La PCR digital (dPCR) es un método de detección directa del ADN bacteriano con una mayor sensibilidad y puede contribuir a mejorar el diagnóstico. En este estudio, se analizaron 18 binomios madre-neonato diagnosticados como sífilis gestacional y congénita, respectivamente, por pruebas serológicas y criterios clínicos. Diez de las gestaciones tuvieron parto pretérmino, incluyendo dos óbitos, y ocho nacieron a término. Se extrajo ADN total a partir de diferentes muestras clínicas como sangre, placenta, líquido cefalorraquídeo (LCR), entre otros, y se evaluó la presencia de *T. pallidum* detectando un fragmento del gen *Tpp47* por dPCR. Los resultados obtenidos permitieron cuantificar la bacteria en las muestras clínicas, incluso a muy bajas concentraciones. Se obtuvieron 1.8–385.9 copias/ μ l en sangre materna, 0.8–20.3 copias/ μ l en sangre de neonato, 2.4–192.7 copias/ μ l en placenta y 1.4–42.8 copias/ μ l en LCR de neonato. No se encontró correlación entre el número de diluciones de la prueba VDRL y el número de copias/ μ l detectadas por dPCR en las muestras. Incluso, en sangre y LCR de neonato con VDRL no reactivos se identificó un alto número de copias/ μ l, sugiriendo la presencia de la bacteria. La dPCR ofrece un potencial inexplorado para fortalecer la atención de maternas y neonatos, así como la optimización del diagnóstico y posterior tratamiento de la sífilis gestacional y congénita.

Keywords: *Treponema pallidum*, PCR digital, Detección, Sífilis congénita

Financing: Agencia Distrital para la Educación Superior, la Ciencia y la Tecnología (ATENEA) – Convocatoria Retos del Sector Salud 2023, Subred Integrada de Servicios de Salud Sur E.S.E. de Bogotá y Universidad El Bosque.

Acknowledgments: Agradecemos a Marcela Torres y al equipo de atención en salud de los servicios de neonatos, ginecología y laboratorio clínico del Hospital de Meissen por la toma de muestras y procesamiento de pruebas rápidas y VDRL.



“Contaminación Silenciosa: La Influencia Humana en las Aguas Superficiales del Mundo”

Modestina Alcántara Encarnación^{1,2}, Fuensanta García Orenes³, Jorge Mataix Solera³

(1) Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD)., Doctorado en Medio Ambiente y Sostenibilidad, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Av. Dr. Bernardo Correa y Cidron Zona Universitaria, Santo Domingo, República Dominicana

(2) Universidad Autónoma de Santo Domingo., Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA)., Ciencias, Av. Bernado Correa y Cidrón Zona universitaria, Santo Domingo, D.N., República Dominicana

(3) Universidad Miguel Hernández (UMH). Departamento de groquímica y Medioambiente., Departamento de Agroquímica y Medioambiente., Ciencias Experimentales, Provincia de Alicante, España

El agua constituye un recurso vital para la vida, y dentro de sus formas accesibles están las aguas superficiales como son ríos, lagos, lagunas, arroyos y embalses, desempeñando funciones esenciales en los ecosistemas y las actividades humanas. Son utilizadas para riego agrícola, consumo doméstico, abrevadero, abastecimiento de agua potable y actividades recreativas. Sin embargo, en las últimas décadas, estas fuentes han sido objeto de una creciente contaminación, impulsada principalmente por actividades antropogénicas como la gestión inadecuada de residuos y el vertido de contaminantes. Esta situación representa una amenaza directa a la salud humana, animal y ambiental. El presente estudio tiene como objetivo identificar las principales fuentes humanas responsables de la degradación de la calidad del agua superficial. Para ello, se llevó a cabo una revisión sistemática de literatura científica publicada entre 2008 y 2024, en bases de datos reconocidas como Scopus, EBSCOhost y Scielo. Se consideraron investigaciones realizadas en América, Europa, África y Asia. Los resultados evidencian que los factores más recurrentes en la contaminación de aguas superficiales son la agricultura intensiva, la ganadería, la expansión urbana descontrolada, la disposición incorrecta de desechos sólidos, tratamiento ineficiente de las aguas residuales, las escorrentías urbanas, el turismo, las actividades recreativas sin regulación y la escasa educación ambiental. Estos elementos tienen un impacto directo en el deterioro de los ecosistemas acuáticos y en la reducción de la calidad de los recursos hídricos.

Keywords: Contaminación, Aguas superficiales, Actividades antropogénicas

Acknowledgments: Doctorado en Medio Ambiente y Sostenibilidad, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD), Universidad Miguel Hernández (UMH) Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA) UASD. Ministerio de Educación Superior Ciencia y Tecnología



Genotipo y fenotipo de resistencia antimicrobiana de aislamientos de *Salmonella* spp. provenientes de granjas avícolas.

Karen Lorena Rodríguez¹, Magda Beltrán León², Diana Marcela Álvarez Mira³, Arlen P. Gómez⁴

(1) Universidad Nacional de Colombia, Grupos de Investigación en Medicina aviar y producción avícola y Microbiología y Epidemiología, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Carrera 30 No. 45-03, Bogotá, Colombia.

(2) Universidad Nacional de Colombia, Biología Molecular y Virología, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Carrera 30 No. 45-03, Bogotá, Colombia.

(3) Universidad Nacional de Colombia, Laboratorios de Patología aviar, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Carrera 30 No. 45-03, Bogotá, Colombia.

(4) Universidad Nacional de Colombia, Laboratorios de Patología aviar, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Carrera 30 No. 45-03, Bogotá, Colombia

Antecedentes: Salmonelosis continúa siendo una de las enfermedades más relevantes para la industria avícola y una causa importante de enfermedades transmitidas por alimentos en humanos, debido al carácter zoonótico de algunos serovares. En el contexto del enfoque “Una Salud”, el uso inadecuado de antimicrobianos como promotores de crecimiento o profilácticos en la producción pecuaria ha contribuido al desarrollo de resistencia antimicrobiana (RAM), representando un desafío para la salud pública y animal. **Objetivo:** En este estudio se determinó el perfil fenotípico y genotípico de RAM en aislamientos de *Salmonella* spp. obtenidos de granjas avícolas de tres departamentos de Colombia con alta producción de aves. **Métodos:** Se utilizaron 50 aislamientos de *Salmonella* spp. provenientes de muestras ambientales, productos para consumo humano y de aves. La resistencia fenotípica se determinó mediante la técnica de difusión en disco (Kirby-Bauer) frente a 21 antibióticos de uso común en avicultura y de importancia en salud pública. La detección genotípica se realizó por PCR múltiplex, evaluando 21 genes asociados con mecanismos de resistencia frente a betalactámicos, aminoglucósidos, tetraciclinas, quinolonas, fenicoles y macrólidos, dos genes asociados con resistencia a desinfectantes (*qacE* y *sugE* (p)) e integrón. **Resultados:** Los resultados revelaron en mayor proporción un perfil multirresistente en muestras de productos de consumo humano (100%), seguidos de aislamientos de aves (82%) y muestras ambientales (73%). El serovar *S. Infantis* presentó resistencia a todas las familias de antibióticos evaluados, especialmente frente a tetraciclina, eritromicina y ácido nalidíxico. En contraste, *S. Gallinarum* mostró escasa resistencia. *S. Enteritidis* y *S. Heidelberg* fueron los serovares con mayor diversidad genética de RAM (14/22) mientras que *S. Stanleyville* tuvo la menor (4/22). Se detectó el gen de integrón de clase I en el 24% de los aislamientos. **Conclusiones:** Estos hallazgos subrayan la necesidad de monitorear tanto ambientes como animales en producción avícola, dado el riesgo potencial de diseminación de RAM a través de la cadena alimentaria. Este estudio contribuye a la vigilancia epidemiológica de *Salmonella* spp. en Latinoamérica y destaca la necesidad de implementar medidas integrales de control que involucren a los sectores de salud humana, animal y ambiental.



Keywords: Aves de corral, Colombia, genes, resistencia antimicrobiana, Salmonelosis.

Financing: Fondo de apoyo a la investigación de la Asociación Colombiana de Médicos Veterinarios y Zootecnistas Especializados en Avicultura (AMEVEA) y de la Unidad de Investigación de la Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia de la Universidad Nacional de Colombia.

Acknowledgments: A la Universidad Nacional de Colombia, Laboratorio de Patología Aviar, Laboratorio de Biología Molecular y Virología, Universidad de La Salle, AMEVEA.



Comparative transcriptome analysis of the trans kingdom pathogen *Fusarium keratoplasticum* resistant to amphotericin B

Flaviane Maria Galvão Rocha¹, Adriana Rodrigues Alves¹, Carlos Henrique Lopes Rocha², Marcia Regina von Zeska Kress¹

(1) Universidade de São Paulo, Departamento de Análises Clínicas, toxicológicas e Bromatológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto, Avenida Professor Doutor Zeferino Vaz, s/nº - Bloco S - sala 91, Ribeirão Preto, Brasil

(2) Universidade de São Paulo, Departamento de Ginecologia e Obstetrícia, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Av. Bandeirantes, Ribeirão Preto, Brasil

Fungal infections represent a serious public health problem worldwide. Accurate diagnosis and effective treatment remain challenging in clinical practice. The limited number of antifungals in use and resistance to them lead to treatment failure and recalcitrant infections. *Fusarium* species are notably resistant to most available antifungal drugs, including Amphotericin B (AmB), a polyene fungicide. Among them, the pathogen *Fusarium keratoplasticum* is a clinically relevant pathogen that causes severe, often fatal infections, particularly in immunocompromised individuals. Given this scenario, it is essential to identify the mechanisms that contribute to resistance to the antifungals used to treat these infections. In this sense, we investigated the transcriptional response of *F. keratoplasticum* to AmB exposure using RNA sequencing (RNA-seq). A clinical isolate with high minimal inhibitory concentration (MIC) for AmB (>32 µg/mL) were used to perform the long-read sequencing using Oxford Nanopore Technology on the MinION platform. For this, we cultivated the isolate in yeast nitrogen base (YNB) medium containing sub-inhibitory concentrations of AmB for 4 hours. Mycelia were then harvested, flash-frozen in liquid nitrogen, and total RNA was extracted. RNA purity and integrity were assessed using a NanoDrop spectrophotometer and an Agilent Bioanalyzer. Sequencing libraries were prepared following the MinION protocol (SQK-PCB114.24), and fastq files were generated via MinKNOW with high-accuracy base calling. RNA-seq data were analyzed using the Transcriptome Analysis Workflow from EPI2ME Labs (v1.6.1). A total of 9,013,472 long reads were successfully mapped to the reference genome. On average, 8,819 genes were detected in response to AmB exposure. Differential expression analysis revealed log₂ fold changes ranging from 9.73 to -3.28 when compared to the untreated control, encompassing both known genes and novel isoforms modulated by the drug. The data showed comparable coverage and quality to similar studies in the literature. As forward, we are sequencing the complete genomes and transcriptomes of additional *Fusarium* and *Aspergillus* isolates, both susceptible and resistant to AmB, to identify and validate genes involved in antifungal resistance. These findings aim to reveal potential molecular targets for the development of novel therapeutic strategies and enhance our understanding of resistance mechanisms, particularly in *Fusarium* species.

Keywords: RNAseq, Amphotericin, *Fusarium*, Resistance

Financing: CAPES, FAPESP, CNPQ

Acknowledgments: The authors are thankful to Tonani, L. e Bocardo, S. for the technical assistance



MICROBIAL BIOPROCESSING OF AGROINDUSTRIAL WASTE: TOWARD SUSTAINABLE BIO-BASED PRODUCTION AND AGRICULTURE

Silvio Silverio da Silva¹, Silvio Silverio da Silva¹, Paulo Ricardo Franco Marcelino¹, Júlio César Dos Santos¹

(1) Universidade de São Paulo, Biotecnologia, Escola de Engenharia de Lorena, Estrada Municipal do Campinho, s/nº, Bairro do Campinho, Lorena – SP, São Paulo . Lorena, Brasil

The search for sustainable alternatives to chemical use in agriculture has led to biotechnological solutions, with microorganisms playing a key role by converting agroindustrial waste into valuable bio-based products. This study aimed to evaluate the capacity of the yeast *Scheffersomyces shehatae* to produce a biosurfactant using sugarcane bagasse (SCB) as a lignocellulosic raw material and to analyze the effect of this biosurfactant (BS) on the germination of lettuce seeds (*Lactuca sativa*). SCB was used as lignocellulosic biomass for the production of hemicellulosic hydrolysate (HHSCB). The chemical characterization of the SCB revealed contents of cellulose (34.48%), hemicellulose (23.10%), and lignin (27.67%). The hydrolysate was obtained through acid pretreatment with H₂SO₄ at 121 °C and subsequently detoxified with activated charcoal to remove inhibitory compounds. The biosurfactant was produced by fermenting the detoxified HHSCB using *S. shehatae*, cultured at 30 °C and 150 rpm for 72 hours. For the characterization of the biosurfactant, the emulsification index was determined using kerosene as the oil phase, and surface tension was measured with a Sensadyne digital tensiometer. The biosurfactant exhibited an emulsification index of 59.28% and was capable of reducing the solution's surface tension from 70 mN/m to 68 mN/m. In bio-stimulation assays, biosurfactant concentrations between 500 and 1000 mg/L significantly promoted lettuce seedling growth, increasing the average radicle length (61.66 mm), hypocotyl length (3.53 mm), the percentage of absorbing root hairs (68.75%), and dry biomass (0.73 mg/seedling), with statistically significant differences compared to the control ($p < 0.05$). Under soil conditions, the application of 500 mg/L of biosurfactant increased the germination rate to 92.5%, enhanced hypocotyl growth (12.76 mm), and stimulated the formation of 5 to 8 lateral roots per seedling, compared to 3 to 5 roots observed in the control. However, concentrations above 2000 mg/L showed signs of phytotoxicity, reducing the germination rate to 43.71%. It is concluded that the biosurfactant produced by *S. shehatae* from agroindustrial waste presents high potential as a sustainable agricultural input, efficiently promoting seed germination and early seedling development when applied at appropriate concentrations, positioning itself as an ecological alternative to conventional synthetic inputs.

Keywords: Biosurfactant, Biobased, Lettuce, Sugarcane bagasse, Bioprocess

Financing: FAPESP (2023/09789-8), CAPES, CNPq (INCT Leveduras – Processo 406564/2022-1, 304166/2022-7).

Acknowledgments: FAPESP (2023/09789-8), CAPES, CNPq (INCT Leveduras – Processo 406564/2022-1, 304166/2022-7).



Supervivencia de *Listeria monocytogenes* almacenada en temperatura de refrigeración y presencia del gen *luxS*.

Suzette Juárez-Contreras¹, José Antonio Mata-Sotres², Carolina Ripollés-Ávila³, Aida Hamdan-Partida⁴, Jaime Bustos-Martínez⁴

(1) Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud. Universidad Autónoma Metropolitana., Calzada del Hueso 1100 Colonia Villa Quietud, Coyoacán., Ciudad de México, México

(2) Departamento del Hombre y su Ambiente. Universidad Autónoma Metropolitana., Unidad Xochimilco, Calzada del Hueso 1100, Colonia Villa Quietud, Coyoacán., Ciudad de México, México.

(3) Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos Universitat Autònoma de Barcelona., Facultat de Veterinària, Travessera dels Turons s/n 08193 Bellaterra., Barcelona, España

(4) Departamento de Atención a la Salud. Universidad Autónoma Metropolitana., Unidad Xochimilco, Calzada del Hueso 1100, Colonia Villa Quietud, Coyoacán., Ciudad de México, México

Listeria monocytogenes es un patógeno que implica altas tasas de hospitalización (95%) y de mortalidad (20%) en embarazadas, niños, ancianos e inmunodeprimidos. Esta bacteria persiste en instalaciones de la industria alimentaria y, a través de marcadores genéticos, podría regular el estrés por frío; el gen *luxS* que participa en el Quorum sensing, se ha asociado con su capacidad psicrótrofa de este patógeno. Esto podría representar un riesgo por el posible aumento en la incidencia de listeriosis asociada a alimentos. El objetivo fue determinar la presencia del gen *luxS* y la supervivencia de cepas de *L. monocytogenes* almacenadas en temperatura de refrigeración. Dos cepas de *L. monocytogenes* aisladas de quesos e identificadas como Lm5 y Lm7, se cultivaron en caldo Soya Trypticaseína con 0.6% Extracto de Levadura a 37°C durante 24 h; se inocularon cubos de queso con 100 µL de cultivo (108UFC/g) en placa Petri y se almacenaron a 4°C durante 30 días. Se realizaron diluciones 1:10 en agua peptonada y se sembraron por duplicado en agar Oxford a los 0, 2, 4, 6, 14 y 30 días de almacenamiento. Para determinar la presencia del gen *luxS*, se realizó extracción de ADN de las cepas utilizadas y PCR punto final [3]. Inicialmente, en el tiempo 0 se tuvo un recuento bacteriano de 1.18x10⁷ UFC/mL; transcurrido el almacenamiento a 4°C, a los 2 días se obtuvo un recuento bacteriano de 2.03x10⁶ UFC/mL; a los 4 días se observó un aumento, obteniendo 2.97x10⁶ UFC/mL; a los 6 días fue de 9.77x10⁵ UFC/mL; a los 14 días fue de 2.16x10⁶ UFC/mL; finalmente, a los 30 días se obtuvo un recuento de 9.36x10⁵ UFC/mL. La PCR punto final, mostró que ambas cepas bacterianas poseen el gen *luxS*, es importante recordar que este gen se ha asociado con la respuesta al estrés por frío en *L. monocytogenes*; sin embargo, sería importante determinar la expresión de dicho gen. En conclusión, *L. monocytogenes* sobrevive por lo menos hasta 30 días en refrigeración, demostrando así, su capacidad psicrótrofa. La viabilidad de este patógeno bajo estrés por frío, podría suponer un riesgo para la salud pública.

Keywords: *Listeria monocytogenes*, Psicrótrofa, Contaminación alimentaria, Salud pública



Estudio del microbioma bacteriano y de endosimbiontes secundarios en flebotomíneos del bioma amazónico colombiano revela potencial para el control biológico

Katerine Caviedes-Triana¹, Rafael Vivero-Gomez¹, Daniela Duque-Granda¹, Howard Junca², Gloria Cadavid-Restrepo¹, Claudia X. Moreno-Herrera¹

(1) Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Biociencias, Ciencias-Biotecnología, Cra. 65 #59a-110, Medellín, Colombia

(2) RG Microbial Ecology: Metabolism, Genomics & Evolution, Div. Ecogenomics & Holobionts, Microbiomas Foundation, LT11A, Chia 250008, Colombia

El estudio del microbioma en flebotomíneos representa una herramienta clave para el diseño de estrategias de control biológico orientadas a mitigar el riesgo de transmisión de la leishmaniasis, especialmente en regiones como la Amazonía colombiana, donde se ha observado un incremento significativo de casos de la enfermedad en los últimos cinco años, favorecido por la expansión de la frontera agrícola, el cambio climático, la movilidad humana y animal, y las actividades fronterizas. Por esta razón, en este estudio se analizó el microbioma bacteriano asociado a especies de la subfamilia Phlebotominae del Amazonas y Caquetá, mediante secuenciación de alto rendimiento (NGS) del gen RNAr 16S y PCR específica de endosimbiontes secundarios (*Arsenophonus*, *Cardinium*, *Rickettsia*, *Spiroplasma* y *Wolbachia*) en búsqueda de alternativas de control biológico. Se identificaron 126 variantes de secuencia del amplicón, clasificadas en siete filos, 47 familias y 73 géneros. Proteobacteria fue el filo predominante (>70%), seguido de Firmicutes (10.5%) y Actinobacteria (9.4%). Se detectaron 18 géneros centrales, donde *Novosphingobium*, *Cutibacterium*, *Methylobacterium* y *Staphylococcus* destacaron por su alta prevalencia. La estructura del microbioma varió según el nivel taxonómico, el sexo y el origen geográfico de los insectos. En especies de importancia epidemiológica como *Nyssomyia* y *Psychodopygus* se observaron perfiles microbianos distintivos, incluyendo alta abundancia de *Pantoea* y *Wolbachia*. En *Psychodopygus ayrozai* y *Psychodopygus paraensis* del Amazonas, se presentó mayor diversidad bacteriana que en Caquetá, con predominio de *Cutibacterium* y *Staphylococcus*. Mientras que en no vectores como *Trichophoromyia*, predominaron bacterias del género *Delftia*.

Por NGS además se detectó la presencia de bacterias con potencial antimicrobiano, como *Serratia marcescens*, *Delftia tsuruhatensis*, *Haemophilus parainfluenzae*, así como *Bartonella* y *Rickettsia* de relevancia médico-veterinaria, especialmente en hembras de *Psychodopygus*. Por otro lado, la PCR convencional evidenció prevalencias elevadas de *Cardinium* (20%) y *Wolbachia* (33%).

Los resultados revelan un microbioma bacteriano diverso, con implicaciones ecológicas y biotecnológicas prometedoras para el control vectorial, y destacan la necesidad de profundizar en estudios aplicados sobre las interacciones principalmente entre huésped-microbioma-patógeno que permitan desarrollar estrategias innovadoras como el control simbiótico o la paratransgénesis.



Keywords: Cardinium, Leishmaniasis, potencial antimicrobiano, Wolbachia

Financing: Proyecto HERMES 57545, "Alianza estratégica interdisciplinaria Leticia, Medellín y La Paz para el estudio del microbioma de insectos vectores de enfermedades tropicales y su relación con el cambio climático y la sociedad" y Programa de Becas MinCiencias–SGR, Convocatoria 15.

Acknowledgments: Agradecemos a las comunidades locales, al equipo de profesionales y auxiliares de la Secretaría de Salud de Caquetá y Amazonas, a la Gobernación y al Grupo de Estudios en Salud Pública del Amazonas (GESPA) por su valiosa participación.



Lelliottia sp JR05 aislada de fangos mineros de Yauli – Junín (Perú) a 4400 m de altitud produce exopolisacáridos con actividad antioxidante

JORGE KENYO RAMOS CRISOSTOMO¹, Amparo Iris Zavaleta¹, Arturo Intiquilla¹, Lucero Mostacero-Arango¹, Pamela Canales-Mormontoy¹, Karim Jiménez-Aliaga¹

(1) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Jr.Puno 1002, Lima, Perú

Especies del género *Lelliottia* son bacilos Gram negativos, aisladas de diferentes nichos ecológicos, contribuyen al crecimiento vegetal; y a la mejora de los suelos de cultivo debido a la producción de diversas enzimas, polímeros y compuestos bioactivos. Así, algunas cepas secretan exopolisacáridos (EPS) que muestran actividad biológica y propiedades fisicoquímicas especiales tales como estabilidad mecánica, viscosidad, formación de geles con aplicaciones en las industrias de alimentos, farmacéutica, cosmética, petrolera, química, entre otras. En este contexto, el objetivo de la investigación fue caracterizar a la cepa JR05 productora de EPS con actividad antioxidante. El cultivo de la cepa JR05 aislada de fangos mineros de Yauli – Junín (Perú) a 4400 m de altitud, mostro colonias gomosas en agar nutritivo conteniendo glucosa 2% a 25 °C. Para su caracterización fisiológica, la bacteria se creció a diferentes pH, temperaturas y concentraciones salinas en caldo nutritivo. Asimismo, la sensibilidad antimicrobiana en agar Mueller Hinton y la identificación molecular utilizando la amplificación y secuenciación de los genes ribosómicos 16S. Para la producción de EPS se utilizó una relación C/N de 6:1 (sacarosa: extracto de levadura) e incubó a 25 °C por 96 h. Después, el sobrenadante se precipito con etanol absoluto a -20 °C, secó y solubilizo en agua. La actividad antioxidante se determinó mediante el método radical ABTS. El análisis molecular indica que la cepa JR05 pertenece al género *Lelliottia*, es capaz de crecer en amplio rango de temperatura (15 -37 °C), pH (5 -9) y concentración salina (0,9 y 5,0 % p/v), sensible a sulfametoxazol-trimetoprima, cloranfenicol, tobramicina, estreptomicina, kanamicina, polimixina, amoxicilina, gentamicina y cefoxitina, y resistente a eritromicina y ampicilina; además, inhibió el radical ABTS•+ en un 21%. *Lelliottia* sp JR05 presenta gran potencial prospectivo en la producción de exopolisacáridos para su uso en diversas industrias y en la recuperación de suelos contaminados, así como de metales de alto valor económico.

Keywords: *Lelliottia*, exopolisacáridos, sensibilidad antimicrobiana, bacteria psicrófila, antioxidante.

Financing: Contrato de financiamiento N° PE501078969-2022-PROCIENCIA



Enteroparásitos de Importancia Clínica en Lechugas Crespa (*Lactuca sativa* var. *crispa*) comercializada en mercado Zona Industrial Herrera y Feria Ganadera

Anell Mencía Monsanto Hernández^{1,2}, Modestina Alcántara Encarnación^{1,2}, Solanyi Massiel Payano Medina^{1,2}, Edita Sánchez Aquino^{1,2}

(1) Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD, Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA), Ciencias, Av. Bernardo Correa y Cidrón, Santo Domingo, D.N., República Dominicana

(2) Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD, Escuela de Microbiología y Parasitología, Ciencias, Av. Bernardo Correa y Cidrón, Santo Domingo, D.N., República Dominicana

Se realizó un estudio descriptivo, de corte transversal, entre los meses enero y octubre 2022, en los mercados Feria Ganadera y Zona Industrial Herrera, con el objetivo de detectar parásitos intestinales de interés clínico presentes en las lechugas. Las muestras estuvieron constituidas por 100 lechugas cresas (*Lactuca sativa* var. *crispa*), que fueron procesadas en el Instituto de Microbiología y Parasitología de la UASD, por los métodos Ritchie modificado y Faust. Se aplicó un formulario tomando en cuenta las condiciones de las lechugas, la higiene de los expendedores y las condiciones medioambientales. Resultados: prevalencia general (47%). Parásitos diagnosticados: *Strongyloides* sp (70.21%), *Ancilostómidos* (12.77%), además *Toxocara* sp, *Cyclospora* sp, *Blastocystis* sp, *Ascaris lumbricoides*, *Entamoeba* sp, *Balantidium coli*, *Capillaria* sp y *Eimeria* sp, (2.13%) c/u. El método con mayor número de casos positivos fue Ritchie modificado. Y el factor medioambiental más relevante la presencia de basura. Conclusión: la prevalencia parasitaria es alta, con un gran número de géneros presentes de origen humano, animal y animal – humano, por lo que la ingesta de lechugas mal lavadas constituye un riesgo para la salud. Recomendaciones: Evaluación de lechuga por el método de Ritchie, uso de calzados y guantes para el manejo de lechugas, no usar agua residual no tratada, ni abono con heces.

Keywords: Parásitos intestinales, lechuga cresa, Ritchie, Faust

Acknowledgments: Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD). Facultad de Ciencias de la UASD. Escuela de Microbiología Y Parasitología de la UASD. Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA) de la UASD.



Niveles de glicemia y resistencia a las cefalosporinas y los carbapenémicos en microorganismos del grupo ESKAPE.

Alfa Suero¹, Felvill Villalona², Jorge David Lora³

(1) Universidad Adventista Dominicana, Centro de Investigación en Cuidado Integral de Salud, Ciencias de la Salud, Km. 74.5, Autopista Duarte, Villa Sonador, Piedra Blanca, República Dominicana

(2) Hospital José María Cabral y Báez, Epidemiología e investigación, Santiago, Santiago de los Caballeros, República Dominicana

(3) Centro de Atención Comunitaria en Salud Integral, Investigación, Ciencias de la Salud, Km.74.5, Autopista Duarte, Villa Sonador, Piedra Blanca, República Dominicana

Se reporta una cada vez más creciente resistencia de las bacterias del grupo ESKAPE a la terapia antibiótica, atribuida con frecuencia al mal uso de estos medicamentos. Sin embargo, ha sido bien establecido que el azúcar es un alimento para los microorganismos. El objetivo del estudio es analizar la relación entre el nivel de glicemia y la resistencia a las cefalosporinas y los carbapenémicos en las bacterias del grupo ESKAPE. El diseño es cuantitativo, descriptivo y retrotransversal, extrayendo información de los expedientes de pacientes asistidos en el Hospital José María Cabral y Báez durante el período noviembre 2024-enero 2025. Los criterios de inclusión fueron tener glicemia, cultivo y antibiograma y ser mayor de edad. Se usó un equipo marca Dimension para la glicemia y las muestras para el cultivo provinieron de secreciones pleurales, líquidos corporales y de sangre. 160 casos cumplieron los criterios de inclusión y constituyen la muestra del estudio. El 49% de los casos presentó glicemia elevada, el 47% la tenía dentro de límites normales y el 4% tenía niveles por debajo de 70 mg/dl. El grupo ESKAPE representó el 48.2% de los casos, correspondiendo el resto a la E. Coli con un 30.6% y un 22% a otros microorganismos. Se encontró relación significativa entre el nivel de glicemia y la reacción a la Cefepime ($F(93, 1.623)=1.612, p<0.05$) y a la Ceftazidime ($F(93, 2.547)=1.579, p<0.05$), pero no a la Ceftriaxona ni a los carbapenémicos. Estas reacciones no mostraron diferencias significativas al comparar los microorganismos del grupo ESKAPE ni en general. Se concluye que el nivel de glicemia puede alterar la respuesta frente al tratamiento con algunas cefalosporinas, independientemente del microorganismo del cual se trate, pero este efecto no se observa en los carbapenémicos ni en todas las cefalosporinas.

Keywords: Antibacterianos, Antibiograma, Sensibilidad microbiana, Resistencia a las cefalosporinas, Índice glucémico

Financing: Universidad Adventista Dominicana

Acknowledgments: Hospital José María Cabral y Báez



EFFECTS OF *Bacillus* STRAINS ON THE GROWTH PROMOTION OF MAIZE PLANTS UNDER HYDROPONIC CONDITIONS

Fernanda de Cássia Batista¹, Victor Alef Rodrigues¹, Daniel Bini², Fabiane Ferreira de Souza², Ubiraci Gomes de Paula Lana², Ivanildo Evódio Marrieal², Christiane Abreu de Oliveira Paiva², Sylvia Morais de Sousa Tinoco²

(1) Universidade Federal São João del-Rei (UFSJ), Bioengenharia na Linha Ecológica, Universidade Federal São João del-Rei (UFSJ), Praça Dom Helvécio, 74 Bairro: Fábricas, São João del-Rei - Minas Gerais, Brasil

(2) Embrapa Milho e Sorgo, Microbiologia e Bioquímica dos Solos, Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG 424, Km 45, Bairro: Esmeraldas II, CEP 35.701-970, Sete Lagoas - Minas Gerais, Brasil

Bacillus strains can enhance plant growth and serve as a sustainable, beneficial alternative for various crops. *Bacillus* species promote development through mechanisms such as phosphate solubilization, phytohormone production, and biofilm formation. This study aimed to assess the root morphology and dry mass of maize inoculated with different *Bacillus* strains under hydroponic conditions. The experiment was conducted at Embrapa Maize and Sorghum, in Sete Lagoas, MG, using a completely randomized design with 13 treatments and four replications. Treatments included a negative control (uninoculated), a positive control (*B. megaterium* B119), and eleven different strains: *Bacillus* sp. (2248), *B. wiedmannii* (B2289), *B. megaterium* (B2296, B2241, B2245, B2272, B2480, B2481, B2482), *B. aryabhattai* (B2249), and *B. velezensis* (B2301). Root parameters evaluated were total root length (TRL), total surface area (TSA), root surface area in diameter ranges 0.0–1.0 mm (SA-1), 1.0–2.0 mm (SA-2), and 2.0–4.5 mm (SA-3), as well as shoot (SDM) and root dry mass (RDM). Data were analyzed using ANOVA, and means were compared using the Scott-Knott test at a 5% significance level. No significant differences were found for TSA and RDM. For TRL, strains B2241, B2289, B2249, B2296, B2480, and B2248 promoted greater root growth compared to the negative control, though they did not differ from the positive control. In SA-1, strains B2482, B2249, B2289, B2241, B2296, B2480, and B2248 significantly differed from the negative control and matched the positive control, with values ranging from 218.06 to 238.22 mm². For SA-2, only B2249, B2296, B2289, B2480, and B2481 showed significant differences. Regarding SA-3, B2482, B2272, B2241, and B2248 differed from the control, with B2248 showing the highest value (49.34 mm²). In SDM, B2296, B2481, B2480, B2248, and B2289 differed from the negative control, but not from the positive one. Strains B2289, B2296, and B2248 stood out, indicating their potential to enhance root development and contribute to sustainable agricultural practices.

Keywords: Zea mays, microorganism, root morphology.

Financing: FAPEMIG, CAPES, EMBRAPA, UFSJ.

Acknowledgments: FAPEMIG, CAPES, EMBRAPA, UFSJ.



Caracterización Molecular Virus Respiratorios Emergentes con IRAG en Hospitales Pediátricos de República Dominicana

Mildre Disla Melendez^{1,2}, Manuel Rodríguez¹, Delfis Taveras¹, Glendis Ozuna¹, Akemi Tabata²

(1) Centro de Educación Médico de Amistad Dominico Japonesa, Laboratorio de Investigación, Santo Domingo, República Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo, República Dominicana

(2) Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD), Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA), Facultad de Ciencias, Santo Domingo, República Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo, República Dominicana

Las Infecciones Respiratorias Agudas Graves (IRAG), causa importante de morbilidad y mortalidad en niños en todo el mundo, especialmente en países en desarrollo. El despliegue de la ciencia en biología molecular y la utilización de sus herramientas en la detección de virus respiratorios ha permitido identificar agentes; como Metapneumovirus, Rinovirus y Enterovirus, familias virales Coronavirus HKU-1, NL63, agentes responsable del síndrome de dificultad respiratoria aguda grave (HCoV-SARS), Bocavirus y otros virus respiratorios emergentes. Objetivo Determinar y caracterizar los virus respiratorios emergentes en Niños con IRAG en Hospitales de República Dominicana, mediante técnicas moleculares. Material y Método estudio descriptivo, prospectivo de corte transversal en muestras de Hisopado oro-nasofaríngeo combinado en medio de transporte viral (MTV) tomados de niños ingresados con IRAG en Hospitales pediátricos de Rep. Dom., transportadas y procesadas en CEMADOJA. La extracción del material genético se realizó con el kit de QIAGEN, la caracterización e identificación de virus respiratorios, mediante técnicas moleculares e Inmunofluorescencia, kit LIGHTDIAG RESPIRATORY panel viral ID/IF, de PCR en Tiempo Real, tecnología Applied Biosystems®, primer del CDC. y kit comerciales. Se analizaron 220 muestras resultando positivas 179\220 (58%): A (H1N1)pdm09 7\179, A(H3) 29\179, B 7\179, VSR 21\179, Parainfluenza 27\179, Metapneumovirus 6\179, Coronavirus 7\179, Adenovirus 1\179. La detección de agentes etiológicos en infecciones virales, promueve el empleo más racional de los antibióticos e introduce medidas tempranas de salud pública, de control y prevención según el agente circulando al momento del estudio.

Keywords: Virus respiratorio, IRAG, Biología molecular, Pediatría, Técnicas Inmunológicas

Financing: Fondos Nacionales de Ciencia y Tecnología (MESCyT- FONDOCyT) Centro de Educación Médico de Amistad Dominico Japonesa (CEMADOJA)



Identificación de virus respiratorios mediante técnicas moleculares en muestras nasos- orofaríngeas de pacientes pediátricos con infección respiratoria aguda grave (IRAG) en el Hospital Regional Docente, Dr. Alejandro Cabral de San Juan de la Maguana. República Dominicana, marzo-noviembre 2023

Smarlin Feliz^{1,2}, Paola Grullon^{1,2}, Mildre Disla^{1,2}, Delfi Taveras¹

(1) CEMADOJA, Microbiología, Investigación, C/Federico Velasquez #1, Santo Domingo, República Dominicana

(2) Universidad Autónoma de Santo Domingo, Ciencias, Microbiología, Alma mater, República Dominicana

Viruses are the most frequent infectious agents, the "classic" respiratory syncytial virus (RSV), Influenza, Parainfluenza and Adenovirus (ADV). Currently, with advances in diagnostic techniques, "new viruses" have been added, including Metapneumovirus (MPVh), Bocavirus (BoVh), Coronavirus (CoVh), among others.

Objective: To identify by means of molecular techniques respiratory viruses in pediatric patients with severe acute respiratory infection (SARI) in the pediatric pneumology area in nasopharyngeal samples at the Hospital Regional Docente Dr. Alejandro Cabral de San Juan, Dominican Republic.

Methodology: Prospective cross-sectional study, where naso-oropharyngeal samples were analyzed by molecular techniques with the Respiratory Panel IV Real Time PCR Detection Kit VIASURE.

Results: 50 nasopharyngeal swab samples were analyzed in which 24% were positive for respiratory viruses and 76% were negative for respiratory viruses. The most frequently identified viruses were human rhinovirus (HRV) with 12% detected in 6 /50 patients. In addition, Parainfluenza-2 (PIV-2) was detected with 2% in 1/50 patient, Parainfluenza-3 (PIV-3) 2% in 1/50, Coronavirus in 4/50 patients, 1/50 for 2% of Coronavirus (Cov-NL63), 1/50 a 2% for Coronavirus (Cov-229E) 1/50, While Coronavirus (SARS-CoV-2) 2/50 has 4%.

Conclusion: There was a 24% of positivity to any respiratory virus. The main viral etiologic agent identified was Human Rhinovirus (HRV).

Keywords: PCR (Polymerase Chain Reaction), SARI (Severe Acute Respiratory Infection), RV (Respirato



Participación del gen *yrul* en la regulación de la formación de biopelículas del patógeno de salmónidos *Yersinia ruckeri* mediante Quorum Sensing

Iván Luis Calderón Lizana¹, Iván Luis Calderón Lizana¹, María José Barros Gamonal¹, Felipe Hernández Vera¹, Diego Martínez Peñaloza¹, Lillian Acuña Olivares¹

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Genética y Patogénesis Bacteriana, Ciencias De la Vida, República 330, Santiago, Santiago, Chile

Yersinia ruckeri es el agente de la Enfermedad de la Boca Roja, una infección que afecta a salmónidos y que impacta en la salmonicultura como también en el medioambiente, ya que este patógeno puede formar biopelículas en las superficies de los estanques, resistiendo de mejor forma a los antibióticos utilizados como medida sanitaria, impulsando así un mayor uso de éstos.

Un mecanismo que regula la formación de biopelículas es el Quorum Sensing (QS), un sistema de comunicación bacteriana basado en la producción y detección de autoinductores (AI). Este mecanismo regula procesos como la motilidad y la síntesis de la matriz extracelular, factores claves en la formación de biopelículas. El QS en *Y. ruckeri* no ha sido caracterizado, pero sabe que presenta el gen *yrul*, un homólogo codificante de una enzima productora de AI.

Para investigar el papel de *yrul* en la formación de biopelículas de *Y. ruckeri*, se construyó una cepa deficiente del gen *yrul* ($\Delta yrul$) y se realizaron ensayos de motilidad y de formación de biopelículas. Además, se evaluó la producción de AI mediante la cepa biosensora *Chromobacterium violaceum*. La cepa $\Delta yrul$ mostró una motilidad swimming reducida, mientras que la cepa mutante suplementada con un AI exógeno (AHL) exhibió un fenotipo similar al de la wild-type (WT). En los ensayos de formación de biopelículas, la cepa $\Delta yrul$ exhibió una mayor capacidad de formación en etapas avanzadas (24 h y 48 h). Sin embargo, al suplementarse con AHL, la biopelícula se redujo presentando un fenotipo equivalente al de la WT. En el ensayo con Rojo Congo la cepa $\Delta yrul$ presentó una mayor producción de exopolisacáridos, que también disminuyó con la suplementación de AHL exógeno. Finalmente, en el ensayo con la cepa biosensora *C. violaceum*, se detectó la producción de AHL en la cepa WT, evidenciada por la formación de un halo púrpura. En contraste, la cepa $\Delta yrul$ resultó deficiente en la producción de AHL.

Estos resultados indican que *yrul* está involucrado en la regulación de la motilidad y la formación de biopelículas a través del sistema QS, siendo requerido para la producción de AHL.

Keywords: *Yersinia ruckeri*, Quorum Sensing, *yrul*, Biopelículas, *Chromobacterium violaceum*

Financing: Este trabajo se llevó a cabo en el Laboratorio de ARNs Bacterianos de la Facultad de Ciencias de la Vida de la Universidad Andrés Bello y fue financiado por el proyecto FONDECYT N° 1221610.



Análisis mediante herramientas de microscopía avanzada de la co-agregación e internalización de *Helicobacter pylori* J99 a células de *Candida albicans* ATCC 90028 inducida por estrés por deficiencia nutricional

Joaquín Olivares-Muñoz¹, Sara Durán-Quinteros¹, Francisca Gacitúa-Fuentes¹, Francisco Fuentes-Villalobos², Kimberly Sánchez-Alonzo³, Apolinaria García-Cancino¹

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

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

(3) Universidad San Sebastián, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina y Ciencias, Concepción, Chile

Helicobacter pylori es una bacteria Gram negativa que infecta al 50% de la población mundial, asociándose a patologías gastroduodenales. Se ha reportado que, bajo condiciones de estrés, como pH ácido, inanición y presencia de antibióticos, puede internalizarse en las vacuolas de *Candida albicans*, un hongo comensal de la microbiota humana. Esto sugiere una relación endosimbiótica que podría facilitar la supervivencia y transmisión de *H. pylori*. Sin embargo, se desconoce el mecanismo involucrado y si esta interacción afecta la morfología de *C. albicans*. Por ello, el objetivo de este estudio fue profundizar en esta interacción, evaluando mediante herramientas de microscopía avanzada los detalles micrométricos, así como los cambios morfológicos en *C. albicans* inducidos por esta interacción.

Se utilizaron las cepas de referencia *H. pylori* J99 y *C. albicans* ATCC 90028, las que se co-cultivaron en Solución Salina. Se cuantificó el porcentaje de cuerpos similares a bacterias intralevaduras (Y-BLBs) a diferentes horas. Además, se empleó microscopía confocal de superresolución para visualizar la internalización bacteriana generando reconstrucciones tridimensionales, y microscopía electrónica de transmisión para analizar la localización intracelular de la bacteria. La co-agregación, se evaluó mediante un ensayo de formación de biopelículas mixtas con Cristal Violeta, y se visualizó mediante microscopía electrónica de barrido. Por otro lado, se empleó citometría de flujo para evaluar la interacción entre ambos microorganismos y los cambios en el tamaño relativo y en la granularidad celular de *C. albicans*.

Los resultados del análisis por microscopía demostraron que *H. pylori* puede internalizarse en *C. albicans* en un medio deficiente en nutrientes, con presencia de estructuras bacterianas de morfología bacilar, al interior y en la proximidad de las levaduras. El análisis de la co-agregación mostró la adhesión bacteriana a las levaduras y alteraciones superficiales en estas, con una formación de biopelículas significativamente mayor en el co-cultivo que en los cultivos puros. Finalmente, la citometría de flujo muestra cambios discretos en el tamaño relativo y granularidad celular de ciertas subpoblaciones de *C. albicans* posterior al co-cultivo. Estos hallazgos evidencian una interacción estrecha entre ambos microorganismos en condiciones de estrés, que



genera cambios fenotípicos discretos pero evidentes en las células de levadura.

Keywords: Microscopía, Bacteria, Levadura, Internalización, Co-agregación

Financing: PROYECTO FONDECYT REGULAR 124198



Péptidos antimicrobianos vegetales: fungicidas naturales para el control de patógenos de manzana

Roberto Castro-Rosas¹, Rodrigo Becco¹, María Fernanda Ramos¹, Eloísa Arrartre², Gianna Cecchetto³, Mariana Barraco-Vega¹

(1) Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química- Udelar, Uruguay

(2) Fisicoquímica, DEC, Facultad de Química, Uruguay

(3) Microbiología, Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Uruguay

Existen diversas estrategias para aumentar la vida útil de la fruta en poscosecha y reducir las pérdidas durante el almacenamiento. En manzanas, los métodos más utilizados son el almacenamiento en frío (0–1 °C) y la aplicación de fungicidas.

A pesar del uso de estas tecnologías, se registran importantes pérdidas por ataques microbianos. Los principales patógenos son *Penicillium expansum*, *Botrytis cinerea* y *Alternaria* spp. Si bien los fungicidas son eficaces, su toxicidad representa un riesgo para consumidores y aplicadores, lo que motiva la búsqueda de alternativas más seguras. En este contexto, los péptidos antimicrobianos derivados de plantas (PAMPs) son una alternativa promisorio. Nuestro grupo estudia PAMPs obtenidos de plantas nativas de la región, con distintos objetivos de aplicación. En este trabajo se evalúa su potencial como reemplazo de fungicidas químicos.

A partir de un catálogo obtenido por minería genómica del transcriptoma de *Peltophorum dubium* (ibirapitá), *Erythrina crista-galli* (ceibo) y *Maytenus ilicifolia* (congorosa), se seleccionaron siete PAMPs para su expresión recombinante en *Escherichia coli* (HisTag:Trx:PAMP). Se evaluó su actividad antimicrobiana frente a *P. expansum*, *B. cinerea* y *A. alternata* mediante un cribado inicial con fracciones solubles. Los cuatro con mejor desempeño (E1, M4, P11 y P13) fueron purificados por afinidad His-tag y evaluados *in vitro*. Se observaron inhibiciones del crecimiento fúngico de hasta el 100 % a concentraciones de 3–12 µM para *B. cinerea* y 13–20 µM para *P. expansum*. Además, se evaluó su efecto protector en manzanas almacenadas en cámara fría frente a *B. cinerea*. El péptido P11 derivado de ibirapitá fue el que mostró el mejor resultado: a 6 µM (CIM), la severidad de la enfermedad disminuyó 97 % y la incidencia 86 %.

Actualmente se evalúa su eficacia frente a *P. expansum* en condiciones poscosecha, con el objetivo de validar su potencial como alternativa biotecnológica para el manejo de enfermedades fúngicas en frutas almacenadas.

Keywords: fungicidas, antimicrobianos, poscosecha, péptidos recombinantes, plantas nativas

Financing: Agencia Nacional de Investigación e Innovación. PEDECIBA



Cambios en la diversidad de especies probióticas de la microbiota intestinal pediátrica posterior al uso de antibióticos en niños menores de tres años atendidos en una institución de salud de Bogotá – Colombia

Deisy Abril¹, Paola Peña Cárdenas¹, Nicolás Ramos Rodríguez^{2,3}, Jessica Mora Blanco^{2,3}, Alejandro Márquez-Ortiz¹, Javier Escobar-Pérez¹

(1) Universidad El Bosque, Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Vicerrectoría de Investigaciones, Av. Cra. 9 No. 131 A - 02, Bogotá, Colombia

(2) Universidad El Bosque, Investigaciones Pediátricas Bosque, Facultad de Medicina, Av. Cra. 9 No. 131 A - 02, Bogotá, Colombia

(3) Los Cobos Medical Center, Departamento de Pediatría, Ak 9 # 131A - 40, Bogotá, Colombia

El establecimiento de la microbiota inicia en los primeros años de vida y su composición está relacionada a condiciones ambientales y demográficas que pueden ser alteradas por el uso de antibióticos. Dado que se desconoce la diversidad bacteriana del microbioma intestinal pediátrico y la afectación antibiótica que se pueda presentar, el objetivo de este estudio fue establecer los cambios en el microbioma intestinal de niños menores de tres años con infecciones bacterianas que requirieron el uso de antibióticos. Se realizó un estudio analítico, no aleatorizado de tipo “antes y después” de 32 pacientes pediátricos (6 a 35 meses) sin infecciones gastrointestinales. Se recolectaron tres muestras de material fecal a diferentes tiempos: antes del inicio del tratamiento, al finalizar el tratamiento (7 días) y 30 días después. La diversidad del microbioma fue establecida por secuenciación de los genes 16S-ITS-23S-ARNr usando Sequel II (PacBio). Las lecturas HiFi se analizaron mediante QIIME2-DADA2 (SILVA-RDP-GTDB) para especie y SBAalyzer-AthenaTM para clasificación de cepas. Los análisis estadísticos se realizaron con R y STAMP. Se observó una composición bacteriana eubiótica respecto a pacientes pediátricos sanos. Los filos más abundantes fueron Bacillota (33,0%), Bacteroidota (42,6%), Pseudomonadota (10,9%) y Actinomycetota (12,5%). Posterior al consumo de antibióticos, se observó un incremento de la abundancia de Bacillota a 46,3% y una disminución principalmente de Actinomycetota (7,4%), especialmente de *Bifidobacterium pseudocatenulatum* ($p=0,0018$), una bacteria poco estudiada en Colombia que al mes no se evidencia una restauración de la abundancia. La reducción observada de especies probióticas comensales por los antibióticos evidencia la perturbación del microbioma intestinal y la necesidad de evaluar la posible inclusión de probióticos especie-específicos durante o después del tratamiento antibiótico en población pediátrica.

Keywords: microbioma intestinal pediátrico, antibiótico, diversidad bacteriana, *Bifidobacterium pseudocatenulatum*

Financing: Universidad el Bosque PCI-2019-10232 y Los Cobos Medical Center.

Acknowledgments: Al personal de pediatría de Los Cobos Medical Center de Bogotá y demás investigadores del Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana (U. El Bosque)



Calidad microbiológica en derivados lácteos de productores artesanales en Chota, Cajamarca-Perú

Melina Luz Mary Cruzado Bravo¹, SANDRA LIZBETH GARCIA DUEÑAS¹, NILDER ALAMIRO RODRÍGUEZ ROCHA¹, EDSON ELVIS RAMÍREZ TIXE², YAJAIRA MARIANELA GAVIDIA PÉREZ¹

(1) Universidad Nacional Autónoma de Chota, Ciencia y tecnología Agroindustrial, Ciencias Agrarias, Colpa Hucaris, Chota, Cajamarca, Peru

(2) Universidad Nacional Autónoma Altoandina de Tarma, Departamento de Ingeniería Agroindustrial, Facultad de Ingeniería, Huancucro, Acobamba, Tarma, Perú

Una de las principales cuencas lecheras del Perú es la de Cajamarca, ubicada en la zona norte del país, donde la producción de queso es una de las principales actividades económicas. Sin embargo, la calidad de los productos lácteos puede variar debido a las condiciones de producción y las prácticas de higiene. En este contexto, la investigación se centró en evaluar las características microbiológicas y fisicoquímicas de los quesos elaborados por ocho productores artesanales del distrito de Chota, en Cajamarca- Perú. Se realizaron tres colectas entre los meses de abril y julio de 2024, obteniendo un total de 101 muestras de leche cruda, queso, cuajada y superficies. Para cada una de las muestras, se realizaron análisis microbiológicos incluyendo la determinación de aerobios mesófilos viables, coliformes totales, coliformes termotolerantes, E. coli, enterobacterias, Salmonella sp. y Listeria monocytogenes. Los resultados fueron comparados con la normativa vigente establecida en el D.S. N° 007-2017 MINAGRI (Perú, 2017).

Adicionalmente, se realizaron análisis fisicoquímicos de la leche cruda y el queso, evaluando parámetros como densidad, acidez, sólidos solubles totales, cenizas y humedad. También se analizó la infraestructura de las instalaciones de producción utilizando una cartilla de evaluación de DIGESA (2017).

Los resultados microbiológicos mostraron que solo el 20,8% de las muestras de leche cruda cumplían con la normativa vigente, mientras que en el queso, el 41,6% se encontraban dentro de los límites permitidos. En la cuajada, solo el 11,1% de las muestras cumplían con los estándares establecidos; y en las superficies, el 31,4% de las muestras fueron aptas. En cuanto a los análisis fisicoquímicos, el 20,83% de las muestras de leche cruda cumplieron con los requisitos, mientras que el 100% de las muestras de queso se ajustaron a los estándares establecidos. En cuanto a las Buenas Prácticas de Manufactura (BPM) y las Prácticas Higiénico-Sanitarias (PHS), solo una empresa superó el 60% de cumplimiento (DIGESA, 2017).

Estos resultados subrayan la necesidad de realizar más investigaciones que permitan monitorear y mejorar la calidad microbiológica en las empresas productoras de lácteos, a fin de garantizar la seguridad y calidad de los productos destinados al consumo.

Keywords: derivados lácteos, patógenos en derivados lácteos, BPM, PHS, Superficies en contacto con alimentos



Domestication enhances reproduction but disrupts gut microbiome integrity and foraging behavior of *Drosophila*

Jahir Muñoz-Hernández^{1,2,4}, Grisel Cavieres^{3,4}, Gabriela Poblete Ahumada^{4,5}, Amalia Baeza Icaza^{4,5}, Enrico Rezende^{4,5}, Daniela S. Rivera¹

(1) Universidad Mayor, GEMA – Genómica, Ecología & Medio Ambiente, Cam. La Pirámide 5750, 8580745 Huechuraba, Santiago, Chile

(2) Universidad Mayor, Programa de Doctorado en Ecología Integrativa, Cam. La Pirámide 5750, 8580745 Huechuraba, Santiago, Chile

(3) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción, Chile

(4) Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Santiago, Chile

(5) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile

Animal species possess adaptive potential in response to environmental variables, a process that may be influenced by the gut microbiome. Domestication, a process widely used across various research fields, involves exposing organisms to the same controlled environmental conditions over multiple generations. This can lead to adaptive responses beneficial under laboratory conditions, but potentially maladaptive in the wild. Although previous studies have reported changes in host performance and microbial composition during domestication, the association between these variables remains unclear. Furthermore, despite the importance of dietary behavior for host fitness, it is unknown how domestication affects foraging preferences. In this study, we evaluate the effects of domestication on the gut microbiome, feeding behavior, and fitness of four *Drosophila* species. We compared flies at three time points: generation zero (wild), generation six and generation 10 under laboratory conditions (21 °C, 16:8 h L:D photoperiod, carbohydrates-rich diet). Additionally, *D. melanogaster* was examined at generation 50 to provide a broader perspective on the long-term effects of domestication. Over these periods, we sequenced the 16S rRNA gene and assessed egg viability and dietary preference using a range of protein-to-carbohydrate (P:C) ratios (P:C 2:1, 1:2, 1:4, and 1:8). Our results indicated that domestication promoted an increase in reproductive outputs and induced shifts in the gut microbial composition. In the early generations, flies showed high preference for protein-rich food (P:C 2:1), corresponding to optimal diet for fecundity. Strikingly, in the last generations, the flies maintained the optimal diet for fitness (P:C 2:1), but shifted dietary preference towards carbohydrates-rich food (P:C 1:4). Notably, the changes in the gut microbiome could explain the alterations in feeding behavior and egg viability. We conclude that foraging behavior has greater adaptive potential than fecundity, and that the gut microbiome has a central role in the host adaptive process. These results have important implications for research fields where animals are bred in captivity, such as conservation and insect pest control programs.

Keywords: gut microorganisms, domestication, host fitness, dietary behavior, *Drosophila*

Financing: This work was supported by ANID PIA/BASAL AFB240003 to ELR and GC. JMH was supported by Beca Doctorado Nacional ANID 21241747.



Potencial de producción de biosurfactantes por hongos provenientes de manglares preservados y contaminados con petróleo en Brasil.

Nicole Estefanía Barrera Paredes¹, Renan do Nascimento Barbosa², Cristina Maria de Souza-Motta², Norma Gusmão³, Adriana Ferreira de Souza⁴, Galba Campos Takaki⁴, Keila Aparecida Moreira⁵

(1) Universidad Central del Ecuador, Ciencias Biológicas, Ciencias Biológicas, Av. Yaguiachi y Numa Pompilio Llona, Quito, Ecuador

(2) Universidad Federal de Pernambuco, Micología, Biociencias, Avenida Professor Moraes Rego, S/N, Cidade Universitária, Recife, Brasil

(3) Universidad Federal de Pernambuco, Antibióticos, Biociencias, Avenida dos Economistas, S/N, Cidade Universitária, Recife, Brasil

(4) Universidad Católica de Pernambuco, CEMABIOS, CEMABIOS, Rua do Príncipe, 526 – Boa Vista, Recife, Brasil

(5) Universidad Federal de Agreste de Pernambuco, Medicina Veterinaria, Medicina Veterinaria, Avenida Bom Pastor, S/N, Boa Vista, Garanhuns, Brasil

El derrame de petróleo en Pernambuco (PE), Brasil, en 2019, causó grandes impactos en los ecosistemas costeros, afectando también los manglares. Los hongos, esenciales en estos ecosistemas, pueden contribuir a la biodisponibilización de estos contaminantes para su posterior biodegradación, a través de la producción de biosurfactantes. En este estudio, se aislaron cepas fúngicas del suelo de manglares en áreas preservadas y contaminadas en Rio Formoso – PE, con el objetivo de evaluar su potencial para producir biosurfactantes frente al petróleo derramado en 2019, con miras a contribuir en el proceso de biodegradación. Las cepas seleccionadas fueron depositadas en la Colección de Cultivos UCP (WFCC 927) y, tras la prueba de decoloración con 2,6-diclorofenolindofenol, fueron identificadas molecularmente en la Colección Micobiológica URM (WFCC 604). Para evaluar el potencial de las cepas fúngicas en la producción de biosurfactantes, se realizaron estudios de actividad hemolítica, producción y cuantificación de biosurfactantes aniónicos mediante el método de Siegmund y Wagner, índice de emulsificación y tensión superficial. Los resultados fueron analizados utilizando las pruebas estadísticas ANOVA y Wilcoxon. Los hongos *Aspergillus tubingensis* UCP1208 y *Aspergillus fumigatus* UCP1212 presentaron alta actividad hemolítica, *Aspergillus recifensis* UCP1207 mostró el mayor potencial de producción de biosurfactantes, mientras que *Rhodotorula mucilaginosa* UCP1209 obtuvo el mayor porcentaje de producción de biosurfactantes aniónicos. La capacidad emulsificante fue más pronunciada en *Aspergillus tubingensis* UCP1208, del área preservada, y la tensión superficial fue reducida principalmente por *Aspergillus recifensis* UCP1207. Los análisis estadísticos indicaron que los hongos aislados de ambas áreas tienen la misma capacidad de producir biosurfactantes de naturaleza aniónica utilizando petróleo como única fuente de carbono.

Keywords: Biosurfactantes fúngicos, Biosurfactantes aniónicos, Biodegradación

Financing: Consejo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (CNPq). Coordinación



de Perfeccionamiento de Personal de Nivel Superior (CAPES).Fundación de Apoyo a la Ciencia y Tecnología del Estado de Pernambuco (FACEPE) por el proyecto APQ-0638-2.01/19 y la beca estudiantil n.º IBPG-0243-2.12/20.

Acknowledgments: Centro Multiusuario de Análisis y Caracterización de Biomoléculas y Materiales de Superficie (CEMACBIOS), Banco de Cultivos UCP, Universidad Católica de Pernambuco (UNICAP).Laboratorio de Microbiología Ambiental e Industrial (LAMAI), Micoteca URM, Universidad Federal de Pernambuco (UFPE).



MicroMundoTM: un proyecto para el descubrimiento de nuevos antibióticos uniendo las dos orillas del Mundo Latino

Carmina Rodríguez Fernández¹, Félix Andueza², Víctor Jiménez Cid¹

(1) Universidad Complutense de Madrid, Departamento de Microbiología y Parasitología, Farmacia, Plaza Ramón y Cajal s/n, Madrid 28040, España

(2) Universidad Central del Ecuador, FIGEMPA, Av. Universitaria, 170129, Quito, Ecuador

MicroMundoTM, proyecto de Aprendizaje-Servicio (ApS) de concienciación sobre multirresistencias a antibióticos y búsqueda de bacterias productoras de nuevos antimicrobianos, acerca la Ciencia a estudiantes de secundaria desde la Universidad. Animados por este espíritu, se propone la creación de una Red Latinoamericana que una las dos orillas del Atlántico que se expresan en la misma lengua, para alcanzar objetivos compartidos y crear un vínculo estable de colaboración humana y científica.

La OMS (2014) incluyó como prioridad la lucha contra la resistencia a los antimicrobianos. Los antibióticos salvan millones de vidas. No obstante, según el informe O'Neill (2016) se prevén 10 millones de muertes anuales hasta 2050. Su uso indebido en humanos, animales e impacto ambiental (enfoque One Health) ha provocado la proliferación de bacterias multirresistentes. Entre las acciones sociales para afrontar este problema destacan: (1) promover la concienciación para el uso racional de antibióticos, (2) fomentar vocaciones en estudios STEM (Science, Technology, Engineering & Mathematics) y (3) búsqueda y aislamiento de bacterias productoras de nuevos antibióticos.

MicroMundoTM, es el ApS en España (y Portugal) de la iniciativa Tiny Earth (USA). Estudiantes de grado de 30 universidades lideran equipos en centros de secundaria, para aislar nuevas cepas con actividad antimicrobiana a partir de muestras de suelo. Los experimentos son coordinados por un equipo de estudiantes universitarios dirigidos por un profesor. En cuatro o cinco sesiones de laboratorio y una sesión final, los jóvenes reciben formación en las técnicas microbiológicas para la selección de microorganismos con actividad antimicrobiana (Valderrama et al., 2018; Gil-Serna et al., 2025).

La Universidad Complutense de Madrid (UCM) es pionera (2016) en este proyecto. Con el respaldo del Plan Nacional de Resistencias a Antibióticos y la Sociedad Española de Microbiología, cada año unos 40 profesores y más de 150 estudiantes trabajan con 40-50 centros de secundaria. Estos equipos involucran cada año a más de 600 jóvenes.

Keywords: MicroMundoTM, Antibióticos, Multirresistencias, Red cooperativa

Financing: Principalmente, fondos propios de la Universidad Complutense de Madrid (UCM)

Acknowledgments: Universidad Complutense de Madrid (UCM), Plan Nacional de Resistencias a Antibióticos (PRAN) y Sociedad Española de Microbiología (SEM)



Caracterización de las vesículas de membrana externa de *E. coli* y *P. mirabilis* uropatógenos

María José González¹, Nicolás Navarro Martínez¹, Erlen Cruz¹, Luciana Robino², Analía Lima³, PAOLA SCAVONE¹

(1) Laboratorio de Biofilms Microbianos, Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay

(2) Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Facultad de Medicina, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

(3) Unidad de Bioquímica y Proteómica Analíticas, Institut Pasteur de Montevideo & Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay

Las bacterias gram-negativas *Escherichia coli* (Ec) y *Proteus mirabilis* (Pm), principales causantes de infecciones del tracto urinario, producen vesículas de membrana externa (VME). Estas estructuras son capaces de transportar biomoléculas como ADN, ARN, lípidos, proteínas y toxinas. Las VME cumplen funciones claves en la formación de biofilms, adquisición de nutrientes, comunicación bacteriana, evasión inmune y diseminación de factores de virulencia.

En este trabajo, se analizó las VME producidas por cepas uropatógenas Ec_U144 y Pm2921 cultivadas en caldo LB y orina artificial (OA). Las VME fueron purificadas mediante filtración y ultracentrifugación, y caracterizadas por microscopía electrónica, DLS y espectrometría de masas. Se observaron diferencias de tamaño entre condiciones: las VME de Ec midieron 185.5 nm en LB y 257.6 nm en OA, mientras que las de Pm fueron de 267.6 nm y 320.4 nm, respectivamente. Todas presentaron carga superficial negativa. El análisis proteómico reveló que la composición de las VME varía según el medio. En LB, se identificaron 282 proteínas en Ec y 353 en Pm, mientras que en OA se detectaron 215 y 103, respectivamente. Muchas de estas proteínas están asociadas a la envoltura celular, movilidad, adhesión y captación de metales como zinc y hierro, lo que sugiere una adaptación funcional al ambiente urinario.

Se evaluó también la capacidad de asociación de las VME con bacterias receptoras mediante fluorescencia. Ec_U144 incorporó sus propias VME tras 30 minutos, mientras que Pm2921 necesitó más de 3 horas. Ec_ATCC fue capaz de aceptar VME de ambas cepas en distintos tiempos. Estas diferencias indican posibles funciones en comunicación intra e interespecie.

Finalmente, se demostró que la incubación con VME propias incrementa significativamente la formación de biofilms en ambas cepas, reforzando el rol de las VME en la patogénesis. En conjunto, estos hallazgos subrayan la importancia de las VME en la adaptación, comunicación y virulencia de bacterias uropatógenas, y nos permiten entender mejor los mecanismos de invasión del tracto urinario.

Keywords: Vesículas de membrana externa, Infecciones del tracto urinario, *Escherichia coli* uropatógena, *Proteus mirabilis*, proteoma



Financing: Este trabajo fue financiado por la Dirección Nacional de Innovación, Ciencia y Tecnología, Montevideo, Uruguay [I-FVF2017-106]; la Comisión Sectorial de Investigación Científica [CSICiniciación-2019-511]; y la Comisión Académica de Posgrado.



Bacteriófagos contra *Klebsiella pneumoniae* planctónica y en forma de biopelícula.

Ruth Reyes Cortés¹, Cruz Eugenia Martínez Palacios¹

(1) Universidad de Guanajuato, Departamento de Biología, División de Ciencias Naturales y Exactas, Calle Noria alta S/N, Guanajuato, Guanajuato, México

Hoy en día la resistencia hacia los antimicrobianos es un desafío para los sistemas de salud pública a nivel mundial. *Klebsiella pneumoniae*, es uno de los principales agentes etiológicos de las infecciones asociadas a la atención de la salud. Además, presenta resistencia a antibióticos de última generación, como a las cefalosporinas de 1^a, 2^a, 3^a y 4^a generación y carbapenémicos. Ante esta problemática, el uso de bacteriófagos o fagos ha resurgido como una alternativa. Los fagos líticos son virus que infectan específicamente a las bacterias e inducen la lisis celular durante su ciclo de replicación lo que los convierte en potenciales herramientas ante infecciones contra patógenos multirresistentes.

El objetivo de este estudio fue aislar y caracterizar fagos con potencial terapéutico frente a *K. pneumoniae*. Para este fin, se aislaron fagos del ambiente utilizando cepas clínicas de *K. pneumoniae* como cepas receptoras. Se evaluaron diversas características biológicas incluyendo rango de huésped, infectividad a diferentes temperaturas y pH, efectividad contra biopelículas, respuesta del sistema inmune, y finalmente su secuenciación.

En total se aislaron 20 fagos. De estos, se seleccionaron 9 con un ciclo de desarrollo predominantemente lítico. La morfología característica de los fagos de nuestra colección es del orden caudovirales y de la familia siphoviridae. Los ensayos de infectividad mostraron estabilidad en un amplio rango de temperatura y pH. Tres fagos presentaron un fenotipo de placa característico de fagos productores de enzimas depolimerasas, lo que indica su capacidad para degradar la capsula bacteriana. Entre ellos el fago ϕ K08-48 fue seleccionado para su secuenciación genómica, la cual reveló la ausencia de factores de virulencia o resistencia antimicrobiana. Este fago mostró actividad microbiciida frente a aislados clínicos de *K. pneumoniae* multirresistentes, en suspensión y en biopelícula. Adicionalmente se presentan resultados preliminares sobre la interacción del fago ϕ K08-48 con macrófagos, aspecto relevante para evaluar su inmunogenicidad y seguridad en potenciales aplicaciones clínicas

Keywords: Bacteriofagos, *Klebsiella pneumoniae*, .Biopelículas, Alternativas terapéuticas

Acknowledgments: Universidad de Guanajuato.



Diferencial de glóbulos blancos y resistencia microbiana a las cefalosporinas y carbapenémicos

Alfa Suero², Felvill Villalona¹

(1) Hospital José María Cabral y Báez, Epidemiología e Investigación, Santiago, Santiago de Los Caballeros, Villa Sonador, Piedra Blanca

(2) Universidad Adventista Dominicana, Centro de Investigación En Cuidado Integral de Salud, Ciencias de la Salud, Km. 74.5 Autopista Duarte,, Villa Sonador, Piedra Blanca, República Dominicana

Algunos estudios reportan que los antibióticos afectan a los anticuerpos corporales, disminuyendo la capacidad del sistema inmunológico para actuar frente a los invasores, mientras que otros indican una sinergia significativa entre ambos para combatir a los microorganismos invasores. Se realizó un estudio retrospectivo, cuantitativo y descriptivo con el objetivo de observar la relación entre el diferencial de los glóbulos blancos y el reporte de resistencia microbiana a las cefalosporinas y los carbapenémicos. Los diferenciales se hicieron con un equipo marca Sysmex, a partir de muestras de sangre completa. Se elaboró una base en Excel con los reportes de laboratorio de los pacientes asistidos entre noviembre 2023 y enero 2024 en un Hospital público de la región norte de la República Dominicana, obteniéndose una muestra de 214 casos que tenían diferencial, microorganismo detectado y antibiograma. Se halló que los neutrófilos estuvieron bajos en el 3% de los casos y estos eran de *S. Aureus*, *P. aeruginosa*, *Enterobacter* y *E. Coli*; se mostraron elevados en un 31% de los casos con un 66% de los resultados que no mostró alteración de los neutrófilos. Los linfocitos estuvieron bajos en un 40% de los casos, normales en un 59% y elevados en el 1%. El análisis inferencial mostró relación significativa entre el microbio detectado y el nivel de neutrófilos ($F(204, .508)=2.050, p<0.05$) y de linfocitos ($F(204, .512)=2.011, p<0.05$). Los monocitos se mostraron elevados solo en el 2% de los casos, sin mostrar relación con el microorganismo. La resistencia a la ceftriaxona presentó relación con la alteración del nivel de neutrófilos ($F(210, 1.024)=4.128, p<0.01$) y la cefepime con la alteración de los linfocitos ($F(210, .712)=2.748, p<0.05$), pero la ceftazidime no mostró diferencia. En el caso de los carbapenémicos, la alta sensibilidad se asoció con una disminución de los neutrófilos, tanto con el Ertapenem ($F(210, 1.749)=7.354, p<0.01$) como con el Meropenem ($F(210, 1.193)=4.855, p<0.01$).

Keywords: Recuento de leucocitos, Antibiograma, Fármacoresistencia microbiana, Carbapenémicos, Cefalosporinas

Financing: Universidad Adventista Dominicana Hospital José María Cabral y Báez



Development of a Bacterial Genomic DNA Extraction Kit Using the Salting-Out Method for Commercial Purposes

Samantha Jiménez-Vargas¹, Lesther Emmanuel Lopez-Cruz¹

(1) Universidad Iberoamericana Puebla, Departamento de Ciencias e Ingenierías, Laboratorio de Ecología y Biotecnología Aplicada, Blvd del Niño Poblano 2901, Unidad Territorial Atlixcáyotl, 72820, Puebla, México

This project aimed to develop an affordable commercial kit for extracting bacterial genomic DNA using the salting-out method. Unlike traditional commercial kits, which are often expensive and reliant on imported materials, this alternative seeks to reduce costs while maintaining DNA quality. The optimized protocol was designed to work with both Gram-positive and Gram-negative bacteria and was evaluated using agarose gel electrophoresis and PCR amplification of the 16S rRNA gene.

The results demonstrated high DNA purity (260/280 absorbance ratio of 1.87) and average concentrations of 234.1 ng/μl for *Bacillus cereus* HV1 and 140.05 ng/μl for *Pseudomonas putida* KT2440. The DNA bands were more defined than those from commercial kits and free from contaminants such as RNA, allowing efficient amplification without unwanted by-products.

This development offers a cost-effective and reliable alternative, particularly beneficial in low-resource settings. Additionally, it promotes technological independence by reducing reliance on foreign supplies, making it a valuable tool for students, researchers, and laboratories alike.

Keywords: Genomic DNA, Bacteria, Salting-out method, Purification

Financing: This research is supported by the Laboratory of Ecology and Applied Biotechnology (LEBA) through the Directorate of Research and Graduate Studies, and by the Institute of Design and Technological Innovation (IDIT) of Universidad Iberoamericana Puebla.

Acknowledgments: We thank the Laboratory of Ecology and Applied Biotechnology, the Directorate of Research and Graduate Studies, and the Institute of Design and Technological Innovation (IDIT) at Universidad Iberoamericana Puebla for their institutional support and resources for this project.



Aguas residuales como centinelas de la resistencia antimicrobiana: evidencia desde dos plantas de tratamiento en Santiago de Chile

Jorge Olivares¹, Diego Lira-Velasquez¹, Richard Covarrubia-Lopez¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo de Resistencia Antimicrobiana en Bacterias Patógenas y Ambientales (GRABPA), Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile

Introducción: La resistencia a los antimicrobianos es uno de los principales problemas de salud pública a nivel global. Su diseminación ha trascendido el ámbito hospitalario, por lo que comprender cómo circulan bacterias resistentes y genes asociados en entornos urbanos resulta clave para diseñar estrategias de control. En este sentido, las aguas residuales representan un reservorio epidemiológico de gran valor, ya que concentran desechos de comunidades completas y permiten estimar la circulación de elementos de resistencia más allá de los hospitales.

Metodología: Durante dos años se recolectaron muestras mensuales de aguas residuales en los afluentes de las plantas de tratamiento La Farfana y Mapocho-Trebal (Santiago, Chile). Se procedió al aislamiento de bacterias resistentes utilizando seis medios de cultivo suplementados individualmente con cefotaxima, ciprofloxacina, imipenem o vancomicina. Los aislados fueron identificados mediante secuenciación del ADNr 16S y su susceptibilidad antimicrobiana evaluada por método de Kirby-Bauer. Aquellos resistentes a carbapenémicos, portadores de carbapenemasas y clasificados como patógenos de prioridad crítica se sometieron a secuenciación genómica completa. Además, cada mes se cuantificaron los genes blaNDM, blaVIM y blaKPC mediante PCR en tiempo real, con el fin de correlacionar la dinámica temporal de estos elementos genéticos con la presencia de aislados clínicamente relevantes.

Resultados: Se observó una marcada estacionalidad en la resistencia, con mayores tasas de bacterias resistentes durante los meses de invierno (julio-septiembre). Este patrón coincidió con un aumento significativo en el número de copias de carbapenemasas detectadas en las muestras. La especie crítica más frecuentemente aislada fue *Escherichia coli*, con una alta proporción de cepas portadoras de blaKPC (43%) y blaNDM (28%). Asimismo, los meses invernales concentraron la mayor cantidad de aislados multirresistentes y de patógenos de prioridad crítica.

Conclusiones: El invierno constituye el período de mayor carga de bacterias resistentes y genes de carbapenemasa en aguas residuales de Santiago. Esta tendencia se relaciona directamente con el incremento estacional en el consumo de antibióticos y el mayor número de hospitalizaciones registrado en el país. Nuestros hallazgos confirman que las aguas residuales son una herramienta eficaz para la vigilancia epidemiológica comunitaria, complementando la información obtenida en hospitales y contribuyendo a una visión integral.

Keywords: Resistencia antimicrobiana, Aguas residuales, Carbapenemasas,



Epidemiología urbana, Patógenos de prioridad crítica

Financing: FONDECYT number 1240316



Functional metagenomic to discover redox enzymes: a strategy to uncover new methionine sulfoxide reductases

Valeria Florez¹, Antonella Alba², Emily McNutt³, Sergio Pantano², Mehmet Berkmen³, Bruno Manta¹

(1) Institut Pasteur in Montevideo, Uruguay, Microbial Genomic Lab, School of Science, Montevideo, Uruguay

(2) Institut Pasteur in Montevideo, Biomoleculars Simulation Lab, Montevideo, Uruguay

(3) New England Biolabs, Inc, Research Department, Ipswich, United States

Methionine (Met), an essential amino acid in multiple biological processes, is susceptible to oxidation, resulting in methionine sulfoxide (MSO). This modification is reversed by enzymes called methionine sulfoxide reductases (Msrs), of which there are six non-homologous families, all present in prokaryotes. However, we performed an in silico analysis to study the distribution of Msrs across representative prokaryotic genomes, based on sequence homology. It showed that some prokaryotic species do not possess Msrs. This led to a series of questions related to the existence of other Msrs families not yet described, the presence of other mechanisms that reduce MSO or whether there is an absence of Msrs in these species. Based on the above, we formulated the premise that in these species new Msrs families could exist but, a priori, could not have been identified by bioinformatics methods. To achieve this, we propose a method based on in vivo functional genomics developed by our group using *E. coli* strains auxotrophic for Met and without Msr activity, unable to grow when the only source of Met is MSO. Applying a protocol developed in our laboratory ¹, we generated plasmid libraries from genomes of species without known Msrs and the aforementioned selection method. We were able to identify a gene capable of reversing the growth phenotype, and found that these were Msrs of known family members. Furthermore, we have a candidate gene from *Brucella antrophii*, annotated as a hypothetical protein. In this work we confirm its Msrs activity in vivo, we perform phylogenetic and in silico structural analyses that show that this enzyme is not related to the currently known Msrs families. By docking and molecular dynamics we propose an active site and a reduction mechanism. This finding demonstrates the potential of combining functional genomics and metagenomics for the discovery of new activities and brings a new enzyme family to potential Msrs, particularly relevant in intracellular and prokaryotic pathogens of biomedical interest.

1. Florez et al. (2025). Plasmid Library Construction from genomic DNA. Current Protocols. 5(1):e70088.

Keywords: methionine, reductases, methionine sulfoxide, functional genomic

Financing: This project is founded by the National Agency of Innovation and Investigation from Uruguay and by Basic Science Develop Program in School of Science, University of Republic, Uruguay.

Acknowledgments: To our collaborators in Research Department in New England Biolabs and our team in Microbial Genomic Lab



Lama guanicoe portador silvestre de Escherichia coli diarreigénico en Tierra del Fuego

Cecilia Cundon¹, María Paz Bonino^{1,3}, María Agnelli², Florencia Scotti², Sofía Xifra Marchuk², Mariana Sanin¹, Celina Flores⁴, Ximena Blanco Crivelli¹, Adriana Bentancor¹

(1) Universidad de Buenos Aires, Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria, Facultad de Cs Veterinarias, Cátedra de Microbiología, Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria, Facultad de Cs Veterinarias, Cátedra de Microbiología, Chorroarin 280, CABA, Argentina

(2) Universidad de Buenos Aires, Facultad de Cs Veterinarias,, Cátedra de Microbiología, Chorroarin 280, CABA

(3) Consejo nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina

(4) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), entro de investigaciones y transferencia de Tierra del Fuego, Ushuaia, Argentina

Las diarreas agudas, sanguinolentas y el síndrome urémico hemolítico son relevantes en salud pública, especialmente en niños menores de 5 años. En TDF, estas enfermedades muestran altas tasas, con cepas diarreogénicas de E. coli (DEC), como STEC, EPEC y EAEC, como principales agentes.

Este estudio tuvo como objetivo detectar estos patovares en guanacos (*Lama guanicoe*) silvestres de TDF, una especie que cohabita con ganado en zonas productivas, favoreciendo posibles interacciones epidemiológicas.

Se recolectaron muestras fecales por conveniencia a menos de 500 m de rutas en el centro y norte de TDF, en estercoleros con presencia de guanacos. Las muestras fueron acondicionadas en medio Stuart y enviadas refrigeradas al laboratorio, donde se homogeneizaron (1:10 p/v) en caldo tripteína soya y sembraron en agar MacConkey y MacConkey sorbitol para la detección de genes marcadores de STEC (stx1/stx2), EPEC (eae), EAEC (aggR) y rfbO157. En muestras PCR+ (positivas potenciales), analizamos hasta 50 colonias para confirmación. Los aislamientos STEC, se subtipificaron según stx y evaluamos genes de virulencia adicionales (ehxA, saa y los cuatro módulos de la isla de patogenicidad LAA).

Se analizaron 233 muestras, de las cuales 20 (8,6%) resultaron positivas potenciales (PP) a STEC, 6 (2,6%) a EPEC y 5 (2,1%) al gen rfbO157. En tres muestras se detectaron genes marcadores en forma simultánea.

Respecto a las PP a STEC, 14/20 codificaron stx2 y 6/20 stx1. Entre las stx2-PP y stx1-PP, una codificaba además rfbO157 y otra eae, respectivamente. De las PP a EPEC, una también presentó rfbO157.

Se obtuvieron 6 aislamientos STEC (positivo confirmado): uno codificó stx2a/rfbO157, uno stx2a/LAA II, uno stx2a/LAA I y III, uno stx2a/2c, uno stxND/LAA IV y otro stxND. También se obtuvo un aislamiento EPEC que codificó simultáneamente rfbO157. No se detectó el gen



marcador aggR correspondiente a EAEC.

Los guanacos silvestres que forman parte del ecosistema en TDF podrían actuar como reservorios de cepas STEC y EPEC con perfiles genéticos de virulencia relevantes en salud humana. Ello podría sumar un riesgo epidemiológico en TDF por su dispersión ambiental y resalta la necesidad de seguir investigando su rol en la ecoepidemiología de las enfermedades diarreicas zoonóticas.

Keywords: STEC, EPEC, EAEC, guanaco, Tierra del Fuego

Financing: Este estudio fue financiado por la Universidad de Buenos Aires (UBACyT 20020190100320BA), y Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (PICT BCIE Aplicados 2021 II-00139; PICT-2021-I-A-01118 I A)

Acknowledgments: Agradecemos al Instituto de Ciencias Polares Ambiente y Recursos Naturales-UNTDF y a la Vet Vilma Disalvo quienes colaboraron con equipos de campo y acondicionamiento de las muestras. Especialmente al Sr Ariel Codarín por su constante compromiso en el laboratorio.



Genomic Safety and In Vivo Evaluation of a Novel Probiotic Candidate *Lactococcus lactis* LBM2 Strain in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*)

Wellison Amorin Pereira¹, Sebastián Ávila Puentes², Iván Valdebenito², Adrian Jesus Hernandez Arias², Herman Patrício Dantagnan², Jorge G. Farías³, Elías Figueroa Villalobos², Ricardo Pinheiro Souza Oliveira¹

(1) University of São Paulo, School of Pharmaceutical Sciences, São Paulo, Brazil

(2) Universidad Católica de Temuco, Facultad de Recursos Naturales, Temuco, Chile

(3) Universidad de La Frontera, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Temuco, Chile

The development of safe and effective probiotics is a strategic goal in sustainable aquaculture. This study evaluated the genomic safety and in vivo effects of a novel *Lactococcus lactis* strain (LBM2), proposed as a probiotic candidate for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Whole-genome sequencing confirmed the absence of major virulence genes (*hly*, *gelE*, *agg*, *esp*) and antimicrobial resistance markers, supporting its genetic safety; while revealing genes related to bacteriocin production. Over an eight-week feeding trial, juvenile trout were fed diets supplemented with 1×10^9 CFU/g of LBMWF2. Fish receiving the probiotic candidate showed a higher survival rate ($P < 0.05$) and a lower hepatosomatic index ($P < 0.05$), indicating improved stress resilience and liver health. Despite no significant changes in growth performance or hematological parameters, histological analysis of the distal intestine revealed a significant increase in goblet cell density ($P < 0.05$), suggesting enhanced mucosal immunity. These findings position *L. lactis* LBM2 as a genetically safe and biologically promising probiotic candidate for improving fish health and welfare in aquaculture systems, particularly through non-growth-related physiological benefits.

Keywords: Probiotic candidate; *Lactococcus lactis*; genomic safety; rainbow trout; aquaculture; intestinal immu

Financing: This work was supported by FAPESP [grant numbers 2018/25511-1, 2021/01570-1 and 2022/07543-9]; FONDECYT/INICIACIÓN [grant number 11230690] and FONDECYT/REGULAR under [grant numbers 1211246].

Acknowledgments: The Authors thank Claudia Jara, Eduardo Fuentes, Dr Katerina Gonzalez Alfaro, Maritza Pérez-Atehortúa, Fernanda Vera and Paloma Carvacho for their collaboration.



Use of proteomics to understand the interaction of *Brucella* with its host cell

Esteban Chaves-Olarte¹

(1) Universidad de Costa Rica, Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales, Facultad de Microbiología, Ciudad Universitaria Rodrigo Facio, San José, Costa Rica

Brucella abortus is an intracellular bacterium responsible of a zoonosis of global importance. Once in the host cell, *B. abortus* redirects the intracellular trafficking to avoid fusion with the lysosome through the type IV secretion system (T4SS) VirB, and then replicating in the endoplasmic reticulum, a process essential for the pathogenesis of *Brucella* spp. The molecular determinants that allow the redirection of intracellular trafficking in a VirB-dependent manner are not yet known. In this work, murine macrophages were infected for 6 h with *B. abortus* 2308 (wild type) and an isogenic T4SS VirB mutant (DvirB10). *Brucella*-containing vacuoles (BCVs) were purified and characterized. We demonstrated the presence of sub-cellular markers already reported in this stage of the BCVs intracellular trafficking, as well as the increased presence of immunoreactive components in 2308W BCVs such as *Brucella* lipopolysaccharide (Br-LPS). It was also possible to locate exclusive and enriched proteins from both *Mus musculus* and *B. abortus* in 2308W BCVs. Among the 255 proteins present only in 2308W BCVs, 5 of *B. abortus* stood out: GroEL, EF-Tu, Nuol, SodC, and GlyS; which could play a role modulating the response within the host cell. GroEL is a thermal shock chaperone, EF-Tu is a transcription elongation factor, Nuol is important for energy generation, SodC is a protective enzyme against oxidative stress and GlyS catalyzes the glycine load to the respective tRNA. The proteins of *M. musculus* UACA, UGGT1, ACOD, and ATL2 were also enriched in a proportion greater than 2-fold in the 2308W BCVs. UACA is a mediator of NF- κ B signaling; UGGT1 is an ER-resident protein responsible for post-translational glycosylations; ACOD is essential for the generation of itaconic acid in macrophages activated with immunomodulators; and ATL2 is a GTPase responsible for the structural remodeling of the ER. In the future, it is recommended to investigate the role of Br-LPS, elucidate the possible signaling pathways that the identified eukaryotic proteins could be influencing, and if the mentioned prokaryotic proteins could have an impact on the redirection of intracellular transit and replication of *B. abortus*.

Keywords: *Brucella*, Intracellular trafficking, Proteomics

Financing: Vicerrectoría de Investigación, UNIVERSIDAD DE COSTA RICA



Aguas superficiales y residuales en Haití como reservorios de un amplio espectro de klebsiellas con impacto en salud pública

Isidro García Meniño¹, Claudia Jäckel¹, Sandrine Baron², Jens Andre Hammer¹

(1) German Federal Institute for Risk Assessment, Department Biological Safety, Diedersdorfer Weg 1, 12277, Berlin, Germany

(2) Ploufragan-Plouzané-Niort Laboratory, French Agency for Food, Mycoplasmaology-Bacteriology and Antimicrobial Unit, Ploufragan, France

Introducción: *Klebsiella pneumoniae* es un patógeno de importancia crítica (prioridad 1 de la OMS) y uno de los principales agentes causales de septicemias en todo el mundo. Es un patógeno nosocomial notificado de forma emergente por los servicios de salud pública. Debido a su alta adaptabilidad y capacidad para adquirir ADN exógeno, las infecciones con cepas multirresistentes (MRA) de *Klebsiella* representan en la actualidad un gran desafío terapéutico. La colonización de personas susceptibles con bacterias ambientales puede tener implicaciones sanitarias. Las klebsiellas ambientales también pueden ser consideradas indicadores fiables en la dinámica de adquisición de resistencia en los diferentes ecosistemas.

Material y métodos: En este trabajo, reportamos más de 100 aislamientos de *Klebsiella* recolectados en 12 puntos de muestreo (aguas superficiales y residuales en Haití). El trabajo se realizó durante un estudio ambiental para la recuperación de *Vibrio* llevado a cabo en 2021, diez años después del inicio de un brote local de cólera.

Resultados: El perfil genómico de los aislamientos mostró una amplia variedad de patrones de XbaI-PFGE. Fenotípicamente, solo algunos aislados presentaron resistencia a los antimicrobianos estudiados, lo cual demostró una buena concordancia con los genes de resistencia identificados mediante secuenciación genómica masiva (WGS). Además, algunas cepas presentaron una marcada hipermucoviscosidad. La disección *in silico* de los genomas proporcionó una visión detallada de la genética (es decir, resistencia a antimicrobianos/biocidas, composición de la cápsula, factores de virulencia, elementos genéticos móviles, etc.) y su posible impacto en salud pública.

Conclusión: La investigación en *klebsiellae* de origen ambiental proporcionó información sobre, i) fuentes de adquisición de resistencia a antimicrobianos y, ii) puntos críticos para la evolución de linajes emergentes de bacterias de relevancia clínica.

Keywords: *Klebsiella* spp., One-Health, Medio ambiente

Financing: Esta investigación fue financiada a través de la Iniciativa de Programación Conjunta sobre Resistencia a los Antimicrobianos (JPIAMR) con el proyecto (KLEOPATRA). El trabajo fue apoyado por subvenciones del Instituto Federal Alemán de Evaluación de Riesgos (BfR) (45-003 y 1322-820).



Dinámica de excreción fecal y resistencia antimicrobiana de especies termotolerantes del género *Campylobacter* durante los primeros meses de vida en terneros lecheros

Mónica Lopez-Cantillo², Tatiana Camacho-Suntaxi¹, Luis Collado¹

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile

(2) Universidad Austral de Chile, Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Veterinarias, Valdivia, Chile

La campilobacteriosis es una de las principales zoonosis a nivel mundial. Las aves de corral y otros animales de granja son portadores, transmitiendo *Campylobacter* spp. mediante alimentos contaminados o contacto directo. Además, los bovinos contribuyen a la diseminación mediante la excreción fecal, contaminando fuentes de agua, cultivos y facilitando la transmisión indirecta. La prevalencia en estos animales varía según su edad, región geográfica y prácticas de manejo. Por esto es clave comprender la dinámica de excreción para identificar rutas de transmisión y diseñar estrategias de control. Por lo tanto, nuestro objetivo fue caracterizar la excreción fecal de *Campylobacter* termotolerantes en terneros durante sus primeros meses de vida, evaluar la relación genética con cepas maternas, y su resistencia antimicrobiana.

Se recolectaron muestras fecales de 33 vacas preparto y de sus crías desde el nacimiento hasta los cuatro meses. Se realizó aislamiento bacteriano, identificación taxonómica, genotipificación y antibiograma frente a ciprofloxacino, eritromicina, gentamicina, tetraciclina, ampicilina y amoxicilina/ácido clavulánico.

Campylobacter spp. se aisló en 81,8 % de las vacas, mientras que en sus terneros recién nacidos solo se detectó en el 9,4 %. La prevalencia en terneros aumentó progresivamente en el primer (69,2 %) tercer (76,9%) y cuarto (92,3 %) mes de vida. Se identificaron *C. jejuni*, *C. coli* y *C. hyointestinalis*, con una distribución de especies distinta entre vacas y sus crías, predominando *C. coli* en terneros y *C. jejuni* en vacas. La composición de especies varió a lo largo del tiempo en todos los terneros. La genotipificación mostró una alta diversidad en *C. jejuni* y *C. hyointestinalis*, con algunos genotipos de *C. jejuni* compartidos entre animales no relacionados, sugiriendo transmisión ambiental. No se detectaron cepas coincidentes de *C. hyointestinalis* entre madres y sus crías. En contraste, los aislados de *C. coli* no mostraron variabilidad genotípica. La resistencia antimicrobiana en general fue baja. Solo se observó resistencia a ampicilina (18,2 %), ciprofloxacino (15,6 %), tetraciclina (1,3 %) y a la combinación ciprofloxacino + tetraciclina (2,6 %). Estos hallazgos confirman una alta prevalencia de *Campylobacter* en bovinos y una colonización dinámica en terneros durante etapas tempranas de vida, sugiriendo un rol predominante del ambiente.

Keywords: *Campylobacter*; Terneros lecheros; Colonización; Resistencia antimicrobiana; Genotipificación



Acknowledgments: Agradecemos al Grupo de Investigación de Enteropatógenos Bacterianos, a la Estación Experimental Agropecuaria Austral y a la Escuela de Graduados de la Facultad de Ciencias Veterinarias por su apoyo en el desarrollo de este estudio



Evaluación del efecto del aceite esencial de clavo en *Toxoplasma gondii*.

María Isabel Rivera Vivanco¹, Jhony Anacleto Santos², Teresa de Jesús López Pérez³, Cintli Martínez Ortiz de Montellano⁴, Norma Rivera Fernández⁵

(1) Universidad Nacional Autónoma de México, Unam, Maestría en Ciencias de la Producción y Salud Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Ciudad Universitaria, 04510,, Ciudad de México, México

(2) Universidad Nacional Autónoma de México, Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Ciudad Universitaria, 04510, Ciudad de México, México

(3) Universidad Nacional Autónoma de México, UNAM, Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Ciudad Universitaria, 04510, Ciudad de México, México

(4) Universidad Nacional Autónoma de México UNAM, Parasitología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Ciudad Universitaria, 04510, Ciudad de México, México

(5) Universidad Nacional Autónoma de México, UNAM, Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Ciudad Universitaria, 04510, Ciudad de México, México

Toxoplasma gondii es un protozooario Apicomplexa que produce toxoplasmosis. Infecta animales homeotermos y se transmite principalmente por consumo de agua o alimentos contaminados con ooquistes y por ingerir carne cruda o insuficientemente cocida infectada con quistes tisulares. Su control es farmacológico. El tratamiento de elección es la combinación de sulfadiazina (SDZ) con pirimetamina (PYR) que afectan enzimas del metabolismo del folato, sin embargo, estos fármacos no discriminan entre las enzimas del parásito y del hospedero, por lo que el tratamiento resulta tóxico, además no son activos contra la fase de quiste tisular. Estos antecedentes justifican la búsqueda de nuevos compuestos con actividad anti-*Toxoplasma*. El aceite esencial de clavo tiene propiedades antibacterianas, analgésicas, antioxidantes, antineoplásicas, inductoras de apoptosis, y antiinflamatorias, por lo que en el presente estudio se evaluó su efecto anti-*Toxoplasma* (Tariq, 2019).

Se purificaron taquizoítos de la cepa RH de *T. gondii* a partir de líquido intraperitoneal de ratones CD-1 infectados (Anacleto, 2025). Los parásitos se expusieron al aceite esencial de clavo a concentraciones de 3.125 a 100 µg/mL durante 1, 2 y 3 horas. La viabilidad se evaluó con base en la exclusión del colorante Sytox Green® en parásitos vivos vs muertos. Grupos control: parásitos sin tratamiento, expuestos a DMSO al 0.2% y expuestos a 100/15 µg/mL de SDZ/PYR-

El porcentaje de viabilidad de los parásitos a 1, 2 y 3 horas post-exposición fue de: parásitos sin tratamiento 97.8%, 96.7%, 95.5%; expuestos a DMSO al 0.2% de 99.1%, 97%, 96% y expuestos a 100/15 µg/mL de SDZ/PYR, de 87.7%, 82.7%, 79.4%, respectivamente. Con 100 µg/mL de aceite esencial de clavo a 1 y 2 h, la viabilidad fue de 0% y con 50 µg/mL, a 3 h, de 0%. La pérdida de viabilidad de los taquizoítos puede deberse a la naturaleza lipofílica del aceite esencial de clavo, que le permite atravesar membranas celulares. Algunos estudios mencionan, que pueden alterar la regulación del calcio y reducir el potencial de la membrana mitocondrial (Zhang, 2021).



El aceite esencial de clavo afectó la viabilidad de los taquizoítos de *T. gondii* de manera dosis y tiempo dependiente

Keywords: *Toxoplasma, gondii*, viabilidad, clavo

Financing: Proyectos DGAPA PAPIIT UNAM IN200524 y CONAHCYT Ciencia de Frontera CF-2023-G370

Acknowledgments: A los proyectos DGAPA PAPIIT UNAM IN200524 y CONAHCYT Ciencia de Frontera CF-2023-G370



Identificación de bacterias aisladas de suelo en cultivo de *Solanum tuberosum* L. con capacidad de tolerar plaguicidas

Christian Yazmín Gómez Martínez¹, Sergio Martínez Hernández², Aarón Comunidad Villa¹

(1) Instituto Tecnológico Superior de Zacapoaxtla, Carretera a Acuaco Zacapoaxtla Kilómetro 8 Totoltepec, 73680 Zacapoaxtla, Pue., Zacapoaxtla, México

(2) Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Campus para la Cultura, las Artes y el Deporte Av. de las Culturas Veracruzanos No. 101 Col. Emiliano Zapata, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz

México es uno de los principales productores de papa (*Solanum tuberosum*) a nivel mundial, destacando el estado de Puebla como una de las regiones de mayor importancia para este cultivo. Dentro de este estado, el municipio de Tlatlauquitepec, es una zona clave, donde la producción de papa abarca 2,662 hectáreas, alcanzando una cosecha de 83,551 toneladas en 2024. Este cultivo, de gran relevancia económica y social para la región, depende en gran medida de prácticas agrícolas intensivas y del uso constante de plaguicidas. Sin embargo, el uso excesivo de estos compuestos provoca su acumulación en el ambiente, generando contaminación de suelos y cuerpos de agua, con impactos negativos sobre la biodiversidad y la salud humana.

El aislamiento de bacterias nativas de sitios contaminados, tolerantes a estos compuestos podría contribuir a su aplicación en procesos de biorremediación. En este contexto, el objetivo de este estudio fue aislar e identificar cepas bacterianas tolerantes a los plaguicidas clorpirifos y abamectina, seleccionados por su amplia aplicación en el cultivo de papa en la región agrícola de Tlatlauquitepec.

Las cepas fueron aisladas utilizando Medio Mínimo de Sales (MSM), con los plaguicidas como única fuente de carbono. Las bacterias que lograron crecer en estas condiciones fueron identificadas molecularmente mediante la amplificación y secuenciación del gen 16S rADN, y se evaluó su tolerancia a través de mediciones de densidad óptica (DO) a 625 nm en diferentes concentraciones de plaguicidas (0.5, 1.0 y 2.0 g L⁻¹). Las secuencias obtenidas fueron analizadas mediante la base de datos GenBank y la herramienta BLAST. El análisis estadístico se realizó aplicando un ANOVA factorial de tres vías y una prueba de Tukey con ajuste de Sidak para detectar diferencias significativas ($p < 0.05$). Los resultados mostraron un 98.95% de similitud con *Serratia marcescens* (aislada de abamectina) y 98.98% con *Pseudomonas vranovensis* y *Pseudomonas alkylphenolica* (aislada de clorpirifos). El análisis estadístico indicó que ambas cepas presentaron un crecimiento significativamente superior al de los controles. Este estudio se reafirma la capacidad de estos géneros para tolerar plaguicidas, lo que podría contribuir significativamente a la biorremediación de ambientes contaminados.

Keywords: Plaguicidas, Tolerancia, Bacterias, Suelo, Contaminación

Acknowledgments: Al Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada y al Instituto Tecnológico Superior de Zacapoaxtla, por facilitar las condiciones necesarias para la realización de los experimentos.



Diversidad y Distribución de Cianobacterias en Ecosistemas Cavernícolas Americanos

Celenia Fermín Calderón^{1,2}, Madelin Ruiz-De La Cruz¹, José David Hernández Martich¹, Antonia Dolores Asencio³

(1) Universidad Autónoma de Santo Domingo, Doctorado en medio ambiente y sostenibilidad, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Alma mater, Santo Domingo, República Dominicana

(2) Universidad Autónoma de Santo Domingo, Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA), Facultad de Ciencias, Alma Mater, Santo Domingo, República Dominicana

(3) Universidad Miguel Hernández, Departamento de Biología Aplicada División de Botánica, Facultad de ciencias experimentales, 03202 Elche, Alicante, Spain

Los sistemas cavernícolas se definen como un conjunto de ambientes subterráneos formado por cuevas, grutas y abrigos rocosos. Se consideran ambientes extremos caracterizados por la escasez de agua y nutrientes. Las condiciones microclimáticas varían en función de la localización y morfología de estas cavidades. La supervivencia de organismos fotosintéticos en estos ambientes ha sido posible gracias a diversas estrategias metabólicas, estos organismos son capaces de producir metabolitos secundarios de gran importancia e interés desde el punto de vista biotecnológico e industrial. En esta investigación se realizó una extensa revisión sobre la información disponible en distintas bases de datos, relacionada con las especies de cianobacterias presentes en cuevas y abrigos rocosos del continente americano. Los resultados obtenidos permitieron elaborar una base de datos sobre las especies fotosintéticas cavernícolas y las condiciones ambientales bajo las que se desarrollan. Se encontró una gran diversidad de especies de cianobacterias (Cyanobacteria) en las cuevas y abrigos estudiados, los órdenes más frecuentes fueron Oscillatoriales, Chroococcales y Nostocales, mientras que los géneros más frecuentemente encontrados fueron Oscillatoria, Phormidium y Nostoc. A pesar de la notable riqueza en ambientes cavernícolas de la República Dominicana, algunos de ellos de enorme interés natural y cultural tanto a nivel nacional como internacional no encontramos datos sobre la diversidad y la ecología de algas y de cianobacterias en hábitats subterráneos. El presente estudio busca fortalecer el conocimiento sobre la diversidad de organismos fotosintéticos en cuevas y abrigos rocosos, siendo un punto de partida para investigaciones futuras.

Keywords: Abrigo rocoso, Algas, Cianobacterias, Cueva, Diversidad

Financing: Ministerio de Educación superior Ciencia y Tecnología (MESCyT) de la República Dominicana.

Acknowledgments: Ministerio de Educación superior Ciencia y Tecnología (MESCyT) de la República Dominicana, Universidad Autónoma de Santo Domingo, Universidad Miguel Hernández



Uso de exopolímeros (EPS) a partir de microalgas y cianobacterias como alternativa para mejorar la calidad del agua en la industria minera

Mariella Rivas¹, Katiuska Huapaya¹, David Jeison², Luis Cisternas³, Manuel Zapata¹

(1) Universidad de Antofagasta, Dpto. de Biotecnología, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Avda. Angamos 601, Antofagasta, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Avda. Brasil 2085, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de Antofagasta, Dpto. Ingeniería Química y Procesos Minerales, Facultad de Ingeniería, Avda. Angamos 601, Antofagasta, Chile

En Chile la gran minería del cobre recircula más del 70% del agua dentro de sus procesos minerales. Sin embargo, la presencia de arcillas formando suspensiones coloidales tiene un impacto negativo en la recuperación de cobre mediante flotación. Para remover estas arcillas se utilizan floculantes químicos derivados de la poliacrilamida (PAM), neurotóxicos y cancerígenos que son depositados en relaves. Por tanto, es urgente buscar alternativas de reactivos biodegradables que funcionen como floculantes, es así como cianobacterias y microalgas nativas del Desierto de Atacama y los exopolímeros (EPS) sintetizados por ellas, surgen como una alternativa. Mediante potencial zeta se caracterizó la estabilidad de las partículas de microalgas, se determinaron sus propiedades reológicas y mediante espectroscopia infrarroja por transformada de Fourier (FT-IR) se determinaron los grupos funcionales presentes en la superficie celular. Luego, se realizaron ensayos de sedimentación y floculación en test de jarra y probetas utilizando caolinita y SNF604 como control positivo en diferentes pH y tipos de agua. También se determinó la turbidez en el tiempo utilizando un turbidímetro Hanna HI98713-02. Los flóculos obtenidos fueron analizados mediante FT-IR y microscopía electrónica de barrido con detección de rayos X (Fe-SEM-EDX). Los principales resultados en ensayos de sedimentación demostraron una reducción de la turbidez inicial entre un 70% y 99% en rangos de pH 7, 8, 10 y 12, alcanzando resultados competitivos y comparables con PAM al emplear EPS aislados de *Nannochloropsis* oceánica y *Oscillatoria* sp. Las curvas de dosificación indicaron que concentraciones entre 0,1 y 1 g/L resultan óptimas para inducir la floculación de arcillas. Finalmente, el análisis mediante FT-IR de los flóculos formados demostró que la presencia de grupos funcionales carboxílicos y amidas, entre otros de polisacáridos en la superficie celular favorecen la interacción. Los resultados de este estudio demuestran el potencial de desarrollo de reactivos biológicos para la industria minera aumentando su sustentabilidad e innovando en procesos amigables con el medio ambiente.

Keywords: Microalgas, Agua, Minería, Arcillas

Financing: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile, ANID/ACT210027; FONDECYT N°1230885 y ANID/DOCTORADO grant Chile/ 2023-21230218



Talaromyces genus metabolic diversity: Leveraging public data in untargeted metabolomics

Fernanda de Oliveira¹, PAULO WENDER PORTAL GOMES³, Valéria C. Santos-Ebinuma²,
Sílvia Silvério da Silva¹

(1) University of São Paulo, Department of Biotechnology, Engineering School of Lorena, Bioprocesses and sustainable products laboratory, 12.602.810, Lorena-SP, Brazil

(2) Sao Paulo State University, Department of Bioprocess Engineering and Biotechnology, School of Pharmaceutical Sciences, Araraquara-Jau km 01, Araraquara-SP, Brazil

(3) Universidade do Estado do Pará, Organic Chemistry Department, Instituto de Ciências Exatas e Naturais, Brazil

Natural products discovery is increasingly integrating -omics technologies to guide molecular exploration. These products represent a rich source of chemical and bioactivity diversity, with over 70,000 metabolites isolated from microorganisms. Given the largely underexplored chemistry of fungi, we describe a chemotaxonomic investigation using species of the genus *Talaromyces*, cultivated in different culture media, as a model to explore metabolic correlations between two species of the Trichocomaceae family (*T. marneffe*i and *T. amestolk*iae). Our aim is to establish untargeted metabolomics as a tool for chemotaxonomic studies. The workflow relies on MS/MS-based untargeted metabolomics, spectral matching against publicly available datasets, and the application of in silico annotation and classification tools. Central to this approach is the web-based mass spectrometry infrastructure Global Natural Products Social Molecular Networking (GNPS, <https://gnps.ucsd.edu/>), which employs molecular networking to organize and annotate MS/MS data. GNPS enables the exploration of chemical similarities between microbial metabolites and facilitates the identification of clade- or genus-specific molecular families, thereby expanding the chemical space for natural product discovery. The untargeted chemotaxonomic analysis revealed distinct chemophenetic markers at multiple levels of complexity—ranging from individual molecules to compound classes and superclasses. Metabolomic analyses revealed that *T. marneffe*i and *T. amestolk*iae share a diverse set of bioactive secondary metabolites, including polyketides, alkaloids, and meroterpenoids. Notably, both species were found to produce adenylosuccinic acid, N-caffeoyl putrescine, N-acetylputrescine, and riboflavin. In addition, *T. amestolk*iae uniquely produces coumarins and phthalides, while *T. marneffe*i synthesizes siderophores, which are involved in iron acquisition and may contribute to its pathogenicity. Both species also produce pigmented polyketides such as monascorubin and rubropunctatin, further highlighting their chemical richness. These findings underscore the metabolic versatility and chemical diversity within the *Talaromyces* genus. The identification of both shared and species-specific metabolites highlights the value of untargeted metabolomics as an effective approach for fungal chemotaxonomy and the exploration of natural products. This strategy not only enhances the ability to distinguish between closely related species, but also contributes to the discovery of novel bioactive compounds with promising pharmaceutical and biotechnological potential.

Keywords: metabolomics, fungi metabolites, molecules, *Talaromyces*



Financing: This study was financially supported by Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) Process numbers 2021/09175-4, 2022/14603-8, 2023/01368-3, 2023/09789-8 and CNPq (National Council for Scientific and Technological Development, Brazil) grant #406564/2022-1.



Analisis De La Microbiota Del Suelo Asociada a Leguminosas Usadas Como Puentes Verdes De Verano

Mateo Vega Ferre¹, Patricia Vaz Juari¹, Veronica Berriel², Maria Morel Revitria¹

(1) UDELAR, Microbiología de Suelos, Facultad de Ciencias, Igua 4225, Montevideo, Uruguay

(2) UDELAR, Departamento de Agua y Suelo, Facultad de Agronomía, Av. Gral. Eugenio Garzón 780, Montevideo, Uruguay

En Uruguay, la intensificación agrícola basada en cultivos de renta ha desplazado las pasturas mixtas de gramíneas y leguminosas, comprometiendo la conservación del suelo y reduciendo el aporte de nitrógeno orgánico. Los puentes verdes de verano (PVV), cultivos de cobertura basados en leguminosas, constituyen una estrategia eficaz para incrementar los aportes de nitrógeno al suelo, puesto que fijan nitrógeno atmosférico y generan residuos con baja relación C/N, lo que acelera su descomposición y mejora la disponibilidad de nutrientes para los cultivos sucesores. En este contexto se evaluaron a campo tres PVV, *Crotalaria juncea*, *C. spectabilis* y *C. ochroleuca*, inoculados con *Bradyrhizobium* sp. Oc8. Los objetivos fueron, por un lado, medir la eficiencia de la simbiosis planta-rizobio bajo las condiciones edafoclimáticas del sur de Uruguay y, por otro, analizar los cambios en las comunidades microbianas del suelo. Para ello, se recolectaron nódulos y muestras de suelo en tres etapas del ciclo del cultivo, analizando tanto la nodulación como los cambios en las comunidades microbianas. Entre los resultados encontrados es de resaltar que se aislaron rizobios nativos, algunos identificados como *Bradyrhizobium* spp., aunque ninguno coincidió con la cepa Oc8. Asimismo, la secuenciación de amplicones de ARNr 16S e ITS del ADN edáfico reveló 1 274 y 3 559 ASV, respectivamente, que permitirán profundizar en la caracterización de las comunidades procarióticas y fúngicas del suelo.

Keywords: Rizobiología, Leguminosas, Puentes Verdes, *Crotalaria* spp, Agronomía

Financing: Este proyecto fue financiado por ANII INNOVAGRO 175334

Acknowledgments: Mis agradecimientos estan dirigidos a Maria Morel, Patricia Vaz y Veronica Berriel mis tutoras de tesina y la coordinadora del proyecto respectivamente.



Detección de *Cryptosporidium* y *Cyclospora* en niños con enfermedad diarreica aguda y en muestras ambientales de sus hogares en Armenia, Colombia

Jessica Triviño Valencia^{1,2}, Daniela Lopez Alvarez², Fabiana María Lora Suarez², Nancy Yomara Cabeza Acevedo³, Jorge Enrique Gómez Marín²

(1) Universidad Autónoma de Manizales, Grupo de investigación Biología Molecular en Salud (BIMSA), Departamento de Ciencias Básicas, Antigua estación de ferrocarril, Manizales Caldas, Colombia

(2) Universidad del Quindío, Grupo GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Carrera 15 calle 12 norte, Armenia, Quindío, Colombia

(3) Hospital Universitario San Juan de Dios, Grupo de Investigación Clínica, Calle 17 Norte, Armenia, Quindío, Colombia

Las enfermedades diarreicas agudas (EDA) en la infancia siguen siendo una causa importante de morbilidad en Colombia. En muchos casos, no se logra identificar el agente causal, lo que limita la implementación de estrategias efectivas de control. *Cryptosporidium* spp. y *Cyclospora* son protozoos intestinales frecuentemente subdiagnosticados, a pesar de su relevancia en la transmisión hídrica y alimentaria. La aplicación de herramientas moleculares puede mejorar la detección y comprensión epidemiológica de estos parásitos. En este contexto, el presente estudio busca detectar *Cryptosporidium* spp. y *Cyclospora* en niños con EDA y en muestras ambientales de sus hogares, así como describir la diversidad genética de ambas especies.

Estudio observacional transversal en el que se analizaron 260 muestras fecales de niños sintomáticos, así como muestras de agua potable y alimentos crudos de sus hogares. La detección de ooquistes se realizó mediante tinción de Ziehl-Neelsen modificada en las muestras fecales y microscopía de inmunofluorescencia en las muestras de agua. El ADN se extrajo mediante lisis química y mecánica, seguido de PCR y secuenciación para la identificación molecular y genotipificación. Además, se aplicaron encuestas estructuradas para evaluar factores de riesgo.

De las 260 muestras clínicas analizadas, 20 (7.7%) fueron positivas para *Cryptosporidium* spp. y 6 (2.3%) para *Cyclospora* mediante la tinción de Ziehl-Neelsen modificada. La PCR confirmó la presencia de *Cryptosporidium* en 24 muestras (10%) y de *Cyclospora* en 10 muestras (3.8%). En las muestras ambientales, se detectó *Cryptosporidium parvum* en 3 muestras de agua (8.8%) mediante inmunofluorescencia, resultado que fue confirmado por PCR. Asimismo, *Cyclospora cayetanensis* se identificó en 5 muestras de agua (14.7%) y en 5 muestras de alimentos (14.7%) por técnicas moleculares. No se detectó *Cryptosporidium* en alimentos.

La secuenciación permitió identificar las especies específicas de ambos protozoos, aportando información clave sobre su diversidad genética y contribuyendo al entendimiento de las posibles vías de transmisión en la población infantil y su entorno domiciliario. Los hallazgos evidencian la circulación de *Cryptosporidium* y *Cyclospora*



en niños con EDA y en fuentes ambientales domiciliarias, como agua y alimentos, que actúan como vehículos potenciales de transmisión.

Keywords: agua, alimentos, diarrea, niños, protozoos

Financing: Trabajo apoyado por MINCIENCIAS Colombia bajo la Beca Convocatoria 909 de 2021 apoyó la Tesis Doctoral de Jessica Triviño-Valencia.

Acknowledgments: Apoyo del Laboratorio de Parasitología Protozoaria de la Universidad del Quindío. Agradecemos a los estudiantes: Edwin S. Rodríguez, Katherine Hurtado R, David Benitez, José M. Grimaldos, Valentina Patiño.



Innovative Therapies with Antimicrobial Peptides: A Response to the Rise of Bacterial Resistance

Cesar Augusto Roque Borda^{1,2,3}, Laura Maria Duran Gleriani Primo¹, Christian Shleider Carnero Canales^{1,4}, Fernando Rogério Pavan¹

(1) Sao Paulo State University, Biological Sciences, School of Pharmaceutical Sciences, Araraquara, Brazil

(2) University of Lisbon, iMed.Ulisboa, Faculty of Pharmacy, Lisbon, Portugal

(3) Universidad Católica de Santa María, Vicerrectorado de Investigación, Arequipa, Peru

(4) Universidad Nacional de Ingeniería, Lima, Peru

Antimicrobial resistance represents a critical threat to global public health, limiting the efficacy of conventional treatments and contributing to a concerning increase in mortality rates associated with bacterial infections. In this context, antimicrobial peptides (AMPs) have emerged as innovative therapeutic candidates capable of acting through multiple mechanisms and with a lower risk of resistance development. This work presents a comprehensive approach to the design, evaluation, and application of AMPs as viable alternatives against multidrug-resistant bacteria. The development of new peptide analogs derived from natural sequences is described, optimized through structural modifications and/or by applying computational and nanotechnological tools to enhance their stability, selectivity, and antimicrobial efficacy. The AMPs were synthesized using solid-phase peptide synthesis, characterized, and tested against clinically relevant pathogens, including resistant strains of *Escherichia coli*, *Salmonella enterica*, and *Mycobacterium tuberculosis*, demonstrating inhibitory activity comparable to first-line antibiotics. Additionally, formulation strategies were explored by combining these peptides with biopolymers and antioxidants in micro/nanostructured systems designed for controlled and targeted release, with specific objectives depending on the microorganism studied. These systems proved effective both in vitro and in an alternative in vivo model using *Galleria mellonella*, showing the ability to reduce bacterial load and modulate the host inflammatory response. Beyond their antimicrobial activity, the evaluated AMPs showed no toxicity in human cell lines, no significant hemolysis, and were well tolerated in the tested models. One of the systems involves the revitalization of obsolete drugs against clinical isolates, showing inhibitory values comparable to those observed against a drug-susceptible *M. tuberculosis* strain. These findings reinforce the potential of AMPs as safe and effective agents for use in combination or stand-alone therapies, particularly in contexts where conventional antibiotics are no longer effective. Altogether, the results support the use of antimicrobial peptides as versatile and innovative tools to address the rise of bacterial resistance, contributing to the development of more effective, safe, and sustainable therapies within the field of applied microbiology.

Keywords: Bacterial resistance, Multidrug-resistant pathogens, Drug delivery systems, Antimicrobial peptides, Alternative infection models

Financing: This study was supported by the São Paulo Research Foundation (FAPESP)



through a Research Grant (2023/01664-1) and Fellowships (2024/23710-8, 2020/16573-3, 2021/14603-5). It was also partially financed by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES).

Acknowledgments: The author acknowledges the support of the European Peptide Society (EPS) through the EPS Mobility Fellowship, which has greatly contributed to the development of this research.



Quantification of viable cultivable bacterial microbiota in soils at the Chilean Julio Escudero station in Antarctica.

Yolaida León¹, Curi Apugllón¹, Silvia García¹, Susana Arciniegas¹, Judith Araque², Carmina Rodríguez³, Félix Andueza^{1,3}

(1) Universidad Central del Ecuador, Carrera de Ingeniería Ambiental, FIGEMPA, Avenida Lagasca con calle Jerónimo Leitón. Ciudadela universitaria, Quito, Ecuador

(2) Universidad Central del Ecuador, Grupo ACMME, Facultad de Ingeniería Química, Ciudadela universitaria, Quito, Ecuador

(3) Universidad Complutense de Madrid, Doctorado en Ciencias Biológicas, Ciencias Biológicas, La Moncloa, Madrid, España

Quantifying the bacterial microbiota of Antarctic soil is important to determine the influence of physicochemical factors on these microorganisms and to design remote monitoring systems that allow us to understand the anthropogenic impact that is occurring in this ecosystem, which is so important for the world, as well as to detect the effect of climate change on the bacterial microbiota. In the present study, the viable culturable bacterial microbiota of the soil was quantified in the coastal zone of the Julio Escudero Scientific Station in Chile, Antarctica. Groups of heterotrophic bacteria and members of the genus *Pseudomonas* were assessed. A total of 12 soil samples were collected from various locations in the coastal zone adjacent to the Julio Escudero Scientific Station in Chile, during the 27th Ecuadorian Antarctic Expedition, carried out in March 2024. Serial dilutions were made from each of the samples in sterile saline solutions, which were then filtered through Millipore filters. Each of the filters were placed in specific culture media for each of the microbial groups studied and incubated at a temperature of 4 °C for a period of 16 weeks. It was possible to quantify heterotrophic bacteria and cells belonging to the genus *Pseudomonas*. The values of heterotrophic bacteria ranged between 0.30×10^3 to 2.0×10^3 CFU/gr and in the case of bacteria from the *Pseudomonas* group between 0.10×10^2 to 0.40×10^2 CFU/gr of soil. With average values of 1.25×10^3 CFU/g for heterotrophic bacteria and 0.20×10^2 CFU/g for the group of bacteria of the *Pseudomonas*. The values obtained for the number of bacteria from the bacterial groups studied are lower than those reported by various researchers in Antarctic soils, highlighting the low number of viable microorganisms cultivable in the soil analyzed, with a high presence of pigmented bacteria in the isolated colonies.

Keywords: Soils Antarctica, Bacterial microbiota, Chilean Julio Escudero station

Financing: This research was carried out thanks to the funding granted by INSTITUTO OCEANOGRÁFICO Y ANTÁRTICO DE LA ARMADA de Ecuador (INOCAR) through the project CIDI23007 and the Research Council of the Central University of Ecuador through senior project DI-2022-045

Acknowledgments: Thanks to the Chilean Antarctic Institute and the staff of the Chilean scientific station Julio Escudero for all the help and collaboration received.



Bacterial metabolism of 2,4 pyridine dicarboxylic acid, a strategic building block for bio-based plastics production

Carla Sevilla Navarro¹, Helena Gómez Álvarez¹, Danilo Pérez Pantoja^{2,3}, Gonzalo Durante Rodríguez¹, Eduardo Díaz Fernández¹

(1) CSIC, Biotechnology, Environmental Microbiology Group, The Canter fro biological Research, Ramiro de Maeztu Street 9, 28040, Madrid, Spain

(2) Universidad Tecnológica Metropolitana, Instituto Universitario de Investigación y Desarrollo Tecnológico, Dieciocho 161, Santiago, Chile

(3) Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Av. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

Traditional fossil-based plastics are of environmental concern worldwide not only due to their persistence and toxicity, but also to the fact that their production relies on a finite source that generates green-house gases. Since the essentiality of plastics for nowadays life style is undisputable, the production of biodegradable plastics from renewable substrates becomes a promising strategy. In the last decades, it's been demonstrated that a variety of biodegradable building blocks (including non-native to microorganisms) and polymers can be biosynthesized from renewable sources. Among these strategic molecules are pyridine dicarboxylic acids (PDCAs), which are structural analogues of fossil-derived phthalic acids commonly used in the synthesis of a wide variety of polyesters. Recently, PDCAs synthesis has been engineered in a few bacterial chassis and their biodegradability has been reported for some of them. In this work we present the molecular characterization of the first gene cluster involved in the catabolism of 2,4 pyridine dicarboxylic acid (2,4 PDCA).

We have isolated and characterized an alphaproteobacterium able to use 2,4 PDCA as sole carbon source. Transcriptomic analyses have revealed a gene cluster which appears to be responsible for 2,4 PDCA catabolism. This cluster includes genes encoding a four-component molybdenum-containing hydroxylase, a devoted 2,4 PDCA uptake system, and a transcriptional regulator, among other functions. Biochemical assays have proven that the molybdenum enzyme catalyzes the first reaction of the pathway, and a complete mineralization route has been proposed based on the predicted function of the additional enzymes encoded in the cluster. In vitro and in vivo assays have been used to study the transcriptional regulation of the cluster, identifying and characterizing both the regulatory protein and the inducer molecule(s). Understanding the biodegradation of 2,4 PDCA, a key building block derived from depolymerization of certain bio-based plastics, becomes crucial for engineering a realistic circular economy of such bio-based plastics, and will allow also the rational design of novel biosensors for PDCA detection.

Keywords: bio-based plastics, pyridine dicarboxylic acids, bacterial metabolism, molybdenum enzyme, transcript

Financing: C. S. N. was supported by PREP2022-000111 funded by MCIU/AEI/10.13039/501100011033/ and by FSE+, belonging to the project PID2022-142540OB-



100D.P.-P. was supported by FONDECYT 1240415 and ANID PIA/BASAL AFB240003 grants of Chilean government

Acknowledgments: Environmental Microbiology Group, Biotechnology Department at The Center for Biological Research Margarita Salas – CSIC, Madrid Spain Instituto Universitario de Investigación y Desarrollo Tecnológico (IDT), Universidad Tecnológica Metropolitana, Santiago, Chile. Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Santiago, Chile.



Prevalencia y caracterización de cepas de *Staphylococcus aureus* y sus variantes de colonias pequeña aisladas de pacientes con fibrosis quística controlados en el Hospital Dr. Gustavo Fricke, Viña del Mar, Chile entre los años 2022-2023

Carmen Aravena¹, Jenny Llanos¹, Nicolás Johnson¹, Juan Alarcón¹, Magaly Sepúlveda¹, Alexandra Galetovic², Gabriel Peña², Jan Ortiz²

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Avenida Miraflores 2085A, San Felipe, Chile

(2) Universidad de Antofagasta, Biomedical Department and Centre for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB), Health Sciences Faculty, Angamos 601, Antofagasta, Chile

Introducción: La fibrosis quística (FQ) es una enfermedad hereditaria que, entre otros causa colonización-infección bronquial en los pacientes afectando su calidad y expectativas de vida. *Staphylococcus aureus* y sus variantes de colonia pequeña (VCP) tienen un rol importante en la evolución de los pacientes. En el Hospital Gustavo Fricke (HGF) se controlan pacientes con FQ, aunque no hay estudios de *S. aureus* de estos pacientes en Chile.

Objetivo: Estudiar la prevalencia y características de *S. aureus* identificados en pacientes con FQ.

Metodología: Estudio realizado entre diciembre 2022 y noviembre 2023, aprobado por el CEC (Servicio de Salud Aconcagua, N°12-2022). Participaron, 26 pacientes menores de 18 años y 15 adultos (n=41). Cepas de *S. aureus* fueron aisladas desde muestras de los pacientes por el Laboratorio de Microbiología HGF. Determinamos la susceptibilidad antimicrobiana por difusión en disco, genes de virulencia *mecA*, proteína A (*spa*), toxina del shock tóxico (*tst*) y gen de la leucocidina de Pantón-Valentine (*pvl*) por reacción en cadena de la polimerasa. Tipificación de *spa* por secuenciación genética. STATA 17.0 se usó para la significancia de los resultados.

Resultados: *S. aureus* se aisló en el 78% de los pacientes y 7,8 % fueron *Staphylococcus aureus* meticilino resistente (SAMR), sin diferencia entre niños y adultos. En siete pacientes identificamos VCP, incluyendo *S. aureus* meticilino sensible (SAMS) y SAMR. En el seguimiento, las cepas aisladas en un mismo paciente (inter-paciente) mostraron similar resistencia antimicrobiana, reconociéndose 27 antibiótipos diferentes. El perfil de resistencia a penicilina-macrólidos-lincosamida fue más frecuente en adultos que en niños. El gen *pvl* se detectó en SAMS y SAMR de 4 pacientes, *tst* en SAMS *spa*-type t189 en un paciente. Se identificaron *spa*-types variables en SAMS: t189, t701, t002, t121, t127, t1491, t1567, t1635, t1858, t2135, t2409, t7324 y en SAMR detectamos t024.

Conclusión: La prevalencia de *S. aureus* fue similar a otros reportes de pacientes con FQ. Cepas de adultos mostraron mayor resistencia antimicrobiana que los aislados de niños, aunque detectamos SAMR en ambos. El fenotipo VCP no se asoció a un antibiótipo específico. Las cepas SAMS aisladas en diferentes pacientes fueron heterogéneas



fenotípica y genotípicamente e identificamos SARM-t024 asociada al ST8.

Keywords: Staphylococcus aureus, VCP, Fibrosis quística, Chile, spa-type

Financing: PIEM 2022-05 Escuela de Medicina. InES Genero. Universidad de Valparaíso.

Acknowledgments: Agradecimientos al personal de Procedimientos Ambulatorios y al Laboratorio de Microbiología Hospital Dr. Gustavo Fricke, Viña del Mar, Chile.



CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

XXVII

MEJOR PÓSTER



Metabolic Strategies in the Atacama-Andes Saline Complex

Antonia Beggs¹, Javier Martínez¹, Miguel Ángel Castellani¹, Fernando D. Alfaro¹

(1) Universidad Mayor, GEMA Center for Genomics, Ecology and Environment, Faculty of Science, Camino La Pirámide 5750, Huechuraba, Santiago, Chile

In extreme environments such as salt flats, soil microbial communities exhibit adaptations that allow them to thrive under conditions of high salinity and UV radiation, resist long periods of desiccation, and optimize nutrient cycling. The distribution of salt flats in Chile provides an ideal setting to evaluate how environmental changes determine the functional profiles of soil microbial communities in these ecosystems. In this study, we evaluated different ecosystemic and adaptive functions in ten salt flats within the Atacama-Andes complex, distributed along an altitudinal gradient (700 - 4200 m.a.s.l.). To this end, we collected soil samples from each salt flat and measured five physicochemical parameters: humidity, water holding capacity, pH, electrical conductivity, and organic matter content. We also performed functional annotations from metagenomic data to identify functional modules and compare their presence and abundance among salt flats, considering the altitudinal gradient. Our results reveal a direct positive relationship between altitude and soil physicochemical properties like salinity, humidity, and organic matter. Accordingly, we found that salt flats located at higher altitudes exhibit a greater number of functions associated with salinity and UV radiation resistance, compared to lower-altitude salt flats, which are associated with functions related to desiccation tolerance. Additionally, we also observed this trend in functions associated with nutrient cycling, especially carbon and nitrogen. These results demonstrate that environmental variables functionally structure soil microbial communities in these extreme ecosystems.

Keywords: Soil microbial ecology, Saline ecosystems, Functional metagenomics
Financing: Proyecto Anillo ATE240004



Antimicrobial Action of Leaf Extract Fractions from *Clidemia hirta* D. Don

Liliane Silva De Jesus¹, Ellen Matos Silva Bomfim¹, Marcos Costa Silva¹, Edson Marques¹, Vera Lúcia Costa Vale¹

(1) State University of Bahia-UNEB, Department of Exact and Earth Sciences –DCET II, Alagoinhas, Brazil

With the rising incidence of microbial resistance to current antimicrobials, the search for phytochemicals with antimicrobial properties has gained importance. *Clidemia hirta* D. Don, a member of the Melastomataceae family, is notable for its use in traditional medicine. This study aimed to evaluate the antimicrobial activity and characterize the chemical profile of fractions from the ethyl acetate crude extract of *Clidemia hirta* leaves, collected from the Atlantic Forest remnant on the North Coast of Bahia, Brazil. Fractionation of the crude extract was conducted using an open chromatographic column with silica gel, employing solvents of increasing polarity. Secondary metabolites were identified using thin layer chromatography (TLC) with silica gel and Proton Nuclear Magnetic Resonance (¹H NMR) techniques. Antimicrobial activity was assessed using the Minimum Inhibitory Concentration (MIC) method, with a maximum concentration of 500 µg/mL. Twenty-nine fractions (Ch) were obtained, and phytochemical analysis revealed the presence of phenols, flavonoids, triterpenes, steroids, and tannins, while alkaloids were absent, as confirmed by ¹H NMR spectra. Twelve active fractions were effective against Gram-positive bacteria *Bacillus subtilis*, *Micrococcus luteus*, *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*, Gram-negative *Pseudomonas aeruginosa*, and fungal strains *Candida albicans* and *Candida glabrata*, with inhibition ranging from 62.5–500 µg/mL. Bacteriostatic and fungistatic activities were observed, indicating these fractions as promising candidates for natural antimicrobial agents. Notably, the ChII fraction demonstrated potential as a source of metabolites with broad-spectrum antibacterial action, showing bactericidal effects against *S. aureus* and *P. aeruginosa*. The observed antimicrobial effects are likely due to the identified secondary metabolites, acting either individually or synergistically.

Keywords: Antimicrobial, *Clidemia hirta*, Fractions, Leaf Extract

Acknowledgments: State University of Bahia –UNEB Postgraduate Program in Plant Biodiversity Bahia State Research Support Foundation–FAPESB



DESCRIPCIÓN TAXONÓMICA DE *Campylobacter canis* sp. nov., AISLADO DE LA CAVIDAD ORAL DE PERROS DOMÉSTICOS

Tatiana Camacho-Suntaxi¹, Jose Luis González^{1,2}, Javier Ojeda³, Luis Collado¹

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile.

(2) Universidad de las Américas, Facultad de Ciencias de la Salud y Ciencias Sociales, Santiago, Chile.

(3) Universidad Austral de Chile, Departamento de Ciencias Clínicas Veterinarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile.

El género *Campylobacter* comprende 50 especies válidamente descritas, algunas de las cuales están asociadas a enfermedades de relevancia médica a nivel mundial. Los estudios sobre sus reservorios naturales se han enfocado principalmente en el análisis de muestras fecales de animales domésticos y silvestres. Sin embargo, otros tipos de muestras, como las orales, han sido escasamente investigadas. En este contexto, un estudio centrado en la mucosa oral de perros domésticos, realizado en la ciudad de Valdivia (Sur de Chile) en 2023, permitió aislar 14 cepas sospechosas de pertenecer a una nueva especie del género *Campylobacter*. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue caracterizar y diferenciar dichos aislados mediante un análisis taxonómico polifásico, que incluyó evaluaciones genéticas, genómicas y fenotípicas. Para ello, se emplearon diversas técnicas destinadas a examinar la morfología (tinción de Gram y microscopía electrónica de transmisión), las características de crecimiento (API Campy y pruebas bioquímicas clásicas), la secuenciación del genoma completo y análisis filogenéticos. La caracterización microscópica reveló que los aislados correspondían a bacilos Gram negativos, pequeños, ligeramente curvos y con un flagelo polar. Los análisis filogenéticos basados en los genes 16S rRNA y hsp60 mostraron que estos aislados formaban un clado distinto al de las especies de *Campylobacter* previamente descritas. Este hallazgo fue corroborado mediante la secuenciación del genoma completo y su análisis in silico, incluyendo la hibridación digital ADN-ADN (dDDH) y la Identidad Nucleotídica Media (ANI), los cuales arrojaron valores acordes a una nueva especie bacteriana. Además, la caracterización fenotípica mediante pruebas bioquímicas —como catalasa, oxidasa y ureasa, entre otras— permitió diferenciar completamente estos aislados de las especies conocidas del género. En conjunto, los resultados genómicos y fenotípicos respaldan que estas cepas aisladas de la cavidad oral de perros representan una nueva especie, la cual describimos como *Campylobacter canis* sp. nov., conformada por un total de 14 cepas, una de las cuales (MOP7T =LMG 33635T =CCUG 77916T) fue elegida como cepa tipo o representativa de este nuevo taxón.

Keywords: *Campylobacter*, especies nuevas, cavidad oral, mascotas, Chile

Financing: FONDECYT 1200125

Acknowledgments: FONDECYT 1200125



Asociación entre el perfil de citoquinas y signos de alarma en casos de dengue en Amazonas, Perú: IL 8 como posible marcador pronóstico.

Christian Junnior Campos Monteza^{1,2}, Fatima Burgos¹, Deybi Huaman¹, Rafael Tapia Limonchi^{1,3}, Stella M. Chenet^{1,3}

(1) Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas (UNTRM), Amazonas, Medicina Humana, Triunfo, Chachapoyas 01001, Chachapoyas, Perú

(2) Dirección Regional de Salud de Amazonas (DIRESA), Amazonas, Jr. Sociego 305, Chachapoyas, Perú

(3) Facultad de Medicina (FAMED), Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza (UNTRM), Amazonas, Medicina, Triunfo, Chachapoyas 01001, Chachapoyas, Perú

Los casos de dengue con signos de alarma han aumentado en la región Amazonas del Perú en los últimos años, un factor poco explorado y determinante en la patogénesis de la enfermedad es la respuesta inmunitaria del huésped. La identificación de citocinas asociadas a la clínica de dengue puede ayudar a esclarecer la progresión de la enfermedad y mejorar la evaluación pronóstica. El presente estudio evalúa la asociación entre el perfil de citoquinas y la presencia de signos de alarma en pacientes con dengue en la región Amazonas, Perú. Se realizó un estudio observacional, analítico y transversal en pacientes con diagnóstico confirmado de dengue. Para abordar esto, se analizó los perfiles de citocinas en 89 muestras de suero de pacientes en Amazonas, 51 (57.3%) con signos de alarma, 28 (31.5%) sin signos de alarma y 10 (11.2%) controles sin infección. Las concentraciones séricas de 17 citoquinas (G-CSF, GM-CSF, INF γ , IL-1 β , IL-2, IL-4, IL-5, IL-6, IL-7, IL-8, IL-10, IL-12(p70), IL-13, IL-17, MCP-1(MCAF), MIP-1 β y TNF α) se midieron por duplicado utilizando un kit comercial (Bio-Plex Human Cytokine Assay. Biorad). Para la comparación de niveles de citoquinas entre grupos con y sin signos de alarma se empleó la prueba no paramétrica Mann-Whitney U, y se evaluó la asociación mediante regresión logística multivariada, ajustando por variables de confusión. Las infecciones por dengue fueron agudas, con 3 [RIC 2–4] días de síntomas, y los serotipos encontrados DENV-1 (43%) y DENV-2 (57%). Niveles elevados de IL8 se asociaron con una mayor probabilidad de desarrollar signos de alarma (OR: 1.09; IC 95%: 1.03–1.18, $p = 0.006$), ajustando por grupo etario, sexo, serotipo viral y valor umbral de ciclo. Ninguna de las otras citoquinas evaluadas mostró asociación estadísticamente significativa. Estos hallazgos concuerdan con investigaciones previas que vinculan a la IL-8 como un indicador en el aumento de la gravedad por dengue. En conclusión, la elevación de IL8 se asocia con la presencia de signos de alarma en pacientes con infección aguda de dengue, lo que sugiere que esta citocina podría actuar como marcador pronóstico temprano de severidad.

Keywords: Citoquinas, dengue, serotipo, signos de alarma, IL8

Financing: Este trabajo fue financiado por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del concurso “E041-2024-03 Proyectos de Investigación Básica” [número de contrato PE501089280-2024].

Acknowledgments: Agradecemos a todos los miembros del Instituto de Investigación de Enfermedades Tropicales (IET), Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas (UNTRM), Chachapoyas, Perú y de la Dirección Regional de Salud de Amazonas (DIRESA), Amazonas, Perú.



Resistencia a antibióticos en estiércol utilizado como fertilizante en la agricultura familiar campesina de comunidades mapuches lafkenches de Chile.

Erica Castro¹, Pablo Araya^{2,3}, Gerardo Gonzalez^{2,3}

(1) Universidad Adventista de Chile, Obstetricia y Puericultura, Facultad de Ciencias de la Salud, Camino Las Mariposas Km 12, Chillán, Chile

(2) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Universidad de Concepción., Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario, Concepción., Chile

(3) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción., Barrio universitario, Concepción, Chile

Introducción. La resistencia a los antibióticos se ha consolidado como una de las mayores amenazas para la salud pública en la última década. Este fenómeno ha sido impulsado por el uso indiscriminado de antimicrobianos en sectores clave como la medicina humana, la medicina veterinaria, la agricultura y, particularmente, la ganadería. En estos contextos, el uso habitual de antibióticos en animales de producción puede generar estiércol contaminado con bacterias resistentes, el cual es utilizado como abono en cultivos agrícolas. Esta práctica representa un riesgo crítico, ya que las bacterias resistentes podrían ingresar a la cadena alimentaria humana, facilitando su propagación. En la agricultura familiar campesina de comunidades mapuches lafkenches de Arauco, Chile, el estiércol se emplea cotidianamente como abono orgánico, concepto arraigado y transmitido generacionalmente.

Objetivo. Analizar la presencia de bacterias resistentes a antibióticos de uso clínico relevante en muestras de estiércol empleadas como abono en comunidades originarias de Tirúa y Valle de Elicura de la Región del Bio Bío, Arauco, Chile.

Metodología. Se recolectó muestras de estiércol de aves, cerdos, vacunos y ovejas obtenidas de depósitos donde el/la agricultor (a) mantenía su abono para aplicar en sus cultivos. Con técnicas estandarizadas, se analizaron estas muestras para detectar bacterias resistentes a antibióticos de uso clínico relevante, como imipenem, colistin, ceftriaxona, ciprofloxacino y tetraciclina.

Resultados. Los hallazgos revelaron la presencia de bacterias resistentes a colistin, ceftriaxona e imipenem en la mayoría de las muestras, a pesar de observarse un crecimiento escaso o nulo de bacterias Gram negativas. La detección de resistencia sugiere que existe una presión selectiva constante que mantiene una microbiota resistente, lo que representa un potencial riesgo a largo plazo.

Conclusión. Estos resultados subrayan la importancia de monitorear y controlar el uso del estiércol como fertilizante para prevenir la propagación de resistencia antimicrobiana en el entorno agrícola y humano. En este escenario, resulta esencial adoptar un enfoque integral como el de "Una salud", que considera la interconexión entre la salud humana, animal y ambiental.

Keywords: estiércol - resistencia antimicrobiana - agricultura

Financing: Investigación desarrollada con fondos del Proyecto FONDEF ID24I10350 de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile.



Evaluación de la temperatura de venta sobre la detección de *Listeria* spp. en carne cruda de res comercializada en Culiacán, Sinaloa, México.

Ana Patricia Castro Díaz¹, Herminio López López¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Josefa Ortiz de Domínguez, Cd Universitaria, Universitaria, 80040 Culiacán Rosales, Sinaloa, México., Culiacán, México

Introducción: *Listeria* spp. es un género de bacterias grampositivas que incluye varias especies y se distingue por la capacidad para crecer en bajas temperaturas y resistir a condiciones adversas, representando una amenaza para la inocuidad alimentaria. *Listeria monocytogenes* se considera un patógeno humano que puede ser transmitida a los alimentos y puede provocar listeriosis, una enfermedad severa y letal para la población vulnerable.

Objetivo: Por ello, el objetivo del estudio fue evaluar la temperatura de venta sobre la detección de *Listeria* spp. en muestras de carne cruda de res comercializada en Culiacán, Sinaloa, México.

Materiales & Métodos: Para ello se recolectaron 20 muestras de carne cruda de res de venta en refrigeradores ($n = 10$) e intemperie ($n = 10$) en distintos establecimientos de Culiacán, Sinaloa, México. El aislamiento de *Listeria monocytogenes* y *Listeria* spp. en alimentos se realizó siguiendo el método (MLG 8.15) descrito por la USDA-FSIS. La identificación de los aislados presuntivos de *Listeria* spp. se realizó mediante tinción Gram, hemólisis, catalasa y CAMP. Se empleó la cepa de *L. monocytogenes* ATCC7644 como control positivo.

Resultados: En el 90 % (18/20) de las muestras se detectaron cepas presuntivas de *L. monocytogenes*, incluyendo muestras almacenadas en refrigeración (100 %) e intemperie (80 %). La temperatura de venta ($P = 0.151$) fue descartada como predictor en la presencia de *Listeria* spp en las muestras de carne. El 50 % (9/18) de las cepas presuntivas resultaron bacilos Gram (+) con fenotipo positivo a CAMP, hemólisis y catalasa.

Conclusión: Estos hallazgos sugieren la presencia de *Listeria* spp. como peligro importante en la carne. Además, la presencia presuntiva de cepas de *Listeria* spp. hemolíticas advierte un riesgo sanitario.

Keywords: Inocuidad, Calidad, Microbiología, Alimentos



Reversión de la resistencia a ciprofloxacina vía bombas de eflujo en aislados clínicos de *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus* multirresistente por efecto de la corteza de *Krugiodendron ferreum*

Ángel Dzul-Beh^{1,2}, Andrés Humberto Uc-Cachón¹, Myrna Déciga-Campos², Gloria María Molina-Salinas¹

(1) Instituto Mexicano del Seguro Social, Unidad de Investigación Médica Yucatán, Mérida, Yucatán, México

(2) Escuela Superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Facultad de Medicina, Ciudad de México, México

Pseudomonas aeruginosa y *Staphylococcus aureus* son patógenos que causan infecciones asociadas a la atención de la salud y comunitarias. Estas bacterias representan un desafío por su capacidad para desarrollar resistencia a múltiples antibióticos. Las fluoroquinolonas son antibióticos bactericidas de amplio espectro que inhiben la síntesis del ADN bacteriano, prescritos para tratar infecciones por *P. aeruginosa* y *S. aureus* (meticilina-resistente). Se ha documentado un aumento en la resistencia a fluoroquinolonas, incluyendo ciprofloxacina (CIP), siendo uno de los principales mecanismos las bombas de eflujo (BE), consideradas una estrategia que utilizan las bacterias para prevenir la acumulación de sustancias nocivas, incluidos los antibióticos. La inhibición de BE es una estrategia para combatir la resistencia y restablecer la acción del antibiótico. La investigación en plantas medicinales permite identificar compuestos con potencial terapéutico; *Krugiodendron ferreum* (Rhamnaceae) conocida como x-chintok en medicina tradicional Maya, se usa para tratar infecciones urinarias y de la piel. El objetivo de esta investigación fue evaluar el efecto inhibitorio de los extractos de corteza de *K. ferreum* sobre las bombas de eflujo a CIP en aislados clínicos de *S. aureus* y *P. aeruginosa* multirresistentes. Los extractos orgánicos se obtuvieron mediante maceración dinámica con polaridad ascendente utilizando n-hexano (n-Hex), acetato de etilo (AcOEt) y metanol (MeOH). Los bioensayos de reversión de la resistencia a CIP vía bombas de eflujo se realizaron mediante microdilución en caldo con resazurina. El extracto de AcOEt (500 µg/mL) logró revertir la resistencia a CIP en *S. aureus* (UIMY-SAU-1) de 64 a 1 µg/mL (64×), mientras que los extractos de AcOEt (1000 µg/mL) y MeOH (1000 µg/mL) revirtieron la resistencia a CIP en *P. aeruginosa* (UIMY-PAE-79) de 32 a 16 µg/mL (2×). La corteza de *K. ferreum* se identificó como una fuente de fitoconstituyentes con efecto inhibitorio potente sobre las bombas de eflujo en *S. aureus* y débil en *P. aeruginosa* resistentes a CIP.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, Bombas de eflujo, ciprofloxacina, *Krugiodendron ferreum*

Financing: AI IMSS (GMMS: R-2023-785-014), ESM-IPN (AJDB: 2024-A232) y SECIHTI (AJDB: CVU: 928320).

Acknowledgments: IMSS, ESM-IPN y SECIHTI.



“Treatment of Red 40 Azo Dye Contaminated Industrial Effluent Using Wild Strains of White Rot Fungi”

Camila Gómez Garcés¹, Lida Arias Marin¹, Luisa Maria Munera Porras¹

(1) Universidad de Antioquia, Escuela de microbiología, Medellín, Colombia

The azoic dye Red 40 (R40) is widely used in textile and food industries, releasing R40-contaminated effluents into water bodies with demonstrated ecotoxicological effects, highlighting the importance of proper disposal or treatment. Typically, the treatment of colored wastewater involves physical methods (adsorption, filtration) and chemical methods (oxidation, coagulation), which often incur high equipment costs and may not be highly effective in dye removal. This study evaluates a biological strategy for R40 dye removal in a 6L bioreactor. Fungal strains were obtained through bioprospecting, yielding 7 white rot fungi strains. Their potential for dye transformation/degradation was assessed in solid and liquid media, with optimized cultivation conditions. Extracellular enzyme production (Manganese peroxidase and Laccase) was determined. The treated effluent was analyzed using nuclear magnetic resonance (NMR) to determine dye transformation/degradation, and a phytotoxicity assay evaluated post-treatment effluent toxicity. *Lentinus* sp., was chosen from the 7 isolated white rot fungi strains for its high decolorization percentages during assays. In static bioreactor (6L) treatment, 52% degradation was achieved over 12 days from an initial concentration of 80 mg/L of dye, with manganese peroxidase enzyme concentration of 120.9 U.min/L at the beginning of degradation process, and effluent toxicity reduced by 75%. RMN data suggests R40 degradation processes by white root fungi, due to the loss of aromaticity of the parental molecule. These results highlight a potential way to remove harmful molecules from the environment

Keywords: Azo, Dyes, Textile industries, wastewater treatment, White rot Fungi



El pez cebra como modelo para estudiar marcadores de neurodesarrollo y los efectos del virus del Zika.

Eliana Patricia Hurtado Velandia¹, Sol Valentina Cardenas Durango¹, Alejandra López Sanmiguel¹, Valentina Medina Ardila¹, Myriam Lucia Velandia Romero², Zayra Viviana Garavito Aguilar¹

(1) Universidad de los Andes, Ciencias Biológicas, Ciencias, Carrera 1 # 18A - 12, Bogotá, Colombia

(2) Universidad El Bosque, Biología, Ciencias, Av. Cra. 9 #131A-02, Bogotá, Colombia

El virus del Zika (ZIKV) constituye una amenaza significativa para la salud global debido a su asociación con el síndrome congénito del Zika, que ocasiona malformaciones graves como microcefalia, alteraciones motoras y efectos globales en el neurodesarrollo. Los mecanismos celulares subyacentes, especialmente sobre progenitores neuronales, aún no se comprenden en su totalidad, lo que resalta la necesidad de modelos experimentales alternativos. El pez cebra (*Danio rerio*) ofrece ventajas únicas para investigar la patogénesis viral y el neurodesarrollo por su transparencia embrionaria, rápido crecimiento y homología genética con humanos.

Inicialmente, realizamos una caracterización mediante inmunohistoquímica, validando la aplicabilidad de anticuerpos contra glutamina sintetasa (GS) y la proteína asociada a microtúbulos 2 (MAP2). Embriones entre 22 y 72 horas post-fertilización (hpf) revelaron una fuerte reactividad en estructuras cerebrales y musculares, confirmando la idoneidad del pez cebra para estudios de localización proteica y neurobiología comparada.

Posteriormente, confirmamos la infección por ZIKV en larvas de 31 hpf microinyectadas con la cepa C11541, aislada de un paciente colombiano. La replicación viral se detectó mediante qRT-PCR, y se observaron efectos teratogénicos como edema pericárdico, alteraciones morfológicas, mortalidad a 72 horas post-infección (hpi), reducción de la respuesta táctil y cambios en la frecuencia cardíaca. Estos resultados validan al pez cebra como un modelo eficaz para evaluar la patogénesis viral y sugieren efectos previamente inexplorados, como el impacto del ZIKV en el desarrollo cardíaco y la vejiga natatoria.

Actualmente, extendemos este enfoque utilizando un pez transgénico *mnt:gfp*, que permite visualizar dinámicamente la respuesta neuronal durante la infección viral. Esta estrategia busca integrar la información basal sobre marcadores de neurodesarrollo con la caracterización de alteraciones inducidas por ZIKV, avanzando en la comprensión de la interacción huésped-patógeno y sus consecuencias en etapas tempranas del neurodesarrollo.

Estos hallazgos refuerzan al pez cebra como un modelo innovador para la investigación en virología y neurobiología, aportando bases para futuros estudios traslacionales sobre los efectos del ZIKV en el sistema nervioso en desarrollo.

Keywords: Virus Zika, Pez Cebra, Microinyección, Neurodesarrollo, Inmunohistoquímica

Financing: Financiado por: Programa de Investigación para profesores de la Facultad de Ciencias - Universidad de los Andes; Proyecto Convocatoria Ciencias Básicas-Minciencias; Fondo para Estudiantes de Maestría Facultad de Ciencias - Universidad



de los Andes; MinCiencias for basic sciences grant.

Acknowledgments: Agradecemos a la Universidad de los Andes, al laboratorio BIOLDES, a la profesora Miriam Velandia y a nuestra directora de tesis, Zayra Garavito, por su apoyo en el desarrollo de este trabajo



Colonización nasal por *Staphylococcus aureus* del complejo clonal 30 sensibles a meticilina en pacientes pediátricos sometidos a cirugía ortopédica: perfil de susceptibilidad y virulencia

Erik Emmanuel Jandete-Martínez^{1,2}, Erik Jandete^{1,2}, Jocelin Merida-Vieyra¹, Nancy Evelyn Aguilar-Gómez³, Laura Belmont-Monroy¹, Ma. Guadalupe Aguilera-Arreola², Ruben Bautista-Hernández^{1,2}

(1) Instituto Nacional de Pediatría, Laboratorio de Microbiología Molecular, Insurgentes Sur 3700-C, Ciudad de México, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Bacteriología Médica, Programa de Maestría en Ciencias en Biomedicina y Biotecnología Molecular, Prol. de Carpio y Plan de Ayala s/n Col. Casco de Santo Tomás, Ciudad de México, México

(3) Instituto Nacional de Pediatría, Departamento de Enseñanza, Insurgentes Sur 3700-C, Ciudad de México, México

Objetivo

Describir el perfil de susceptibilidad y de virulencia en aislamientos de *S. aureus* complejo clonal 30 (CC30) obtenidos de narinas de pacientes pediátricos sometidos a cirugía ortopédica en el Instituto Nacional de Pediatría (INP).

Material y métodos

Este estudio observacional, descriptivo y transversal fue aprobado por el comité de investigación, bioseguridad y ética (registro INP 2021/072). Se recolectaron 150 hisopados nasales de pacientes sometidos a cirugía ortopédica de marzo de 2022 a febrero de 2024. La identificación de *S. aureus* se realizó mediante la amplificación del gen *nuc*, y la del CC30 por el gen *sauIhdsI*. Se determinó el perfil de susceptibilidad por difusión en disco siguiendo los lineamientos del Clinical and Laboratory Standards Institute; para aquellas cepas resistentes a eritromicina, pero sensibles a clindamicina, se les hizo la prueba de resistencia inducible a clindamicina. Los aislamientos se clasificaron en *S. aureus* sensibles o resistentes a meticilina (SASM o SARM). Mediante PCR se detectaron los genes de resistencia *mecA*, *ermA*, *ermB*, *ermC*, *msrA* y los factores de virulencia *fnbA*, *fnbB*, *clfA*, *clfB*, *cna*, *hla*, *eta*, *etb*, *sec*, *tsst-1* y *pvl*.

Resultados

Cincuenta y cinco pacientes fueron portadores de *S. aureus*, de los cuales 19 (34.5%) correspondieron al CC30, todos SASM. El 100% fue susceptible a tetraciclina, trimetoprima-sulfametoxazol y ciprofloxacina; 94% a gentamicina; 88% a linezolid y 35% a eritromicina y clindamicina. Doce de las 13 cepas resistentes a eritromicina mostraron el fenotipo inducible a los macrólidos, lincosamidas y estreptograminas B (iMLSB) y portaron el gen *ermA*; por otro lado, se encontró un aislamiento con fenotipo constitutivo (cMLSB) con el gen *ermC*. En todos los aislamientos se detectaron los genes de virulencia *clfA*, *clfB* y *fnbA*; *cna* en el 94%; *tsst-1* en el 70% y *hla* en el 47%; *fnbB*, *pvl*, *sec*, *eta* y *etb* no fueron detectados.

Conclusiones

El 12.6% de los pacientes pediátricos sometidos a cirugía ortopédica fueron portadores nasales de *S. aureus* CC30, todos sensibles a meticilina. La resistencia inducible a clindamicina fue mediada por *ermA*. Las adhesinas *clfA*, *clfB*, *cna* y *fnbA*, así como las



toxinas hla y tsst-1, fueron los principales factores de virulencia identificados.

Keywords: CC30, SASM, iMLSB, pediatría, México

Financing: Recursos fiscales Modalidad B del Instituto Nacional de Pediatría INP 2021/072

Acknowledgments: Servicio de ortopedía del Instituto Nacional de Pediatría



The Antidepressant Sertraline Modulates Gene Expression and Alternative Splicing Events in the Dermatophyte *Trichophyton rubrum*: A Comprehensive Analysis

Carlos Henrique Lopes Rocha¹, Flaviane Maria Galvão Rocha¹, Pablo Rodrigo Sanches¹, Antonio Rossi¹, Nilce Maria Martinez-Rossi¹

(1) Universidade of São Paulo, Departament of Genetics, Ribeirão Preto Medical School, Av. Bandeirantes, 3900 – Monte Alegre Ribeirão Preto – SP, Ribeirão Preto – SP, Brasil

Dermatophytosis, a prevalent fungal infection of keratinized tissues, is primarily caused by the filamentous fungus *Trichophyton rubrum*. Sertraline (SRT), an antidepressant with antifungal activity, has already demonstrated therapeutic potential against this fungus. Elucidating the effects of SRT may provide insights into its mechanism of action and fungal adaptation to this drug. Differential gene expression and alternative splicing (AS) facilitate fungal adaptations to various environmental conditions. Thus, this study aimed to provide a comprehensive overview of AS events and their implications in *T. rubrum* cultivated under sub-inhibitory concentrations of SRT. The transcriptome of *T. rubrum* challenged with SRT was analyzed to detect AS events. RNA-seq analysis revealed that SRT affected transcriptional and post-transcriptional events in numerous *T. rubrum* genes, including those encoding transcription factors, kinases, and efflux pumps. Among the AS events, intron retention was predominant. After 12 h of SRT exposure, intron-3 retention (IR3) levels in the serine/arginine protein kinase (SRPK) mRNA transcripts were significantly increased compared with those in the control. This new isoform would produce a putative protein that partially lost its phosphotransferase domain. Alignment of the protein kinase domains of both isoforms (conventional and IR3) indicated perfect identity up to the C-terminal region, where the amino acids of the IR3 isoform corresponded to part of intron 3. We identify that SRT does not induce these AS events directly; rather, they are modulated by its presence, likely as an adaptive mechanism. In summary, SRT affects the modulation of AS events, particularly IR in *T. rubrum*. Furthermore, we study confirmed the existence of a new isoform of the SRPK gene containing IR3, although there was no evidence that the putative protein would be functional. These findings highlight the potential mechanisms of action of SRT and suggest how *T. rubrum* adapts itself to this drug.

Keywords: dermatophytosis; sertraline; alternative splicing; intron retention; kinase

Financing: São Paulo Research Foundation (FAPESP); National Council for Scientific and Technological Development (CNPq); Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)—Finance Code 001; and Fundação de Apoio ao Ensino, Pesquisa e Assistência (FAEPA).

Acknowledgments: We thank V.M. Oliveira, M. Mazzucato, and M.D. Martins for their invaluable technical assistance.



Identificación y caracterización de una depolimerasa del fago K08-48 con actividad anti-biopelículas contra aislados clínicos de *Klebsiella pneumoniae*.

Jose Leonardo Martinez Pacheco¹, Cruz Eugenia Martinez Palacios¹, Ruth Reyes Cortes¹

(1) Universidad de Guanajuato, Departamento de biología, División de Ciencias Naturales y Exactas, Noria Alta, 36050 Guanajuato, Gto., Guanajuato, México

Klebsiella pneumoniae es un patógeno oportunista implicado en un alto número de infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS), lo que representa un problema creciente a nivel mundial. Esta bacteria afecta principalmente a pacientes inmunosuprimidos, neonatos y adultos mayores. Su capacidad para formar biopelículas y su creciente resistencia a múltiples antibióticos dificultan significativamente su tratamiento. Ante esta problemática, el uso de bacteriófagos y de sus enzimas estructurales, como las depolimerasas, se presenta como una alternativa terapéutica prometedora. Estas enzimas degradan los polisacáridos que componen la cápsula bacteriana y la matriz extracelular de las biopelículas, facilitando tanto la acción de los fagos como del sistema inmunológico o de agentes antimicrobianos.

El objetivo de este estudio fue identificar y caracterizar una depolimerasa codificada por el fago K08-48 con actividad anti-biopelículas contra aislados clínicos multirresistentes de *K. pneumoniae*. Se seleccionaron fagos con fenotipos indicativos de producción de depolimerasas y se evaluó su capacidad para inhibir y desestabilizar biopelículas formadas por las cepas clínicas K08 y KL-147, ambas resistentes a 10 de los 14 antibióticos evaluados rutinariamente. Tras seleccionar el fago K08-48 por su actividad anti-biopelículas, se procedió al aislamiento y secuenciación de su material genético. A través de análisis bioinformáticos se identificó una secuencia candidata a codificar una depolimerasa, la cual fue clonada y expresada heterológamente para su caracterización funcional.

La actividad de la proteína recombinante se evaluó mediante ensayos de degradación de biopelículas utilizando tinción con cristal violeta y microscopía óptica. Los resultados preliminares nos sugieren que la depolimerasa identificada posee actividad frente a los polisacáridos capsulares de los aislados clínicos, reduciendo significativamente la biomasa de las biopelículas.

Estos hallazgos respaldan el potencial terapéutico de las depolimerasas fágicas como agentes independientes o complementarios en el tratamiento de infecciones causadas por cepas multirresistentes de *K. pneumoniae*, y sientan las bases para el desarrollo de nuevas estrategias antimicrobianas.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, multirresistencia, Bacteriófagos, depolimerasas



Análisis del rol de la proteína LpxR, implicada en la modificación del LPS, en la capacidad proinflamatoria de Salmonella enterica serovar Dublin

Adriana Martínez-Sanguin¹, Bruno D'Alessandro¹, Mateo Olivero¹, José A Chabalgoity¹, Laura Betancor², Lucía Yim¹

(1) Universidad de la República, Unidad Académica de Desarrollo Biotecnológico, Facultad de Medicina, Instituto de Higiene, Montevideo, Uruguay

(2) Universidad de la República, Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Facultad de Medicina, Instituto de Higiene, Montevideo, Uruguay

La salmonelosis es una de las principales enfermedades transmitidas por alimentos a nivel mundial. Los serovares Enteritidis (SEn) y Dublin (SDu) de Salmonella enterica están estrechamente relacionados filogenéticamente, sin embargo difieren significativamente en su potencial patogénico. SEn es altamente prevalente en humanos y genera típicamente gastroenteritis autolimitada, mientras que SDu es un serovar adaptado a ganado bovino, pero cuando infecta humanos causa generalmente infecciones invasivas. Los factores bacterianos implicados en esta patogenicidad diferencial son poco conocidos.

Resultados previos de nuestro grupo, en los que realizamos análisis de proteómica comparativa entre una cepa de SDu y una de SEn cultivadas en condiciones que imitan el intestino de mamíferos, mostraron que la proteína LpxR se encuentra sobre-representada en SDu respecto a SEn (fold change 10.69). Se ha postulado que en Salmonella enterica serovar Typhimurium, LpxR promueve la evasión del sistema inmune debido a menor estimulación del receptor tipo Toll 4 (TLR4).

El objetivo de este trabajo es estudiar el rol de LpxR en la virulencia de SDu in vivo.

Se construyó un mutante nulo en esta proteína y se evaluó en el modelo murino de colitis respecto a la cepa parental. El mutante resultó atenuado en la colonización de ciegos y bazo, sugiriendo un rol de esta proteína en la fase gastrointestinal de la infección, así como en la invasividad de SDu. Además, la expresión del gen Lcn2 (que codifica para la Lipocalina-2, una proteína antimicrobiana relevante en la respuesta de defensa del hospedero a nivel intestinal), fue significativamente menor en ciegos de ratones infectados con el mutante lpxR respecto a los infectados con la cepa parental. Empleando una línea celular reportera para TLR4 demostramos que la inactivación de lpxR en SDu reduce significativamente su capacidad de estimular a TLR4. Estos resultados sugieren un rol novedoso para LpxR en el serovar Dublin, diferente al sugerido para S. Typhimurium, promoviendo su capacidad proinflamatoria a nivel intestinal y favoreciendo la colonización de este órgano, lo cual podría resultar en una mayor traslocación a sitios sistémicos.

Keywords: Salmonella, LPS, Invasividad, Respuesta inflamatoria

Financing: Comisión Académica de posgrados (CAP) Comisión sectorial de investigación científica (CSIC)



Effect of air pollution on the taxonomic composition, diversity, and antibiotic resistance of the cultivable bacterial community of the aerobiome.

Madelaine Mejías^{1,2}, Romina Madrid¹, Antonieta Pérez¹, Hugo González¹, Natalia Lizana¹, Dinka Mandakovic¹, Rodrigo Pulgar²

(1) Universidad Mayor, GEMA, Center for Genomics, Ecology and Environment, Laboratorio de Microbiología Molecular Ambiental, Camino La Pirámide 5750, Huechuraba, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Laboratorio de Genómica y Genética de Interacciones Biológicas (LG2IB), El Líbano 5524, Macul, Santiago, Chile

The bacteriome changes with environmental factors like pollution, which can induce genetic and phenotypic shifts, including antibiotic resistance. Studying cultivable bacterial communities enables controlled evaluation of these changes. This study aimed to characterize and analyze the taxonomic composition, diversity, and antibiotic resistance profile of the cultivable airborne bacteriome in Chile's Región Metropolitana. For this purpose, active air collections were obtained in Petri dishes with four different culture media (BAB, LB, NA and PYS) from two areas of the Región Metropolitana that were differentially polluted. After seven days of growth, bacterial composition, diversity, and resistance profiles were analyzed using high-throughput amplicon and metagenomic sequencing. The resistant cultivable bacteriome was further studied using antibiotic-supplemented media. Kanamycin-resistant strains were cultured in liquid media with particulate matter to evaluate changes in antibiotic tolerance and expression levels of resistance genes. Sequencing revealed 237 bacterial ASVs, with Proteobacteria and Firmicutes as the dominant phyla. While no significant differences in bacterial alpha and beta diversity were observed between the sampling sites, differences in richness arose between the culture media, with Luria-Bertani medium having the lowest bacterial richness. Although we did not observe differences in the bacterial community composition, we did detect variations in their antibiotic resistance profiles between sites. We detected resistance to aminoglycosides, beta-lactams, phenicols, glycopeptides, quinolones, and tetracyclines at both sites, with a significant increase in vancomycin-resistant bacteria at the most contaminated site. In addition, the most contaminated site allowed us to capture more than 43 isolates resistant to different antibiotics, unlike the least contaminated site, which only allowed us to capture 25 resistant isolates. Remarkably, the bacterial isolates resistant to kanamycin subjected to particulate matter significantly increased their tolerance to the antibiotic, which could be explained by an increase in the relative abundance of the antibiotic-resistance genes *qacH* and *ampC*. This study allowed us to determine the effects of pollution on the air bacterial community and antibiotic resistance, contributing to the generation of knowledge in the areas of microbial ecology and environmental sciences.

Keywords: Aerobiome, Cultivable bacterial community, Antibiotic resistance, Air pollution

Financing: FONDECYT regular #1250936, FONDECYT Regular #1221848 and Beca de Doctorado Nacional ANID #21241384

Acknowledgments: Beca de Doctorado Universidad Mayor



Critical bacterial pathogens are still detected after swine wastewater treatment using covered lagoon biodigesters

Gabriela Merker Breyer¹, Mariana Costa Torres¹, Camila Rosana Wuaden², Raquel Rebelatto², Janaína Bassani Pastore², Mateus Lazzarotti², Jalusa Deon Kich², Franciele Maboni Siqueira¹

(1) Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil

(2) Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, Brasil

The swine industry generates large amounts of organic waste, thereby requiring efficient wastewater treatment to reduce its environmental impact. A sustainable way to manage farm waste is through anaerobic digestion, which can be done using covered lagoon biodigesters (CLBs). The CLBs reduce pathogenic bacteria and generate organic fertilizers as subproducts, which are commonly applied in farmlands or for irrigation. Still, the treated waste might contain critical pathogenic bacteria that can harm the environment. Therefore, we characterized the bacteriome of swine wastewater before and after CLB treatment to assess the presence of priority bacterial pathogens. We analyzed waste samples from 23 CLB-farms in Brazil. Isolated metagenomic DNAs were submitted to shotgun sequencing using Illumina NovaSeq 6000 platform. Raw reads were filtered by Trimmomatic (Phred < 30; > 50 nt length), and used for taxonomic affiliation using Kraken 2 (standard collection; confidence threshold = 0.4). Further bioinformatic and statistical analyses were performed on RStudio using phyloseq, vegan, microbiome, microbiomeutilities, and ggplot2 packages. The CLB treatment reduced the waste bacterial diversity, based on Shannon index ($p < 0.05$), as expected due to the anaerobic digestion; and shifted bacterial composition, according to permutational multivariate analysis of variance ($p < 0.05$). Accordingly, 70 genera showed differential abundance after CLB treatment, with a significative reduction in abundance in 51% of them (36/70). In general, Segatella, Turicibacter, and Sphaerichatea were the most abundant genera found across CLB-farms. The search of priority bacterial pathogens considered the World Health Organization 2024 list, including *Acinetobacter baumannii*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Enterococcus faecium*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, and Enterobacterales (*Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Salmonella enterica*, *Shigella* spp., *Morganella* spp., *Enterobacter* spp., *Serratia* spp., *Proteus* spp., *Citrobacter* spp.). Notably, taxa from the Enterobacterales order, *A. baumannii*, *E. faecium*, and *S. aureus* were highly abundant during CLB treatment but showed a drastic reduction after anaerobic digestion. While this demonstrates the effectiveness of CLB treatment in decreasing critical bacterial pathogens, our findings reinforce the need to improve farms wastewater treatment systems to better mitigate the spread of priority pathogens from livestock.

Keywords: swine farm, wastewater, shotgun sequencing, bacteria

Financing: This research was supported by the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) – Grant Number 305939/2022-0, and the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Finance Code 001.



Extremophilic bacteria improve germination and early vigor of *Phaseolus vulgaris* under simulated water deficit

Rodrigo Mora-Sanhueza¹, Nicolas Flores³, Cynthia Meza², Francisca Valenzuela³, Matias Sandoval⁵, Karen Fuentealba⁵, Aparna Bernarjee⁴, Patricio Arce-Johnson⁶, Claudio Inostroza-Blancheteau⁵

(1) Universidad Católica de Temuco, Programa de Doctorado en Ciencias Agropecuarias, Facultad de Recursos Naturales, Rudecindo Ortega 2950, Temuco, Araucanía, Temuco, Chile

(2) Universidad Católica del Maule, Doctorado en Biotecnología Traslacional, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica, 3460000 Talca, Maule, Talca, Chile

(3) Universidad Autónoma de Chile, Doctorado en Ciencias Biomédicas, Facultad de las Ciencias de la Salud, Av. 5 Poniente 1670 Talca, Talca, Chile

(4) Universidad Autónoma de Chile, Functional Polysaccharides Research Group, Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Av. 5 Poniente 1670 Talca, Talca, Chile

(5) Universidad Católica de Temuco, Departamento de Ciencias Agropecuarias y Acuícolas, Facultad de Recursos Naturales, Rudecindo Ortega 2950, Temuco, Araucanía, Temuco, Chile

(6) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Santiago, Chile

The intensification of drought events in Chile jeopardises the emergence and development of *Phaseolus vulgaris* L. a crop crucial to regional food security—while simultaneously diminishing the metabolic viability of native plant-growth-promoting bacteria (PGPB) and, consequently, their contribution to crop establishment. Extremophilic bacteria, able to remain metabolically active across wide thermal and osmotic ranges and to sustain the synthesis of exopolysaccharides, ACC-deaminase, siderophores and phytohormones, have therefore emerged as alternative bioinoculants for enhancing the critical germination and seedling-establishment phase of this species.

This study evaluated the capacity of *Bacillus haynesii* accession number MZ298610 (isolated from a hydrothermal spring) and *Microbacterium* sp. accession number CP050453 (Antarctic soil), applied individually or as a consortium, to boost the emergence of *P. vulgaris* var. Manteca under a simulated water deficit induced with PEG-8000.

Plant-growth-promoting (PGP) traits indole-3-acetic acid (IAA), siderophore and NH_4^+ production, biofilm formation, and phosphate solubilisation in NBRIP medium (0–168 h) together with tolerance to NaCl (0–10 %), AlCl_3 (0–25 ppm) and PEG-8000 (0–25 %; $\psi\pi = -1.29$ MPa) were characterised. Growth was also assessed in seven carbon and five nitrogen sources (1 % w/v). For the bioassay, surface-sterilised seeds were inoculated (10^8 CFU mL^{-1}) with each strain or with their consortium and incubated for 5 and 10 days in PEG-8000 at 5, 15 and 20 %. Plumule and radicle length, root number, shoot length, leaf number and width were recorded, and the tolerance index (TI) and vigor index (VI) were calculated.

Both strains grew in all C/N sources; *B. haynesii* remained viable at 25 % PEG-8000, and *Microbacterium* sp. at 20 %. *B. haynesii* exhibited a mucoid phenotype and greater biofilm formation. Both produced IAA (16.4 $\mu\text{g mL}^{-1}$ for *B. haynesii* and 7.3 $\mu\text{g mL}^{-1}$ for



Microbacterium sp.) and siderophores, while *Microbacterium* sp. solubilised 120 mg P mL⁻¹ (12 % efficiency). The consortium achieved 100 % germination (control: 80 %), TI = 1.7 and VI = 1427, outperforming the single-strain treatments (TI $\approx$ 1.2; VI $\leq$ 733) and the uninoculated seeds (VI = 570). Total seedling length increased by 60 % with the consortium and by 5–7 % with the individual strains.

Co-inoculation of *B. haynesii* and *Microbacterium* sp. synergistically enhances seedling emergence and early vigor of *P. vulgaris* under moderate to severe water stress, validating their potential as bioinoculants for legume crops in water-limited agro-ecosystems.

Keywords: Extremophilic bacteria, *Phaseolus vulgaris*, Water deficit, Germination, Bioinoculant

Financing: ANID/FONDECYT Regular 1201749; FONDECYT Regular 1231917; ANID/ANILLO ATE230007 AND ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL under Grant [21242604].

Acknowledgments: ANID/FONDECYT Regular 1201749; FONDECYT Regular 1231917; ANID/ANILLO ATE230007 AND ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL under Grant [21242604].



Isolation and characterization of bacteriophages for *Listeria monocytogenes* control in pork-based products

Laura Ximena Henao Herreño¹, Laura Alejandra Morales López¹, Santiago Hernández Villamizar¹, Ana Karina Carrascal Camacho², Viviana Clavijo¹

(1) Ciencia y Tecnología de Fagos Sciphage SAS, Mosquera, Colombia

(2) Pontificia Universidad Javeriana, Microbiología, Ciencias, Bogotá, Colombia

Listeria monocytogenes is a life-threatening pathogen responsible for severe human infections, particularly in elderly people, pregnant women, newborns, and immunocompromised patients, with mortality rates ranging from 20% to 30%. This microorganism is mainly transmitted through the consumption of contaminated food, including vegetables, seafood, and meat. In the meat industry, ready-to-eat products (e.g., sausages and ham) are considered important transmission sources. Despite the implementation of control strategies in food processing environments, *L. monocytogenes* remains prevalent in final products and continues to be a major concern. As a promising biocontrol strategy, lytic bacteriophages have emerged as effective tools for controlling pathogens in food. This study aims to develop a lytic bacteriophage cocktail for the biocontrol of *L. monocytogenes* in pork-based meat products. For this purpose, bacteriophages were isolated and characterized, using *L. monocytogenes* isolates obtained from meat-processing industries as host bacteria. Samples were collected from different points throughout a pork processing facility to maximize the heterogenicity of the phage cocktail. The samples included wash water used to clean walls, equipment, and floors, along with samples from raw meat used for processing, ham ready for distribution, and selected points in the facility's wastewater treatment system. Solid samples were mixed with buffer SM, centrifugated, and filtered (0.22 µm), while the water samples were filtered directly. The filtrates were used directly or after enrichment to detect bacteriophages using the double-layer agar technique. Individual phages were selected and purified from the lytic zones observed. Phenotypic characterization included infection curve analysis, host range determination, efficiency of plating, and stability assays under different pH, temperature, and salinity conditions. Genomic characterization was conducted to confirm the absence of toxin-related, antibiotic resistance, or lysogeny-associated genes. Overall, 18 bacteriophages with lytic activity against *L. monocytogenes* were isolated. Based on the characterization results, at least three of these phages fulfilled the criteria for inclusion in a bacteriophage cocktail, showing a broad lytic spectrum, high stability, and absence of genes associated with virulence, antibiotic resistance, or lysogeny. The selected phages represent strong candidates for further formulation and testing as a biocontrol strategy in the meat industry.

Keywords: Bacteriophages, Phage therapy, *Listeria monocytogenes*, Food safety, Pork industry

Financing: This project was funded by the Ministry of Science, Technology and Innovation of Colombia (MinCiencias) through the Orquídeas 2024–2025 Call for Proposals. We sincerely appreciate their support for promoting research on biocontrol strategies aimed at enhancing food safety.



Antimicrobial Resistance in *Neisseria gonorrhoeae* Isolates from Patients Attending STI Clinics in Mexico City

Ivonne Michele Morales-Paczka¹, José de Jesús García-Ángeles¹, Gibrán Rivera-González², José Félix Aguirre-Garrido³, Berenice Parra-Ortega^{1,4}, Zulema Gómez-Lunar⁴, Araceli Contreras-Rodríguez⁴, Ma. Guadalupe Aguilera-Arreola¹

(1) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Bacteriología Médica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala S/N, Santo Tomás, C.P.11340, Ciudad de México, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería y Ciencias Sociales y Administrativas, Avenida Té 950, Granjas México, C.P. 08400, Ciudad de México, México

(3) Universidad Autónoma Metropolitana, Departamento de Ciencias Ambientales, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Lerma, Avenida de las Garzas 10, El panteón, C.P. 52005, Lerma, México

(4) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Microbiología General, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala S/N, Santo Tomás, C.P. 11340, Ciudad de México, México

With over 374 million yearly occurrences, sexually transmitted infections (STIs) represent a significant worldwide public health concern, including gonorrhea caused by *Neisseria gonorrhoeae* with over 82 million annual cases. The emergence of antibiotic-resistant *N. gonorrhoeae*, classified by the WHO as a critical priority, has fewer treatment choices, higher risks of problems (e. g. , increased HIV acquisition) and socioeconomic loads. In Mexico effective control strategies are hampered by surveillance gaps for resistant strains in important populations including men who have sex with men (MSM).

This ongoing research looks at *N. gonorrhoeae* incidence and antimicrobial resistance (AMR) patterns amongst two primary care clinics at vulnerable male patients in Mexico City. Bacteria culture, real-time multiplex PCR, and CLSI M100 disk diffusion tests were used to examine a cohort (n=55) with a median age of 31 years (sexual debut at 16), mostly unmarried (87%) homosexual males (82%). With a median of four sexual partners each month, most (62%, n=34) reported unprotected sex at last contact. Only 3.6% (n=2) practiced transactional sex. Educational achievement was primarily bachelor's degree (47%) and then high school (31%).

PCR found STI pathogens: 29.1% *N. gonorrhoeae*, 20% *Ureaplasma urealyticum*, 10.9% *Mycoplasma genitalium*, 7.3% *Chlamydia trachomatis* and 3.6% *Mycoplasma hominis*. The *N. gonorrhoeae*'s isolates at culture (23.6% of cases) showed penicillin and tetracycline (100%) resistance, ciprofloxacin (92%), azithromycin (46.2%), and resistance to cefixime and ceftriaxone (7.7%). Notably, 46% of isolates produced β -lactamases; 84.6% were multidrug resistant (MDR). These results highlight the urgent need to strengthen AMR surveillance, refine treatment protocols, and curb the spread of resistant strains.

Keywords: MSM, AMR, real-time multiplex PCR, MDR, disk diffusion

Financing: SECTEI/027/2024, SIP INNOVACION 20232787, 20241088.

Acknowledgments: Clínica Especializada Condesa



Impact of Heat-shock factor 1 over the replication cycle of Herpes simplex virus type 1

Gerardo Ortiz^{1,2}, Rodrigo Reyes^{1,2}, Abel Soto^{1,2}, Javier Carbone^{1,2}, Susan Bueno^{1,2}, Pablo González^{1,2}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(2) Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Facultad de Ciencias Biológicas, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

Heat-shock factor 1 (HSF1) is a transcription factor that participates in the maintenance of cellular proteostasis upon exposure to high temperatures (39 to 43°C). However, it has also been reported to play important roles during viral infections regardless of heat-shock. Here, we sought to assess the role of HSF1 over the replication of Herpes simplex virus type 1 (HSV-1) in cells susceptible to infection, namely epithelial cells and neurons. We found that HSV-1 activates HSF1 during infection and that negatively modulating the activity of HSF1 alters the replication cycle of HSV-1, as reduced amounts of this virus are detected in the supernatants of cells treated with an HSF1-inhibiting drug 24 h after infection. Thus, our results suggest that HSF1 plays an important role in the replication cycle of HSV-1, and targeting this host factor may have therapeutic potential as an alternative treatment to reduce the pathological effects of this virus.

Keywords: Infection, HSV-1, HSF1, Cell culture

Financing: FUNDING: FONDECYT 1240971, PROGRAMA ICM - ANID, ICN2021_045

Acknowledgments: Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.



Agronomic Performance and Phosphorus Use Efficiency of Maize Inoculated with *Bacillus* in the Southeast and Midwest Regions of Brazil

Vitória Palhares Ribeiro¹, Daniel Bini¹, Ivanildo Evódio Marriel¹, Christiane Abreu De Oliveira Paiva¹

(1) Embrapa Maize e Sorgum, soil microbiology and biochemistry, MG-424 Highway, Km 45, Esmeraldas II District, Sete Lagoas, Brasil

The use of inoculants based on plant growth-promoting bacteria, especially those capable of phosphorus (P) solubilization, is expected to grow in the coming years. This trend is driven by the high cost of fertilizers, environmental concerns regarding pollution, and the increasing demand for sustainable agricultural practices. This study assessed the agronomic performance and phosphorus use efficiency (PUE) of maize inoculated with the *Bacillus thuringiensis* strain B116 over four growing seasons in two Brazilian regions with contrasting soil P levels: Sete Lagoas-MG (low P) and Santo Antônio de Goiás-GO (high P). Field experiments were arranged in a randomized block design with four replications and five treatments, including two fertilization strategies (triple superphosphate—TSP, and a blend of TSP with rock phosphate—PRST) either with or without bacterial inoculants. Inoculation treatments included strain B116 with TSP and PRST, as well as elite strains *Bacillus megaterium* B119 and *Bacillus subtilis* B2084 under the same fertilization schemes. Data were analyzed using ANOVA and Duncan's test ($p \leq 0.1$) in R. Results showed that B116 significantly enhanced maize yield, with increases up to 30% (TSP) and 16% (PRST) in Sete Lagoas, and 10% and 7%, respectively, in Goiás. In terms of PUE, B116+TSP and B119+TSP treatments outperformed uninoculated controls, reaching up to 52.2 kg grain/kg P_2O_5 in low-P soils. These findings indicate that inoculation with *Bacillus* strains, especially B116, can substantially improve P efficiency and yield, offering a promising strategy for sustainable maize production in P-deficient soils.

Keywords: Zea mays, phosphorus solubilization, microbial inoculants, biofertilizers, sustainable agriculture

Financing: FAPEMIG, FINEP, EMBRAPA

Acknowledgments: EMBRAPA MAIZE E SORGUM



Immunogenic and protective effects of outer membrane vesicles (OMVs) from *Salmonella enterica* serovars Typhi and Typhimurium cultured under conditions mimicking host physiological environments.

Juan Fuentes Aravena^{1,2,3}, Wellasmin Pérez^{1,2,3}

(1) Universidad Andres Bello, Laboratorio de Genética y Patogénesis Bacteriana, Facultad de Ciencias de la Vida, 8370186, Santiago, Chile

(2) Universidad Andres Bello, Centro de Investigación de Resiliencia a Pandemias, Facultad de Ciencias de la Vida, 8370186, Santiago, Chile

(3) Universidad Andres Bello, Doctorado en Biotecnología, Facultad de Ciencias de la Vida, 8370186, Santiago, Chile

Salmonella enterica, particularly serovars Typhi and Typhimurium, causes significant public health issues such as typhoid fever and gastroenteritis, primarily acquired through the consumption of contaminated water or food. These pathogens undergo complex life cycles, with critical stages occurring in the intestinal environment. Upon entering the intestine, *Salmonella* experiences an increase in osmolarity, a recognized environmental cue that triggers the expression of virulence factors. These virulence components, potentially serving as epitopes for vaccine development, are often encapsulated within outer membrane vesicles (OMVs), nanoscale spherical structures released by Gram-negative bacteria, containing proteins, lipids, and genetic material. Given that OMVs inherit properties and cargo from their parental bacteria, it is plausible that OMVs derived from bacteria cultured under high osmolarity conditions will possess increased virulence epitopes, making them superior vaccine candidates compared to OMVs produced under normal osmolarity conditions.

This study assessed the immunogenicity and protective efficacy of OMVs from *S. Typhi* and *S. Typhimurium* cultured in LB medium supplemented with 0, 80, or 300 mM to replicate one of the osmotic conditions encountered in the intestinal environment. OMVs were characterized for size distribution and zeta potential using dynamic light scattering (DLS, Zetasizer), lipid content using FM4-64 staining, protein content via the BCA assay, protein profiles by SDS-PAGE, and cytotoxicity by the MTT assay. Results demonstrated that all tested conditions influenced OMV composition without inducing cytotoxic effects. Additionally, antibody responses (serum IgG, fecal IgA) and cross-protective efficacy were evaluated in a BALB/c murine model. The groups immunized with OMVs of *S. Typhi*, obtained under the three culture conditions evaluated, presented high levels of specific antibodies against *S. Typhi*. However, they showed a limited response in terms of cross-protection against *S. Typhimurium*. In contrast, immunization with *S. Typhimurium* OMVs cultured in LB medium without NaCl (0 mM) induced a more robust immune response, evidenced by elevated levels of IgG and IgA, as well as increased protection against infectious challenge.

These findings identify specific culture conditions that enhance OMV-mediated protective effects *in vivo*.

Financing: FONDECYT 1220584

Acknowledgments: FONDECYT 1220584Beca ANID: 21231372



Evaluating the antibacterial properties of chitosan-reinforced geopolymers for sustainable construction use

Christian Romero Bonifaz¹, Verónica Salas G²

(1) Universidad Bolivariana del Ecuador, Km 5 ½ vía Durán-Yaguachi, Durán, 092405, Ecuador

(2) Escuela Superior Politécnica del Litoral, ESPOL, Facultad de Ingeniería en Mecánica y Ciencias de la Producción, Campus Gustavo Galindo Km 30.5 Vía Perimetral, Guayaquil, Ecuador

Geopolymers are ceramic-like inorganic polymers synthesized in a highly alkaline environment through the polycondensation of precursor materials such as calcinated kaolinite, fly ash and granulated blast furnace slag. Owing to their superior mechanical properties, low thermal conductivity and withstanding resistance to high temperatures (above 1000°C), geopolymers are considered sustainable alternatives to Ordinary Portland Cement (OPC). In dry environments, they also exhibit antimicrobial activity, primarily attributed to their high pH and the incorporation of alkali metal ions within their structures. However, under humid conditions, the inherent porosity of geopolymers facilitates the colonization of alkali-resistant bacteria – most notably sulphur-oxidizing bacteria – which produce acidic byproducts that degrade the material and reduce surface pH. This acidification facilitates subsequent colonization by other microbial taxa, including bacteria, algae, fungi and lichens. To address this limitation, in this study, chitosan, a naturally derived polysaccharide with known antibacterial properties, was incorporated into the geopolymer matrix at concentrations of 0.075%, 0.100%, 0.125%, and 0.150%, with the aim of enhancing compressive strength, increasing density and improving antibacterial properties. The results revealed that the geopolymers labeled GEOP and GQ125 inhibited the growth of the Gram-negative strain *Klebsiella aerogenes* (ATCC® 13048) by 78.64% and 38.26%, respectively, compared to the positive control. Additionally, GEOP reduced the growth of the Gram-positive bacterial strain *Staphylococcus aureus* (ATCC® 25923) by 37%. The higher antibacterial activity exhibited by the geopolymer GEOP against *K. aerogenes* may be attributed to its thinner cell wall (1–3 µm), which permits stronger electrostatic interactions between the positively charged chitosan groups and the negatively charged teichoic acids on the surface of the microbial cell walls. In contrast, the thicker (20–40 µm) more amorphous cell wall of *S. aureus* may impede such electrostatic interactions. Ongoing research is focused on optimizing chitosan distribution within the geopolymer matrix to enhance antibacterial efficacy and determine the optimal concentration required for maximum inhibitory performance.

Keywords: Geopolymers, chitosan, sustainable alternatives, antimicrobial activity, electrostatic interactions

Acknowledgments: The authors would like to thank M.Sc. Julio Cáceres of CIDNA/ESPOL and LEMAT for his valuable assistance in the analysis of mechanical and physicochemical properties.



Monitoreando la producción de vino utilizando técnicas celulares y moleculares

Dania Alejandra Holguin-Espejo², Nicolas Suarez-Peña¹, Lenner Andrey Hernandez-Acevedo¹, Yurley Natalia Suárez-Díaz¹, Denis Paola Muñoz-Machacon², Lilia Carolina Rojas-Perez², Jose Arturo Gutierrez-Triana¹, Mauricio Ramirez Castrillon¹

(1) Universidad Industrial de Santander, Escuela de Microbiología, Facultad de Salud, Carrera 32 # 29-31, Bucaramanga, Santander, Colombia

(2) Universidad Industrial de Santander, Escuela de Ingeniería Química, Facultad de Ciencias Fisicoquímicas, Carrera 27 calle 9, Bucaramanga, Santander, Colombia

La industria basada en biotecnología es susceptible a diferentes factores que pueden afectar su sostenibilidad, incluyendo inestabilidad metabólica y/o genética, contaminación microbiana, así como en la preparación de materias primas y purificación del producto. La contaminación microbiana se manifiesta en disminución de la productividad, así como en la formación de metabolitos no deseados, debido a la competencia por recursos entre los microorganismos contaminantes o aquellos presentes en las materias primas. A pesar de reportes de contaminaciones y caídas en la producción en diferentes sectores basados en bioprocesos, es difícil contar con laboratorios que realicen seguimiento, diagnóstico y/o detección de posibles causales de las mismas. En este sentido, el objetivo de este trabajo es monitorear fermentaciones de mosto de uva a través de MSP-PCR Fingerprinting, medición de parámetros de desempeño y citometría de flujo, que busquen la eficiencia del proceso fermentativo y reducir el uso de antibióticos. Para ello se realizaron cuatro tratamientos con diferentes combinaciones de inóculo de levadura *Saccharomyces cerevisiae* Premiere Rouge (PR, Red Star), junto con otras posibles cepas presentes en los tanques de fermentación, tales como levaduras de cervecera o de sidra. Adicionalmente, se realizó un tratamiento adicional con levadura de panadería. La tipificación molecular se realizó con el cebador microsatélite (GTG)₅ que permitan la discriminación de la levadura inoculada con respecto a otros microorganismos presentes en la fermentación. Las fermentaciones mostraron diferencias en las velocidades de consumo de los °Brix en los primeros cinco días de fermentación, mientras que el pH se mantuvo estable en 5. La concentración celular mostró diferencias entre los tratamientos, presentando reducción cuando se coinocularon PR con la cepa de cervecera WB-06 (Fermentis), mientras que la coinoculación de PR, WB-06 y SafCider AB-01 (Fermentis) mostraron mayor concentración celular. El análisis sensorial preliminar mostró que las coinoculaciones con WB-06 y AB-01, entorpecieron la calidad organoléptica del mosto fermentado. La tipificación molecular ha permitido la separación de perfiles únicos para cada una de las cepas de referencia, y se espera que la extracción de ADN a partir de los mostros permita la discriminación de los inóculos y la microbiota nativa presente en el mosto.

Keywords: Fermentaciones industriales, Contaminación microbiana, MSP-PCR Fingerprinting, Productividad, Biofábrica

Financing: Este trabajo es financiado por la Universidad Industrial de Santander (4266).



Determinación de la sensibilidad antimicrobiana en aislamientos de enterobacteriales aislados de aguas residuales y ríos con alto impacto antropogénico en Bogotá y municipios aledaños del departamento de Cundinamarca (Colombia)

Carolina Reyes-Perdomo¹, Esteban Vanegas Duarte², Juliana Quintero Espinosa², Sebastián Cortés Corrales⁴, María Fernanda Moreno Salas², Ana Margarita Baldián Elorza¹, Aura Lucia Leal Castro³

(1) Fundación Santa Fe de Bogotá, Departamento de Patología y Laboratorios, Bogotá, D.C., Colombia

(2) Fundación Santa Fe de Bogotá, Eje de Salud Poblacional, Bogotá D.C., Colombia

(3) Fundación Santa Fe de Bogotá, Departamento de Medicina Interna, Bogotá D.C., Colombia

(4) University of Birmingham, Department of Economics, Birmingham Business School, Birmingham, Reino Unido

La resistencia antimicrobiana (RAM) es una amenaza global creciente, impulsada por el uso indiscriminado de antibióticos y su inadecuada eliminación, especialmente en ambientes acuáticos. Las aguas residuales actúan como reservorios y rutas de diseminación de genes de resistencia. En este contexto, el enfoque One Health permite abordar la RAM de manera integral, considerando la interrelación entre la salud humana, animal y ambiental.

Este estudio caracterizó los perfiles fenotípicos de resistencia de enterobacteriales aislados en aguas residuales de Bogotá y de los municipios de Chía, Facatativá y Soacha (Colombia), con el objetivo de contribuir al fortalecimiento del Plan Nacional de Vigilancia de la RAM. Se recolectaron muestras de agua en 46 puntos entre abril y diciembre de 2024. Posteriormente, se realizó un primer tamizaje utilizando un medio cromogénico selectivo para enterobacteriales, los cuales fueron identificados mediante espectrometría de masas (MALDI-TOF). Luego, los aislamientos fueron evaluados con el sistema automatizado Vitek® 2 para determinar su sensibilidad a diferentes antibióticos. Se identificaron 145 aislamientos de enterobacteriales, siendo *Escherichia coli* la especie más frecuente (47 aislamientos), seguida por los géneros *Citrobacter* y *Kluyvera* (24 cada uno). Se detectaron niveles variables de resistencia: 17,93% a ampicilina/sulbactam, 8,28% a ceftriaxona, 2,07% a cefepima y 3,50% a carbapenémicos. Además, 31,03% fueron resistentes a ciprofloxacino y 29,00% a trimetoprima/sulfametoxazol. Solo el 0,69% mostró resistencia intermedia a amikacina y el 2,76% a gentamicina. Todos los aislamientos de *E. coli* fueron sensibles a fosfomicina. La detección de genes de resistencia se realizó mediante técnicas moleculares.

Se observó una mayor resistencia a carbapenémicos en aguas residuales hospitalarias y a quinolonas en aguas residuales agropecuarias, sugiriendo que el origen de la contaminación influye en los perfiles de resistencia, posiblemente debido a los distintos antibióticos utilizados en cada entorno. Esto resalta la necesidad de mejorar las prácticas de manejo de aguas y de regular el uso de antibióticos en los sectores agropecuario y hospitalario para mitigar la diseminación de infecciones resistentes. El enfoque One Health es esencial para abordar esta problemática, integrando esfuerzos en salud



humana, animal y ambiental, y es clave para proteger los ecosistemas y la salud pública a largo plazo.

Keywords: Enterobacterales, sensibilidad antimicrobiana, aguas residuales, aguas con impacto antropogénico, One Health

Financing: Este trabajo hace parte del “Programa de investigación para la vigilancia y mitigación de la resistencia a los antimicrobianos en Colombia con un enfoque en One Health”, financiado por el Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de Colombia (convocatoria 918).

Acknowledgments: Agradecimientos al Hospital Universitario Fundación Santa Fe de Bogotá por el apoyo para el desarrollo del presente trabajo y al Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación por la financiación del mismo.



The Fate of Foodborne Pathogens During the Aging at Two Temperature Conditions of Traditional Hispanic Hard Cheese Made with Unpasteurized Milk

Maria Salazar¹, Alexandra Calle¹

(1) Texas Tech University, School of Veterinary Medicine, Amarillo, TX, United States

Introduction: *Listeria monocytogenes*, *Staphylococcus aureus*, and *E. coli* O157:H7 are pathogens associated to unpasteurized milk. Commercialization of raw milk cheese is permitted, provided that the product is aged for at least 60 days at $>1.6^{\circ}\text{C}$.

Purpose: Evaluate the effect of temperature on the behavior of three pathogens during a 70-day aging process of hard cheese made from raw milk.

Methods: Unpasteurized milk was inoculated with *S. aureus*, *L. monocytogenes*, and *E. coli* O157:H7, at 3–4 Log₁₀CFU/ml. Cheese was manufactured following a Hispanic facility protocol and aged at 32°C and 12°C for 70 days. Samples were collected every 10 days for microbial enumeration and compositional analysis (aw, moisture, pH, VFAs). Biomerieux's Temp^o® was used to enumerate *S. aureus*, lactic acid bacteria (LAB), aerobic count (AC), Enterobacteriaceae (EB), and *E. coli* (EC), and spread plating on SMAC and MOX agar for *E. coli* O157:H7 and *L. monocytogenes*, respectively. VFAs were determined by HPLC. Data was analyzed using mixed-effects models, Tukey's, and Sidak's tests with GraphPad Prism ($p < 0.05$).

Results: Enumeration is reported in Log₁₀CFU/g. *S. aureus* decreased significantly at 32°C, dropping from 3.6 to below 1.0 by day 40 ($p < 0.05$), while at 12°C it remained stable with only a slight reduction by day 70. At 32°C, *L. monocytogenes* concentration declined significantly and became undetectable by day 20 ($p < 0.05$), while remaining detectable at stable concentrations throughout aging at 12°C. *E. coli* O157:H7 became undetectable by day 1 at both temperatures and remained so through day 70 ($p < 0.05$). LABs remained stable under both aging temperatures at an average of 2.2, with no significant changes over time ($p > 0.05$). AC remained stable at both temperatures ($p > 0.05$), at an average of 4.4, while EB and EC were undetectable at both temperatures. The effects of time, temperature, and interaction were significant over *S. aureus* and *L. monocytogenes* behavior during aging ($p < 0.05$). Moisture, aw, and pH were stable at similar values at both conditions ($p > 0.05$). VFA concentrations were low, related to LABs' low metabolic activity during aging at both temperatures.

Conclusion: Aging at 32°C was effective in pathogen reduction, while 12°C offered less microbial control, highlighting the importance of temperature in aging processes.

Keywords: *S. aureus*, *L. monocytogenes*, *E. coli* O157:H7, Raw milk cheese, Aging



Evaluación del diseño de cebadores IS6110 para la detección de *Mycobacterium tuberculosis* utilizando la técnica colorimétrica LAMP

Alexandra Sheen Sanchez¹, Edson Pacheco²

(1) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas, 15081, Lima, Perú (2) Instituto Nacional de Salud, 1400, Lima, Perú

Mycobacterium tuberculosis, causante principal de la tuberculosis, es un patógeno sumamente contagioso transmitido a través del aire. Tanto en Perú como en otros países donde sectores más pobres se siguen empleando métodos de diagnóstico convencionales con baja sensibilidad a lo largo de los años. Por lo que la necesidad de desarrollar nuevas técnicas son de vital importancia, tal que el ensayo de la amplificación isotérmica mediada por bucle (LAMP) se ha posicionado como una prueba de diagnóstico rápida, precisa y específica, gracias al diseño de cebadores específicos que permiten una detección confiable de la micobacteria. Por tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar el diseño de cebadores tipo LAMP dirigidos a la secuencia IS6110 de *M. tuberculosis*. Los cebadores se sintetizaron y se evaluaron en distintas condiciones de temperatura, tiempo y volúmenes de reactivos. La reacción LAMP se optimizó a 65 °C durante 50 minutos, utilizando un volumen de 12.5 µL del reactivo LAMP y 1 µL de ADN de *M. tuberculosis* H37Rv. Se obtuvo un límite de detección entre 10⁻⁴ y 10⁻⁵ diluciones seriadas. Además, se procesaron 60 muestras de ADN de esputo extraídos por kit de por columnas, cuyos resultados se compararon con la técnica GenoType® MTBDRplus. Los resultados demostraron una sensibilidad del 90.0%, una especificidad del 80.0%, un valor predictivo positivo del 81.82% y un valor predictivo negativo del 88.89%. En conclusión, el método LAMP basado en colorimetría se proyecta como una opción alentadora y práctica para el diagnóstico de tuberculosis en Perú, con posibilidades de ser adoptado en centros de atención primaria de salud.

Keywords: *M. tuberculosis*, tuberculosis, LAMP, IS6110



Identification and Characterization of Prophages in *Corynebacterium macginleyi* Encoding Proteins with Antimicrobial Potential from the Ocular Surface

Catherine Urrutia Colileo^{1,2}, Michel Abanto Marín²

(1) Universidad de La Frontera, Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO), Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

Corynebacterium macginleyi, identified in 1995, is a common component of the human ocular and skin microbiota. Although it has frequently been isolated in cases of keratitis and conjunctivitis, its exact role remains unclear. Contrary to the purely pathogenic view, we hypothesize that, as an established commensal, *C. macginleyi* may contribute to the defense of the ocular niche against invading pathogens. Prophages are mobile genetic elements capable of conferring new functions to their host and may encode lytic enzymes which, when expressed by the commensal bacterium, could act as antimicrobial weapons against competitors or pathogens in the ocular microenvironment. These enzymes are known for their ability to lyse planktonic bacteria and break down biofilms, representing a potential mechanism of host protection mediated by its microbiota.

This study focused on identifying and characterizing prophages in *C. macginleyi* genomes isolated from the ocular surface, with the aim of detecting genes encoding lytic proteins that could support a protective role for this commensal bacterium. A total of 27 complete genomes of *C. macginleyi* isolated from human eyes during keratitis infections were analyzed from the NCBI "Genome" database. Genomic annotation, phylogenetic analysis, and prophage identification analyses were conducted. Fifteen prophage sequences were identified, with one prophage notably encoding endolysins and a holin. This finding is relevant, as these lytic enzymes possess intrinsic potential to degrade bacterial cell walls. Previous studies have shown that similar enzymes exhibit antimicrobial activity against competing bacteria and the ability to prevent or eradicate biofilms.

This study successfully identified prophages in ocular *C. macginleyi* and revealed the presence of encoded lytic enzymes. The production of these lytic proteins by *C. macginleyi* in its commensal context could represent a defense mechanism of the ocular microbiome, contributing to pathogen exclusion or the maintenance of ocular surface homeostasis. This finding supports the hypothesis of a protective role for *C. macginleyi* and opens new avenues for exploring the therapeutic use of these enzymes or the bacterium itself as a protective probiotic.

Keywords: *Corynebacterium macginleyi*, antimicrobials, prophages, ocular surface

Acknowledgments: Proyecto Fondecyt Regular N° 1251164



EVALUACIÓN DE LA RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS DE *Enterococcus faecalis* AISLADOS DE LA CAVIDAD ORAL DE ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS

Maricielo Brigitte Rose Valdez Ramos^{1,2}, Juan Carlos Ramos Gorbeña^{1,2}

(1) Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP), Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

(2) Universidad Ricardo Palma, Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

Los enterococos, particularmente *Enterococcus faecalis*, constituyen patógenos oportunistas implicados en infecciones orales y sistémicas. A pesar de su relevancia clínica, su epidemiología y patrones de resistencia a los antimicrobianos (RAM) han sido escasamente estudiados en comparación con otros patógenos prioritarios. La emergencia global de RAM, impulsada por el uso indiscriminado de antimicrobianos en salud humana, veterinaria y agricultura, exige abordajes integrales bajo el enfoque One Health. Este estudio tuvo como objetivo determinar el perfil de RAM de *E. faecalis* aislado de la cavidad oral de estudiantes universitarios en contacto frecuente con especies animales. Se recolectaron 123 muestras aleatorias mediante hisopado bucal de estudiantes de Biología y Medicina Veterinaria de la Universidad Ricardo Palma, Lima-Perú. Las muestras se transportaron en medio Cary Blair y se enriquecieron en caldo azida dextrosa (37°C/24h). Para aislamiento selectivo, se realizó siembra en agar Mitis Salivarius (37°C/24-48h); y las colonias presuntivas de *E. faecalis* se confirmaron mediante pruebas bioquímicas, tales como arabinosa, telurito de potasio, movilidad y producción de pigmento. Además, la susceptibilidad antimicrobiana se evaluó mediante método de difusión en disco en agar Mueller-Hinton, utilizando discos de: eritromicina (15 µg), penicilina G (10 µg), amoxicilina/ácido clavulánico (30 µg), ampicilina (10 µg), cloranfenicol (30 µg) y vancomicina (30 µg). Los resultados revelaron elevadas tasas de resistencia: ampicilina 74.19%, cloranfenicol 38.71%, penicilina 35.48% y eritromicina 32.26%. La vancomicina mostró resistencia en 29.03%, mientras que la amoxicilina/ácido clavulánico presentó solo 3.23% de resistencia. Estos hallazgos evidencian una alarmante prevalencia de cepas multirresistentes de *E. faecalis* en poblaciones académicas con exposición zoonótica potencial. La alta resistencia a β -lactámicos (ampicilina/penicilina) y macrólidos (eritromicina) sugiere mecanismos de resistencia intrínsecos o adquiridos, posiblemente mediados por elementos genéticos móviles. La baja resistencia a amoxicilina/ácido clavulánico (3.23%) respalda el uso de inhibidores de β -lactamasas en esquemas terapéuticos. Por lo que, se propone la implementación urgente de sistemas de vigilancia epidemiológica de RAM en microbiomas orales, integrando perspectivas multidisciplinarias para optimizar protocolos de tratamiento antimicrobiano y prevenir la diseminación horizontal de genes de resistencia en entornos universitarios.

Keywords: Resistencia antimicrobiana, *Enterococcus faecalis*, microbiota oral, antibiograma, One Health

Financing: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)

Acknowledgments: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)



Differential Latency Reversal in J-Lat Clones Highlights the Role of Stress Granules in HIV-1 Latency

Valeria Vásquez Sáez^{1,2,3}, Nicole Letelier³, Ivan Torres Durán^{1,2,3}, Ricardo Soto Rifo^{1,2,3}, Fernando Valiente Echeverría^{1,2,3}

(1) Universidad de Chile, Molecular and Cellular Virology Laboratory, Virology Program, Institute of Biomedical Sciences, Faculty of Medicine, Av. Independencia #1027, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy, Faculty of Medicine, Av. independencia 1027, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Center for HIV/AIDS Integral Research (CHAIR), Faculty of Medicine, Av. Independencia #1027, Santiago, Chile

The primary obstacle to achieving a cure for HIV infection is the existence of latent reservoirs. These reservoirs are not targeted by antiretroviral therapy; therefore, when treatment is interrupted, the reservoirs are reactivated, leading to the rebound of active infection. Considering this, the search for new pharmacological strategies to target and eliminate latent cells remains a major challenge. One area of interest involves biomolecular condensates, particularly stress granules, which are dynamic, membrane-less structures that form in response to cellular stress, including viral infections. The protein G3BP1 plays a key role in initiating the formation of these granules. During active HIV-1 infection, studies have shown that the virus prevents stress granule assembly by targeting G3BP1 through its Gag protein. However, this interaction has not yet been characterized in the context of HIV-1 latency. In this study, we describe the differential latency reversal between four different clones of J-Lat cells: 8.4, 5A8, 10.6, and 15.4, which differ in the site of proviral integration within their genomes. Cells were treated with various stimuli, including TNF- α , PMA, and sodium arsenite. Reactivation of the HIV-1 provirus was assessed by detecting the reporter protein GFP, which is integrated into the HIV-1 genome in the J-Lat clones. GFP expression was quantified by flow cytometry, while Gag protein levels were measured by Western blot, and the viral genome was quantified by RT-qPCR. Additionally, we characterized the expression of different receptors to further differentiate between these four latency models. Notably, the 10.6 cells exhibited latency reversal upon sodium arsenite treatment, associated with stress granule formation, and expression of CD4 receptor, while the 8.4 cells only reversed latency in response to this stimulus. These findings suggest that stress granule assembly may play a role in reversing HIV-1 latency, proposing a novel molecular mechanism of latency regulation. This mechanism could represent a potential pharmacological target for future therapies aimed at eliminating the latent HIV-1 reservoir, thereby advancing toward a cure for HIV-1 infection

Keywords: Latency, HIV-1, stress granules, G3BP1

Financing: ANID-Chile supports all the authors through Anillo InflammAIDS-ANID (ATE220016), Beca de Doctorado Nacional ANID 21232039, FONDECYT 1251218 (F.V.-E.), FONDECYT 1190156 (R.S.-R.), ANID-ICM, ICN2021_04.



Carbapenem- and Cephalosporin-Resistant Enterobacteriaceae in Surface Waters of Central Chile: Environmental and Seasonal Predictors of Multidrug-Resistance Phenotypes

Sebastian Wolter-Salas¹, Alejandro Zelaya¹, Natalia Pino¹, Fernando Dueñas², Isabel Huentemilla¹, Ingrid Mercado¹, Stefan Steiniger³, Aiko D. Adell¹

(1) Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias de la Vida, Escuela de Medicina Veterinaria, Santiago, Chile

(2) Universidad Bernardo O'Higgins, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Médicas, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería de Construcción y Transporte, Valparaíso, Chile

Antimicrobial-resistant bacteria represent a rising public health threat, especially in environmental reservoirs such as surface waters. These bodies receive contaminants from human activity and may serve as vehicles for the spread of antimicrobial-resistant microorganisms. This study investigated the presence of antibiotic-resistant enterobacteria (AMR-E) in surface waters of central Chile, focusing on the Mapocho and Maipo river basins.

A total of 240 water samples (1 L each) were collected quarterly across both basins during 2023–2024, covering all seasons. Land use classification was conducted using QGIS and the CONAF 2017 land use layer. Enterobacteria were isolated on two MacConkey agar supplemented with ciprofloxacin (CIP) and ceftazidime (CAZ). Colonies were selected based on typical morphology and identified by MALDI-TOFF as *Escherichia coli*, *Klebsiella* or *Enterobacter* spp. Antimicrobial susceptibility was assessed using the Kirby-Bauer method, following CLSI and EUCAST standards.

Of all samples, 7.92% (19/240) showed growth of AMR-E isolates. Growth was more frequent in Mapocho (25/44) than in Maipo. Urban sites also showed greater recovery of AMR-E (27/44) compared to other land types. *Escherichia coli* was the most frequent species (35/44), followed by *Enterobacter* spp (5) and *Klebsiella pneumoniae* (3).

Resistance to third- or fourth-generation cephalosporins was found in 52.27% (23/44) of isolates, and carbapenem resistance in 10 isolates—predominantly from Mapocho and urban areas. Multidrug resistance (MDR) was identified in 70.45% (31/44) of isolates—20 from the Mapocho and 11 from Maipo. Urban land use had the highest MDR detection (18/31) compared to other land types.

Preliminary random forest analysis identified total dissolved solids (TDS), proximity to human settlements, and seasonality as key predictors of MDR enterobacteria, with 85.26% accuracy. Fisher's exact test preliminary showed significant associations between MDR and human settlements ($p < 0.05$).

The detection of MDR and last generation cephalosporin- and carbapenem-resistant enterobacteria in irrigation waters is alarming, as these antibiotics are last-resort treatments in clinical settings. These findings underscore the need to incorporate environmental indicators into AMR surveillance and improve control strategies in water used for agriculture



Keywords: Extended-spectrum β -lactamases, Irrigation water, Environmental risk factors, Land use, Random Forest

Financing: ANID FONDECYT Regular grant 1221536.

Acknowledgments: We thank Verónica, Javier, Ignacio and Priscilla for their support in lab activities, and Diego and Camilo for their assistance with land use classification, all of whom contributed to the successful development of this study.



Differential Latency Reversal in J-Lat Clones Highlights the Role of Stress Granules in HIV-1 Latency

Valeria Vásquez Sáez^{1,2,3}, Nicole Letelier³, Ivan Torres Durán^{1,2,3}, Ricardo Soto Rifo^{1,2,3}, Fernando Valiente Echeverría^{1,2,3}

(1) Universidad de Chile, Molecular and Cellular Virology Laboratory, Virology Program, Institute of Biomedical Sciences, Faculty of Medicine, Av. Independencia #1027, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy, Faculty of Medicine, Av. Independencia 1027, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Center for HIV/AIDS Integral Research (CHAIR), Faculty of Medicine, Av. Independencia #1027, Santiago, Chile

The primary obstacle to achieving a cure for HIV infection is the existence of latent reservoirs. These reservoirs are not targeted by antiretroviral therapy; therefore, when treatment is interrupted, the reservoirs are reactivated, leading to the rebound of active infection. Considering this, the search for new pharmacological strategies to target and eliminate latent cells remains a major challenge. One area of interest involves biomolecular condensates, particularly stress granules, which are dynamic, membrane-less structures that form in response to cellular stress, including viral infections. The protein G3BP1 plays a key role in initiating the formation of these granules. During active HIV-1 infection, studies have shown that the virus prevents stress granule assembly by targeting G3BP1 through its Gag protein. However, this interaction has not yet been characterized in the context of HIV-1 latency. In this study, we describe the differential latency reversal between four different clones of J-Lat cells: 8.4, 5A8, 10.6, and 15.4, which differ in the site of proviral integration within their genomes. Cells were treated with various stimuli, including TNF- α , PMA, and sodium arsenite. Reactivation of the HIV-1 provirus was assessed by detecting the reporter protein GFP, which is integrated into the HIV-1 genome in the J-Lat clones. GFP expression was quantified by flow cytometry, while Gag protein levels were measured by Western blot, and the viral genome was quantified by RT-qPCR. Additionally, we characterized the expression of different receptors to further differentiate between these four latency models. Notably, the 10.6 cells exhibited latency reversal upon sodium arsenite treatment, associated with stress granule formation, and expression of CD4 receptor, while the 8.4 cells only reversed latency in response to this stimulus. These findings suggest that stress granule assembly may play a role in reversing HIV-1 latency, proposing a novel molecular mechanism of latency regulation. This mechanism could represent a potential pharmacological target for future therapies aimed at eliminating the latent HIV-1 reservoir, thereby advancing toward a cure for HIV-1 infection.

Keywords: Latency, HIV-1, stress granules, G3BP1

Financing: ANID-Chile supports all the authors through Anillo InflammAIDS-ANID (ATE220016), Beca de Doctorado Nacional ANID 21232039, FONDECYT 1251218 (F.V.-E.), FONDECYT 1190156 (R.S.-R.), ANID-ICM, ICN2021_04.



El estrés crónico disminuye la s-IgA y su transporte mediado por plgR en los pulmones de ratones.

Erick José Zarate-Ayón¹, Ivonne Maciel Arciniega-Martínez², Mariazell Yépez-Ortega², Maria de los Angeles Gómez-Roman², Belén Mendoza-Arroyo¹, Aldo Arturo Reséndiz-Albor¹

(1) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Inmunidad de Mucosas, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Inmunonutrición, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

Introducción: Existen pocos trabajos sobre el impacto del estrés en sistema respiratorio, es el segundo sitio que posee la segunda mayor población de tejido linfoide, aunque se han realizado avances en la comprensión de la interacción entre el estrés y los mecanismos fisiológicos, muchos estudios se han centrado en el tejido linfoide asociado a mucosas. Es fundamental investigar el papel del receptor de glucocorticoides en la regulación de la secreción y transporte de la IgA en el tracto respiratorio bajo condiciones de estrés. **Objetivo:** Este estudio evaluó el efecto del estrés crónico en la síntesis y secreción de IgA pulmonar. Se crearon dos grupos 1) control y 2) estrés crónico por restricción de movimiento (cuatro horas por ocho días). **Metodología:** Se utilizó un inmunoensayo enzimático para medir niveles de corticosterona séricos. Mediante ELISA, se determinaron los niveles de IgA total y s-IgA en líquidos traqueobronquiales. Utilizando citometría de flujo, se determinaron porcentajes de células plasmáticas productoras de IgA y citocinas intracelulares TCD4⁺ (IL-4, IL-5, IL-10 y TGF- β) que estimulan el cambio de IgA. Se analizó la expresión del gen de la cadena J y gen del receptor de glucocorticoides (NR3C1) en células epiteliales pulmonares. NR3C1 y plgR se identificaron en células epiteliales y genes de interleucinas (IFN, TNF y TGF). Se recolectaron muestras de pulmón para el análisis histológico de la expresión de plgR. **Resultados:** Nuestros hallazgos indican que el estrés crónico aumenta la corticosterona en suero, el receptor de glucocorticoides NR3C1 en leucocitos y células epiteliales, mientras que disminuye los genes plgR y TNF, y reduce la expresión de plgR en bronquios y bronquiolos, así como la s-IgA, las células plasmáticas productoras de IgA y el TGF- β ; mientras que las citoquinas IL-4, IL-5 e IL-10 en las células TCD4⁺ aumentaron. **Conclusiones:** Nuestros resultados indican que, en el pulmón de ratones BALB/c, el estrés prolongado reduce la producción de sIgA y su transporte mediado por plgR en los bronquios y bronquiolos principales. Comprender estos mecanismos moleculares podría abrir nuevas vías para el desarrollo de terapias que prevengan o traten enfermedades respiratorias asociadas o exacerbadas por el estrés.

Keywords: estrés crónico, pulmón, IgA, plgR

Financing: Este trabajo fue apoyado por SIP 20250872 y 20250786



Bioconversion of Sewage Sludge into Organic Fertilizer: Implications of Antibiotic-Resistant Bacteria Presence

Ana Cristina Zullo de Souza¹, Dânia Elisa Christofolletti Mazzeo³, Gledson Santana Santiago do Nascimento²

(1) São Paulo State University (UNESP), Department of General and Applied Biology, Rio Claro, Avenida 24-A, 1515, 13506-900, Rio Claro/SP, Brazil

(2) Federal University of São Carlos (UFSCar), Department of Biotechnology and Plant and Animal Production, Araras, Rodovia Anhanguera, km 174, Araras/SP, Brazil

(3) Federal University of São Carlos (UFSCar), Department of Biotechnology and Plant and Animal Production, Araras, Rodovia Anhanguera, km 174, Araras, Brazil

Sewage sludge (SS), in addition to being a waste rich in organic matter and nutrients, can also harbor antibiotic-resistant microorganisms. Strategies such as bioaugmentation and biostimulation can enhance its bioconversion into a safe organic fertilizer. This study aimed to characterize the bacterial population of SS at two bioremediation time points (0 and 90 days), analyzing antibiotic susceptibility (chloramphenicol 30 µg/L, amoxicillin 5 mg/L, amikacin 30 µg/L, penicillin G 10 IU/L, tetracycline 30 µg/L, and ampicillin 10 µg/L) through quantification of colony-forming units (CFU) and the Kirby-Bauer disk diffusion test. SS samples were combined with malt bagasse (MB), the ligninolytic fungus *Pleurotus ostreatus* (P), and soil (S), forming the following mixtures: SS; SS+S; SS+MB; SS+MB+P; SS+S+MB; and SS+S+MB+P. Bacterial isolation was performed using 1 g of each sample in 9 mL of 0.85% saline solution, followed by spread-plating on Plate Count Agar (PCA) and incubation at 35 °C. At the initial time point, the highest CFU/g concentrations were observed for SS+S+MB (5.7×10^9), followed by SS+MB (7.5×10^8) and SS+S+MB+P (2.4×10^8). After 90 days, the highest values were found in SS+MB+P (2.37×10^9), SS+MB (1.89×10^9), and SS+S+MB+P (2.45×10^8). Overall, MB exhibited a biostimulatory effect at the beginning of the process, promoting an early growth peak, while the bioaugmenter showed better performance after microbial adaptation. SS and SS+S had the lowest CFU/g values, reinforcing the importance of bioaugmentation and biostimulation in the bioconversion process. The most abundant and frequently isolated bacteria at both time points were identified by MALDI-TOF as *Bacillus* (1), *Providencia stuartii* (2), *Bacillus sonorensis* (3), and *Priestia megaterium* (4). The antibiogram revealed that bacterium 1 was resistant to penicillin G, and bacterium 2 showed intermediate susceptibility to amikacin. Regarding amoxicillin, classical resistance was not detected; however, bacterial growth within inhibition zones indicated localized resistance for strains 1 and 2. Thus, it is concluded that MB significantly stimulates SS microbiota, and the identification of antibiotic-resistant bacteria is essential, as they pose a global risk to both health and the environment.

Keywords: Waste valorization, Biotransformation, Malt bagasse, *Pleurotus ostreatus*, Antibiogram

Financing: This work was supported by National Council for Scientific and Technological Development (CNPq) – process number 166825/2023-9.

Acknowledgments: The authors would like to thank the BRK company for providing SS used in this study and the Federal University of São Carlos (UFSCar) for their valuable partnership.



CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

XXVII

PÓSTERS



Identificación del defensoma de *V. parahaemolyticus* ST36 y su relación con la dinámica de bacteriófagos

Valentina Huaquimil, Michel Abanto²

(1) Doctorado en Ciencias mención Biología Células y Molecular Aplicada, Universidad de La Frontera, Avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile

(2) Unidad de Genómica y Bioinformática, Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Universidad de La Frontera, Avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile

Antecedentes

Vibrio parahaemolyticus es una bacteria presente en ambientes marinos costeros que puede causar gastroenteritis por consumo de mariscos crudos. La migración del linaje pandémico ST36 se ha vinculado a procesos de diversificación impulsados principalmente por recombinación, facilitados por la transferencia horizontal de genes mediante elementos genéticos móviles. Entre ellos, destacan los bacteriófagos por su rol dual, pues pueden transferir genes útiles para la supervivencia de estos microorganismos o actuar como patógenos virales. Para contrarrestarlos, las bacterias desarrollaron el defensoma, constituido por una serie de sistemas que detectan y neutralizan estas amenazas. Comprender este equilibrio entre adquisición de fagos y la presencia de sistemas de defensoma podría explicar algunos de los factores que han favorecido su diversificación y migración. Con este fin, se identificaron los sistemas de defensa y fagos en *V. parahaemolyticus* ST36 mediante análisis genómicos y bioinformáticos, para explorar su dinámica e implicancias evolutivas.

Metodología

Se recuperaron los datos genómicos de *V. parahaemolyticus* desde NCBI Pathogen Detection. Aquellos no ensamblados se descargaron con SRAToolkit, se procesaron con FastQC y Trimmomatic para su optimización, se ensamblaron con Unicycler y se anotaron con Prokka. Posteriormente, se empleó Fastbaps para identificar las subpoblaciones genómicas. A continuación, se utilizó DefenseFinder para identificar el defensoma y geNomad para detectar fagos. Finalmente, se empleó LS-BSR e iTOL para el análisis comparativo y su visualización.

Resultados

En la subpoblación 3 del linaje ST36 se observó la pérdida del sistema de restricción-modificación (RM) tipo I, componente del defensoma core geotemporal, así como la pérdida de un fago perteneciente al moviloma core geotemporal de los aislados analizados. Paralelamente, se identificó la incorporación exclusiva de tres fagos y la presencia del sistema SspBCDE, el cual presenta funciones defensivas similares a las del sistema RM I ausente.

Conclusiones

Estos hallazgos evidencian la dinámica entre los bacteriófagos y el defensoma, apuntando a que la pérdida de sistemas de defensa permite la entrada de nuevos elementos genéticos móviles, los cuales pueden transportar genes que otorgan ventajas



adaptativas, incluyendo sistemas de defensa alternativos. Esta interacción podría ser un motor clave de la adaptación y plasticidad de las subpoblaciones que constituyen este linaje pandémico.

Keywords: *Vibrio parahaemolyticus*, Linaje Pandemico, Bacteriófagos, Defensoma

Financing: Financiado por el Proyecto Fondecyt Regular N°1251164



Genomic Insights into *Acidihalobacter*'s Sulfur-Driven Adaptation

Eva Vergara^{1,2}, Himel Nahreen Khaleque^{4,5,6}, Gonzalo Neira¹, Elizabeth L.J. Watkin^{4,5}, Jorge H. Valdés³, David S. Holmes^{1,2}

(1) Center for Bioinformatics and Genome Biology, Centro Científico y Tecnológico de Excelencia Ciencia & Vida, Fundación Ciencia para la Vida, Av. Del Valle Norte 725, Santiago, Chile

(2) Facultad de Medicina, Universidad San Sebastián, Lota 2465, Santiago, Chile

(3) Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Av. República 330, Santiago, Chile

(4) School of Science, Edith Cowan University, 270 Joondalup Dr, Joondalup WA 6027, Australia

(5) Curtin Medical School, Faculty of Health Sciences, Curtin University, 410 Koorliny Way, Bentley WA 6102, Australia

(6) CSIRO, Environment, Underwood Ave, Floreat WA 6010, Australia

This study compares the distribution of sulfur metabolism genes across four iron- and sulfur oxidizer *Acidihalobacter* (Ah.) type strains and two metagenome-assembled genomes (MAGs), revealing genomic differences that are proposed to be evolutionary connected to ecological specialization. Phylogenomic analysis separates these species into two clades: Clade I including Ah. ferrooxydans from geothermal site in Vulcano, Italy and two MAGs recovered from deep sea hydrothermal vents in the Pacific Ocean; while Clade II comprises Ah. aeolianus and Ah. prosperus from geothermal site in Vulcano, Italy and Ah. yilgarnensis from a saline and acidic drainage in Yilgarn Craton, Australia.

Genomic differences in sulfide:quinone oxidoreductases (SQRs) enzymes were identified, particularly in Ah. ferrooxydans and Ah. yilgarnensis, that positively correlate with sulfide availability in their respective habitats. In addition, only Ah. ferrooxydans (Clade I) lacks the canonical thiosulfate oxidation system (Sox) present in Clade II, suggesting that this species instead relies on the alternative S4I pathway found in its genome, perhaps an adaptation to acidic, sulfide-rich conditions. Further, differences in Clade I terminal oxidases and regulatory elements, support adaptation to environments with elevated H₂S levels, setting it apart from Clade II members. These adaptations, driven by gene redundancy, loss, and horizontal transfer, may reflect a unique evolutionary trajectory for Ah. ferrooxydans differing from other members of the genus, particularly from a sulfur-based energy metabolism.

This work expands our understanding of sulfur biogeo cycling in polyextreme environments and also identifies promising targets for biotechnological applications, particularly in biomining and industrial H₂S removal. Further, by investigating the survival strategies of *Acidihalobacter* in one of the Earth's most challenging habitats –acidic, saline, and sulfur-rich ecosystems– this study provides insights into early microbial evolution and offers a genome-based framework for exploring how life might exist and thrive on other celestial bodies.

Keywords: Sulfur Oxidation, Halotolerance, Acidic Adaption, Comparative Genomics,



Extremophile

Financing: Centro Científico y Tecnológico de Excelencia Ciencia & Vida, FB 210008,
Financiamiento Basal para Centros Científicos y Tecnológicos de Excelencia de ANID.
VRID Universidad San Sebastián PhD Scholarship 10240206



Changes in the enzyme profile of the white-rot fungus *Bjerkandera adusta* in co-culture with the brown-rot fungus *Gloeophyllum trabeum*.

Barbara Arias², Adriane Milagres¹

(1) University of Sao Paulo, Biotechnology, Escola de Engenharia de Lorena, Lorena, Brasil

(2) Universidad de Concepción, Depto. Ciencias y Tecnología Vegetal, Los Angeles, Chile

Coculture strategies have emerged as effective tools for simulating natural microbial interactions and activating silent gene clusters through interspecies communication, thereby unlocking hidden biosynthetic potential. In this study, we explored the interaction between the white-rot fungus *Bjerkandera adusta* and the brown-rot fungus *Gloeophyllum trabeum* to evaluate the effects of cocultivation on fungal growth and the production of lignocellulolytic enzymes. Initially, fungal compatibility was assessed on solid media. Mixed mycelial growth without pigment formation at the mycelial interface suggested partial compatibility between the two species. Subsequent experiments in both solid and liquid media demonstrated that coculture significantly altered the enzymatic profiles of the fungi compared to their monocultures. The enzyme cocktails produced in coculture were analyzed to determine the influence of *G. trabeum* on the enzymatic expression of *B. adusta*. Notably, coculture conditions led to a pronounced increase in oxidative enzyme activities, especially peroxidases, which exhibited a 2- to 3-fold enhancement compared to the *B. adusta* monoculture. This suggests that *G. trabeum*, despite not producing peroxidases itself, can stimulate their production in *B. adusta* through interspecies interaction. In contrast, the production of cellulolytic and hemicellulolytic enzymes was suppressed in the coculture relative to *G. trabeum* monoculture, indicating a complex regulatory interplay. Zymogram analysis confirmed that peroxidase activity was exclusive to *B. adusta* and the coculture, while xylanase activity was present only in *G. trabeum*. Protein purification by ion exchange chromatography further revealed distinct enzyme fractions, including endoglucanases in all cultures and peroxidases in *B. adusta* and coculture samples. These findings advance our understanding of fungal interactions and their impact on lignocellulolytic enzyme production. The results highlight the coculture's potential as a strategy to enhance oxidative enzyme yields, particularly peroxidases, in *B. adusta*. Such enhanced enzyme systems hold promise for various biotechnological applications, including the decolorization of industrial dyes, thus reinforcing the relevance of coculture approaches in industrial and environmental biotechnology.

Keywords: basidiomycota, xylanase, oxidase, dye decolorization, coculture

Financing: FAPESP (2024/07317-4) and CNPq (304482/2022-6)

Acknowledgments: Thanks to FAPESP (2024/07317-4) and CNPq (304482/2022-6). B. Arias thanks to the UCO1996 project for funding the Scholarship student mobility, from the Universidad de Concepción-Chile to the Departamento of Biotechnology at EEL/USP-Brasil.



EFFECTO ANTIBACTERIANO DE LAS NANOPARTÍCULAS DE PLATA CON EXTRACTO DE DYSPHANIA AMBROSIOIDES CONTRA BACTERIAS PERIODONTALES.

Verónica Gasga Tapia¹, Aída Hamdan Partida², Leonor Sánchez Pérez², Francisco Javier Martínez Ruiz², Abraham Faustino Vega³, Jaime Bustos Martínez²

(1) Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud. Universidad Autónoma Metropolitana, Calz. del Hueso 1100, Coapa, Villa Quietud, Coyoacán, 04960, Ciudad de México, México

(2) Universidad Autónoma Metropolitana, Atención a la Salud, Calz. del Hueso 1100, Coapa, Villa Quietud, Coyoacán, 04960, Ciudad de México, México

(3) Universidad Autónoma Metropolitana-Xochimilco, Sistemas Biológicos, Calz. del Hueso 1100, Coapa, Villa Quietud, Coyoacán, 04960, Ciudad de México, México

Introducción: La enfermedad periodontal es el segundo padecimiento bucodental de mayor prevalencia a nivel mundial. Es un problema importante de salud pública, causando pérdida de dientes, discapacidad, disfunción masticatoria y estado nutricional deficiente. Está demostrado que el uso de antimicrobianos locales como complemento en la terapia con raspado y alisado radicular (RAR) es más eficaz. La clorhexidina se ha usado durante años debido al amplio espectro de acción contra bacterias. Las nanopartículas de plata (AgNPs) están siendo utilizadas para inhibir el crecimiento antibacteriano debido a sus diversas propiedades.

Objetivo: Evaluar el efecto antimicrobiano de nanopartículas de plata (AgNPs) sintetizadas con extracto de *Dysphania ambrosioides* (epazote) contra bacterias aisladas de pacientes con enfermedad periodontal.

Materiales y método: Las AgNPs (1mM y 10mM) se sintetizaron usando extracto etanólico de *D. ambrosioides* como agente reductor y estabilizante. Su efectividad antibacteriana se evaluó mediante la prueba difusión (Kirby-Bauer), se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) y la cinética de inhibición de crecimiento contra bacterias aisladas de pacientes con enfermedad periodontal: *Prevotella denticola*, *Prevotella* spp., *Fusobacterium nucleatum*, *Parvimonas* spp., *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus anginosus* y *Staphylococcus aureus*. La clorhexidina (CHX) sirvió como antibacteriano de referencia. La citotoxicidad de las AgNPs se analizó mediante el ensayo MTT en la línea celular A549.

Resultados: Las AgNPs (1mM y 10mM) mostraron actividad bactericida contra todas las cepas estudiadas. Sin embargo, la clorhexidina presentó halos de inhibición más grandes en la prueba de difusión (Kirby Bauer), en la CMI las AgNPs 1mM inhibieron el crecimiento a menores concentraciones que las AgNPs 10mM y la clorhexidina 0.12%. Los resultados de citotoxicidad mostraron menor citotoxicidad de las AgNPs sobre la línea A549. Las AgNPs 1mM no degradaron el ADN durante el periodo estudiado, mientras que las AgNPs 10mM lo hicieron a los 540 minutos y la clorhexidina a los 60 minutos.

Conclusiones: Las AgNPs presentan una acción antibacteriana contra bacterias aisladas de pacientes con enfermedad periodontal, la solución que obtuvo mejores resultados



fueron las AgNPs de 1mM y presentan menor citotoxicidad que la clorhexidina. Las AgNPs tienen potencial como agentes antimicrobianos en el tratamiento de infecciones periodontales.

Keywords: Síntesis verde, AgNPs, *Dysphania ambrosioides*, bacterias periodontales, efecto antibacteriano.

Financing: Verónica Gasga Tapia recibió una beca de doctorado (812667) del Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT). Esta investigación se realizó con el apoyo de la Universidad Autónoma Metropolitana.

Acknowledgments: Agradecemos a Emerson García Martínez y Gustavo Jardón Guadarrama por su apoyo técnico.



MACROMICETES EN ÁREAS PRIORITARIAS DE BOGOTÁ: DIVERSIDAD Y COMPOSICIÓN EN AMBIENTES CON GRADIENTES DE INTERVENCIÓN HUMANA

Brayan Cortes¹

(1) Jardín Botánico José Celestino Mutis, Subdirección científica, Subdirección científica, Av. Calle 63 # 68-95, Bogotá, Colombia

Esta investigación surge en la ciudad de Bogotá que alberga ecosistemas únicos afectados por la urbanización, con consecuencias poco estudiadas en comunidades de macrohongos, estos organismos son clave en ciclos biogeoquímicos y biorremediación. Esta investigación evalúa su diversidad y composición en tres zonas con distinto nivel de intervención humana: Jardín Botánico José Celestino Mutis, Isla ubicada en el Parque Simón Bolívar y Reserva Thomas Van der Hammen, aportando datos esenciales para la conservación y gestión sostenible.

Para ellos se realizaron cuatro salidas de campo mensuales (abril-agosto 2025), estableciendo transectos de 15x4 m en cada zona. Se colectaron macrohongos mediante métodos estandarizados, registrando variables ambientales (temperatura, humedad) y sustratos. La identificación taxonómica combinó análisis morfológicos (macroscópica y microscópica) y pruebas químicas (KOH). Los datos se realizarán en R (paquetes vegan y phyloseq), calculando índices de diversidad alfa (Shannon, Simpson) y beta (Bray-Curtis) para comparar comunidades entre los sitios trabajados.

Dentro de los resultados esperados, se espera identificar las diferencias significativas en diversidad y composición entre zonas, vinculadas al gradiente de perturbación humana, de igual forma reconocer como estas diferencias de la diversidad y composición afecta las dinámicas de los ecosistemas, a partir de las interacciones con la vegetación circundante esto puede variar según el nivel de intervención, evidenciando correlaciones entre degradación ambiental y simplificación de redes ecológicas. Esta investigación pretende ser pionera en caracterizar la micodiversidad urbana de Bogotá, destacando el papel de los macrohongos como organismos fundamentales en la conservación de los ecosistemas andinos y de la región. La divulgación de estos hallazgos busca sensibilizar a la sociedad sobre la importancia ecológica y aplicada de los hongos, de igual forma fortalecer al reconocimiento de estos organismos en el contexto urbano.

Keywords: Macrohongos, biodiversidad urbana, gradiente de intervención humana, diversidad y composición

Financing: Jardín Botánico José Celestino Mutis (Bogotá)

Acknowledgments: Jardín Botánico de Bogotá José Celestino Mutis



Consorcio microbiano para la reducción de contaminantes orgánicos en agua miel de café.

Yenifer Alexandra Palacios García¹, José Miguel Giraldo Ayerbe¹, Fabiana María Lora Suarez¹, Nelsy Loango Chamorro¹

(1) Universidad del Quindío, Quindío, Ciencias Básicas, Carrera 15 con calle 12 norte, Armenia, Colombia

El agua miel de café es un subproducto contaminante que ha generado diversas afectaciones a nivel ambiental, especialmente ocasionado por el vertimiento directo a los cuerpos de agua e incluso en el suelo; esto trae consigo repercusiones como eutrofización en los sistemas hídricos, genera condiciones anóxicas, malos olores, cría de insectos y afectación directa a la biodiversidad acuática entre otros. Esta problemática ha ido en aumento debido al incremento en la producción de café y al uso de grandes volúmenes de agua durante el procesamiento del mismo. Además, el agua miel tiene una composición física y química que representa una elevada demanda química (DQO), biológica de oxígeno (DBO), una alta suspensión de sólidos totales (ST), y una acidez. Estos constituyentes representan una prominente carga orgánica; sumado a esto, en la actualidad a nivel mundial, el 80% de estas aguas están siendo vertidas a los cuerpos de aguas receptores, causando un desequilibrio en estos sistemas. Para abordar esta problemática se evaluó la capacidad de un consorcio microbiano para degradar la materia orgánica en aguas miel obtenida de una finca cafetera de Armenia, se implementó esta alternativa biológica debido a que los microorganismos autóctonos de café son productores de metabolitos secundarios y tienen un potencial oxido-reducción de compuestos orgánicos.

Keywords: Consorcio microbiano, Agua miel, materia orgánica.

Financing: Esta investigación fue financiada por la Universidad del Quindío, Proyecto # 1179 Convocatoria 14/2022, y apoyado por el Grupo GICBE.

Acknowledgments: Agradecimientos a los grupos de investigación GICBE y GECAVYME de la Universidad del Quindío, Colombia



Actividad Antibacteriana de Extractos Crudos de Bacteriocinas Extraídos de *Lactobacillus* spp. contra *Staphylococcus aureus*.

Azul Castrillo-Sanchun¹, Francisco Héctor Chamorro-Ramírez², Aida Hamdan-Partida³, Esmeralda Mónica Peña-González², Suzette Juárez-Contreras⁴

(1) Universidad Autónoma Metropolitana, Maestría en Ciencias Agropecuarias, Unidad Xochimilco, Calzada Calzada del Hueso 1100, Colonia Villa Quietud, Alcaldía Coyoacán, C.P. 04960., Ciudad de México, México

(2) Universidad Autónoma Metropolitana, Laboratorio Veterinario de Ciencia de la Carne y Salud Pública del Departamento de Producción Agrícola y Animal., Unidad Xochimilco, Calzada Calzada del Hueso 1100, Colonia Villa Quietud, Alcaldía Coyoacán, C.P. 04960., Ciudad de México, México

(3) Universidad Autónoma Metropolitana, Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular del Departamento de Atención a la Salud, Unidad Xochimilco, Calzada Calzada del Hueso 1100, Colonia Villa Quietud, Alcaldía Coyoacán, C.P. 04960., Ciudad de México, México

(4) Universidad Autónoma Metropolitana, Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud, Unidad Xochimilco, Calzada Calzada del Hueso 1100, Colonia Villa Quietud, Alcaldía Coyoacán, C.P. 04960., Ciudad de México, México

Las bacterias ácido lácticas son un grupo heterogéneo con características morfológicas y fisiológicas en común. Los *Lactobacillus* en los últimos años son de sumo interés en industria alimentaria, debido a su potencial en la producción de compuestos bioactivos como exopolisacáridos, bacteriocinas, entre otros. (1) Las bacteriocinas representan una prometedora alternativa antimicrobiana frente a algunos patógenos. El objetivo del presente estudio fue la caracterización de la actividad inhibitoria de 17 diferentes extractos crudos de bacteriocinas (ECB), extraídos de *Lactobacillus* spp. contra *Staphylococcus aureus*. Investigaciones recientes demuestran que los extractos crudos de bacteriocinas producidos por bacterias ácido-lácticas exhiben potente actividad anti-estafilocócica. Algunos estudios reportan que extractos crudos de *Lactobacillus plantarum* aislados de productos lácteos fermentados mostraron zonas de inhibición de 18-22 mm contra cepas clínicas de *S. aureus*, evidenciando su potencial como tratamiento antimicrobiano (2). En el presente estudio se probaron 17 ECB contral el inóculo de la cepa de *S. aureus* ATCC 29213. Para esto se utilizaron tubos con 3 mL de caldo Muller-Hinton esteriles, a cada tubo se le adicionaron 300 µL de bacteriocinas y 300 µL de inóculo de las cepa *S. aureus*. Se probaron en total 17 ECB por triplicado, además se incluyo un control positivo por cada uno de los ECB, un tubo de control positivo para *S. aureus* y un tubo de control negativo. Se realizó la medición de la turbidez con un densitómetro en el tiempo 0 y a partir de este momento, se mantuvieron los tubos en incubación a 37±2 °C y 120 RPM; se realizaron mediciones seriadas de la turbidez cada 2 HR hasta las 12 HR y posterior a las 24 HR de crecimiento (3). Fue posible observar en todos los tratamientos con ECB una reduccion significativa del crecimiento de *S. aureus* mayor al 2 unidades MacFarland. Hallazgos similares han sido reportados en otros artículos en los que concentraciones mínimas inhibitorias de 31.25 µg/mL de bacteriocinas logran inhibir el crecimiento de *S. aureus* (4). Resaltando así el potencial



de los extractos crudos de bacteriocinas como un agente antimicrobiano contra *S. aureus*, justificando investigaciones adicionales orientadas a su aplicación práctica y biotecnológica.

Keywords: BAL, Extracto Crudo de Bacteriocinas, Antibacteriano, *Staphylococcus aureus*, Bacterias Ácido Lácticas



Diversidad clonal y perfil de susceptibilidad de Enterobacteriales causantes de infecciones en pacientes de la unidad de terapia intensiva de un hospital pediátrico mexicano de tercer nivel

Ruben Bautista-Hernandez^{1,4}, Claudia Garcia-Ibarrera^{1,4}, Laura Belmont-Monroy¹, Jocelin Merida-Vieyra¹, Isabel Medina-Vera³, Agustin De Colsa Ranero², Gerardo Aparicio-Ozores⁴, Alejandra Aquino Andrade¹

(1) Instituto Nacional de Pediatría, Laboratorio de Microbiología Molecular, Insurgentes Sur 3700-C, Ciudad de México, México

(2) Instituto Nacional de Pediatría, Departamento de Infectología Pediátrica, Insurgentes Sur 3700-C, Ciudad de México, México

(3) Instituto Nacional de Pediatría, Departamento de Metodología de la Investigación, Insurgentes Sur 3700-C, Ciudad de México, México

(4) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Bacteriología Médica, Prol. de Carpio y Plan de Ayala s/n, Ciudad de México, México

Objetivo. Identificar la relación clonal y el perfil de susceptibilidad de Enterobacteriales causantes de infecciones en la unidad de terapia intensiva (UTI) del Instituto Nacional de Pediatría (INP). **Material y métodos.** Se realizó un estudio unicéntrico, observacional, descriptivo y transversal. Se incluyeron 45 aislamientos de infecciones confirmadas de pacientes de la UTIP durante el periodo de julio 2023 a julio 2024. La identificación microbiológica se llevó a cabo por espectrometría de masas y el perfil de susceptibilidad con un método semiautomatizado; se detectaron betalactamasas de espectro extendido, carbapenemasas y genes *mcr* por PCR y secuenciación. Se determinó la secuencia tipo (ST) mediante MLST y el origen clonal con electroforesis en gel de campos pulsados (PFGE). **Resultados.** Los Enterobacteriales más frecuentes fueron *Klebsiella* spp. con el 58%; seguido de *E. coli*, 27% y *Enterobacter* spp., 7%. El 67% fue resistente a ceftriaxona; 51%, aztreonam, 42%, meropenem y ceftolozano-tazobactam; 37% a colistina, 27%, ceftazidima-avibactam y 20%, amikacina. En el 60% de los aislamientos se detectó CTX-M-1. El 51% (n=23) se consideraron Enterobacteriales resistentes a carbapenémicos (ERC) y de ellos el 74% fue productor de carbapenemasas (EPC). NDM se detectó en 8 aislamientos; KPC, en 3; OXA-48, en 3; en un aislamiento VIM y en dos la coexistencia de OXA-48 y NDM. En ningún aislamiento se detectaron los genes *mcr*. El 60% de las cepas de *E. coli* y *K. pneumoniae* resistentes a fluoroquinolonas presentaron alguna mutación en *GyrA* (S83L/I y D87N), *ParC* (S80I y E84V/G) y/o *ParE* (S458A). No se identificaron los genes *mcr*. El 50% de los aislamientos de *K. pneumoniae* se categorizaron en cuatro secuencias tipo (ST): ST230 (n=5), ST25 (n=2), ST45 (n=2) y ST134 (n=2); tres aislamientos de *E. coli* se identificaron como ST131 y dos como ST405, el resto de las cepas no estuvieron relacionadas. **Conclusiones.** Los Enterobacteriales de la UTIP fueron multidrogosresistentes. Los principales mecanismos de resistencia fue la BLEE CTX-M-1; las carbapenemasas NDM y OXA-181. La resistencia a colistina no se asoció con los genes *mcr*. Se observó gran diversidad clonal, no obstante, fueron identificadas clonas de alto riesgo.

Keywords: Enterobacteriales, resistencia antimicrobiana, diversidad clonal, pediatría,



México

Financing: Recurso fiscal Modalidad A y B del Instituto Nacional de Pediatría Registro INP 2023/013, INP 2024/054

Acknowledgments: Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación por el apoyo a becarios RBH y CGI.



Optimización de un protocolo de PCR digital para la detección de *Treponema pallidum* en muestras clínicas de sífilis congénita

Ana Bossa¹, Narda M. Olarte Escobar², Zayda Lorena Corredor-Rozo¹, Ismael Alberto Valderrama Márquez², Deisy Abril¹, Luis Fuentes¹, Ruth Liliana López Cruz², Sharon Hassbleidy Ochoa Ramírez², José Alejandro Mojica Madera², Pedro José Ramos Cabrera², Jorge Eliecer Castellanos Corredor², Nidia Aydee Garay Bernal², Javier Escobar-Pérez¹

(1) Laboratorio Genética Molecular Bacteriana, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá, Colombia

(2) Subred Integrada de Servicios de Salud Sur E.S.E. de Bogotá, Colombia

La sífilis congénita es un importante problema de salud pública a nivel mundial y ha mostrado un reciente incremento en la incidencia en varios países. El patógeno causante de esta enfermedad es la bacteria *Treponema pallidum* subespecie *pallidum*. Las pruebas serológicas disponibles para su diagnóstico son pruebas indirectas, que presentan limitaciones por la persistencia de anticuerpos treponémicos posteriores a la infección, sensibilidad reducida en las etapas inicial y tardía de la sífilis y falsos positivos en pruebas no-treponémicas. Existen protocolos de detección directa como PCR y PCR en tiempo real (qPCR), sin embargo, presentan una sensibilidad reducida en muestras donde la bacteria se encuentra en bajas concentraciones o cuando no hay lesiones características de la infección como úlceras o chancros. La PCR digital (dPCR) ofrece una alta sensibilidad y precisión en la detección y cuantificación del ADN, debido a la amplificación simultánea de la muestra en miles de compartimentos o particiones de manera independiente. El objetivo de este estudio fue optimizar las condiciones de amplificación de un fragmento del gen *Tpp47* por dPCR usando el sistema QIAcuity One (Qiagen). Se identificaron las condiciones óptimas de concentración de primers, sonda y número de ciclos utilizando como plantilla diluciones seriadas de un oligo de doble cadena sintetizado artificialmente con la secuencia de interés. Posteriormente, se validó el protocolo optimizado con muestras clínicas de sífilis congénita y se estableció la cantidad de ADN idónea para cada tipo de muestra (sangre materna, sangre neonato, placenta, líquido cefalorraquídeo). Se comparó el desempeño de la dPCR y la qPCR en la detección *T. pallidum* en varias muestras clínicas, evidenciando una mayor sensibilidad de la dPCR. El uso de la dPCR para la detección de *T. pallidum* puede contribuir a la optimización del diagnóstico y posterior tratamiento de la sífilis congénita, dada su capacidad para detectar concentraciones bacterianas extremadamente bajas.

Keywords: *Treponema pallidum*, PCR digital, detección, sífilis congénita

Financing: Agencia Distrital para la Educación Superior, la Ciencia y la Tecnología (ATENEA) – Convocatoria Retos del Sector Salud 2023, Subred Integrada de Servicios de Salud Sur E.S.E. de Bogotá y Universidad El Bosque.

Acknowledgments: Agradecemos a Marcela Torres y al equipo de atención en salud de los servicios de neonatos, ginecología y laboratorio clínico del Hospital de Meissen por la toma de muestras y procesamiento de pruebas rápidas y VRDL.



Diversidad de hongos y potencial biotecnológico de levaduras del Altiplano Chileno

Jennifer Alcaíno¹, Maximiliano Coche¹, Danae Troncoso¹, Claudio Veloso¹, Salvador Barahona¹, Marcelo Baeza¹

(1) Universidad de Chile, Ciencias Ecologicas, Ciencias, Santiago, Chile

Los hongos desempeñan una función clave en los ecosistemas y pueden prosperar en ambientes extremos como las altas mesetas. Sin embargo, su estudio en estos ambientes es limitado, especialmente las levaduras, hongos unicelulares con alto potencial biotecnológico. El objetivo de este trabajo fue estudiar la diversidad fúngica de 14 muestras de suelo del Altiplano chileno (recolectadas principalmente >4,000 m.s.n.m.) y determinar su humedad, materia orgánica y pH. La diversidad fúngica total se evaluó mediante "amplicon sequence variant" (ASV) del marcador ITS2. Las levaduras fueron aisladas desde las muestras de suelo, identificadas mediante secuenciación de la región ITS1-5.8S-ITS2 y se evaluó su crecimiento a diferentes temperaturas, uso de fuentes de carbono y secreción de enzimas hidrolíticas.

En el análisis metagenómico, las ASVs se asignaron a ocho filos, 129 familias y 185 géneros fúngicos. Ascomycota fue el filo dominante en todas las muestras, con una abundancia relativa entre el 76 % y el 99 %. Treinta y cuatro familias representaron el 84 % de la abundancia total, destacándose Cladosporiaceae, Teratosphaeriaceae y Sporormiaceae. A nivel de género, 30 taxones concentraron el 77 % de la abundancia, entre ellos Oleoguttula y Coniochaeta. Un porcentaje considerable de las ASVs fueron asociadas a taxones no clasificados (6% filo, 41% familia, 57% género). Se observó una correlación negativa entre pH y diversidad (índices Shannon y Evenness) a nivel de familia y género. De las 164 colonias tipo levadura aisladas, 51 y 47 se identificaron a nivel de especie y género, respectivamente. Los géneros más frecuentes fueron Naganishia, Holtermanniella y Vishniacozyma. Las levaduras fueron capaces de crecer en un amplio rango de temperaturas (con óptimos preferentemente a 10°C y 22°C), y de utilizar diversas fuentes de carbono siendo glucosa, trehalosa y fructosa las más comunes. Se detectaron levaduras capaces de secretar proteasas, celulasas, lipasas y esterases, la mayoría con mejor actividad a 30°C o menos.

En conclusión, el Altiplano chileno alberga una rica diversidad fúngica, con numerosos taxones aun no conocidos. Las levaduras aisladas representan una fuente prometedora de enzimas hidrolíticas activas a temperaturas medias y bajas, de potencial interés para aplicaciones industriales y biotecnológicas.

Keywords: altiplano, hongos ambientales, levaduras ambientales

Financing: FONDECYT 1230427



Efecto amebicida de la artemisinina sobre trofozoítos de *E. histolytica*

Germán Higuera Martínez¹, David Levaro Loquio¹, Munich Guevara Rubio¹, Aldo Arturo Reséndiz Albor¹, Ivonne Maciel Arciniega Martínez¹, Alvaro Anzueto Rios², Rafael Santiago Godoy², Judith Pacheco Yépez¹

(1) Instituto Politécnico Nacional,, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Salvador Díaz Mirón esq. Plan de San Luis S/N, Miguel Hidalgo, 11340, Ciudad de México, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Unidad Profesional Interdisciplinaria en Ingeniería y Tecnologías Avanzadas UPIITA, Avenida Instituto Politécnico Nacional No. 2580, Col. Barrio la Laguna Ticomán, Gustavo A. Madero, Ciudad de México, C.P. 07340., CDMX, México

La amibiasis es causada por el parásito *Entamoeba histolytica* (*E. histolytica*), en latinoamérica se ha reportado un porcentaje de infección por este parásito del 13.8% principalmente en países como México, Brasil, Nicaragua y Ecuador. El tratamiento de elección es el metronidazol sin embargo produce efectos secundarios como náuseas, pérdida de apetito y dolor abdominal entre otros. Debido a esto es importante encontrar tratamientos alternativos que no produzcan efectos secundarios. Un compuesto prometedor es la artemisinina, la cual presenta una potente actividad antiparasitaria. El mecanismo de acción de la artemisinina se basa en la activación del grupo endoperóxido en presencia de hierro, lo que genera especies reactivas de oxígeno (ROS) capaces de provocar daño oxidativo a nivel celular. La artemisinina se proyecta como un candidato terapéutico prometedor en la lucha contra diversas enfermedades. El efecto amebicida de la artemisinina no ha sido explorado contra *E. histolytica* por lo que el objetivo del presente trabajo fue determinar la viabilidad de *E. histolytica* incubada con artemisinina. Además las amibas fueron incubadas con el fármaco de referencia metronidazol o con el vehículo dimetilsulfóxido (DMSO). Se determinó la IC₅₀ del compuesto. Nuestros resultados mostraron una reducción significativa de la viabilidad amibiana en trofozoítos incubados por 48 h con artemisinina a concentraciones 200, 400, 600, 800, 1000, 1200 μM donde se redujo la viabilidad a partir de 400 μM a 85.47 %, con 600 μM la viabilidad fue de 74.83%, con 800 μM la viabilidad fue de 69.23%, a 1000 μM la viabilidad fue de 53.84% y finalmente a una concentración de 1200 μM la viabilidad fue de 27.77 %. La IC₅₀ de la artemisinina fue de 501.2 μM . Nuestros resultados muestran que la artemisinina presenta una actividad amebicida contra *E. histolytica*.

Keywords: *E. histolytica*, Artemisinina, Efecto amebicida, Metronidazol, IC₅₀

Financing: Trabajo apoyado por SAPPI IPN Proyecto Transdisciplinario: 2341 20250870, 20250872, 20250786, 20250834



Influencia de la temperatura de almacenamiento del jamón en la sobrevivencia gastrointestinal in vitro de *Listeria monocytogenes*

Maribel Jimenez-Edeza¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Culiacán, Sinaloa, México

Introducción: *Listeria monocytogenes* es un patógeno de transmisión alimentaria, cuyo éxito de infección requiere sobrepasar la barrera gastrointestinal. El jamón se ha identificado como un vehículo de transmisión y las prácticas de almacenamiento pueden modular su proliferación. **Objetivo:** Este estudio evaluó el efecto de la temperatura (5, 10 y 25 °C) de almacenamiento del jamón sobre la viabilidad de *L. monocytogenes* en una simulación gastrointestinal in vitro. **Materiales y Métodos:** Muestras de jamón se inocularon con *L. monocytogenes* (ATCC 7644 y cepa ID95) y se almacenaron a 5, 10 y 25 °C durante 16 días. Para cada condición de temperatura (25, 10 y 5 ± 1 °C) y tiempo (0, 2, 4, 8 y 16 días), se tomaron muestras de 1 g y se sometieron a las soluciones gástricas (1 h a 37 °C) e intestinal (2 h a 37 °C). La enumeración (Log UFC/mL) de la bacteria se realizó en agar selectivo MOX. **Resultados:** Las condiciones gastrointestinales limitan el crecimiento de *L. monocytogenes* según la condición de almacenamiento del jamón ($P \leq 0.05$); el abuso de la temperatura (10 y 25 °C) y el tiempo (8 y 16 días) promueven células más resistentes a esta exposición. **Conclusiones:** El jamón ofrece una matriz de crecimiento para *L. monocytogenes* cuyas malas prácticas de almacenamiento incrementan el riesgo de promover su crecimiento, y en consecuencia asegurar su paso por el tracto gastrointestinal.

Keywords: Patógeno, Virulencia, Estrés, Refrigeración

Financing: No aplica

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico (LIDiM) de la Universidad Autónoma de Sinaloa.



Detección y caracterización de profagos en la cepa probiótica *Weissella viridescens* UCO SMC3

Víctor Fuentes-Barrera¹, Silvia Contreras-Quintana¹, Joaquín Olivares-Muñoz¹, Francisco Fuentes-Villalobos¹, Apolinaria García-Cancino¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario, Concepción, Chile

Los bacteriófagos son virus que infectan bacterias, Son reconocidos como un importante contribuyente en la variación y diversidad genética bacteriana.

Los profagos (fagos en estado lisogénico) Son frecuentes en bacterias, implica la integración del genoma del fago al cromosoma bacteriano en puntos de inserción bien definidos, participan en fenómenos de transducción y pueden conferir fenotipos que otorgan una ventaja competitiva a su hospedador. El objetivo de este estudio fue caracterizar los profagos de la cepa probiótica *Weissella viridescens* UCO-SMC3, aislada de baba de caracol, que posee mecanismos beneficiosos para la piel.

Utilizando la herramienta PHASTEST, se analizó cada contig del draft del genoma completo de la cepa UCO-SMC3, para detectar posibles secuencias candidatas a profagos. También se indujo la liberación de fagos desde la cepa UCO-SMC3 mediante el uso de Mitomicina C, exponiendo cultivos en caldo MRS al inicio de la etapa de crecimiento exponencial ($DO_{600} = 0,2$) entre 20 y 1200 segundos, para luego cultivarse durante 8 horas a 37°C con agitación (150 rpm) en tubos falcon protegidos de la luz. Los cultivos se centrifugaron a 500 x g durante 12 minutos, se filtraron los sobrenadantes con un filtro de poro de 0,22 μm . Se realizaron curvas de crecimiento a 600 nm por densidad óptica en un lector de microplacas Infinite M200 PRO (Tecan Trading Ag, Suiza) de Manera puntual cada dos horas, y de forma paralela utilizando una microplaca de 24 pocillos durante 24 horas.

Los resultados muestran que de los 19 contigs analizados con PHASTEST, uno posee un profago intacto. También se observó una disminución considerable en la velocidad de crecimiento proporcional al tiempo de exposición a Mitomicina C.

En conclusión, el análisis bioinformático arroja que la cepa UCO-SMC3 contiene al menos un profago intacto en su genoma, y el uso de Mitomicina C, podría generar la inducción de este profago.

Keywords: profagos, bacteriofago, probiotico, contig, weissella

Financing: Doctorado Biotecnología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción, Cod. 4224.



Insights into Fecal Microbiota of Urban Birds as a Biological Indicator of Ecosystem Health in Cities

Karen Lorena Rodriguez¹, Arlen P Gomez¹, Dasiel Obregon Alvarez², Camilo Suarez Suarez¹, Carlos Moncada³, Diego E Gomez⁴

(1) Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia,, Av Cra 30 #45-3, Bogotá, Colombia

(2) University of Guelph, Guelph, School of Environmental Sciences, 50 Stone Rd E, Guelph, ON N1G 2W1, Ontario, Canada

(3) Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ingeniería,, Bogotá, Colombia

(4) University of Guelph, Department of Pathobiology, Ontario Veterinary College, 50 Stone Rd E, Guelph, ON N1G 2W1, Ontario, Canada

Urbanization and environmental degradation threaten ecosystem health, impacting biodiversity, species behavior, and associated microbial communities. Avian species, particularly wild birds, are bioindicators of these ecological changes, with their fecal microbiota analysis providing insights into the effects of anthropogenic stressors and dietary shifts. This study aimed to characterize the fecal microbiota of birds along a central road corridor in Bogotá (Colombia), a high-altitude megacity, faces rapid urbanization impacting its biodiversity. Thirty sampling points were established across three sections, where bird species were identified, and individual counts were conducted. Fecal samples were also collected to determine the microbiota using Illumina sequencing. A total of 62 bird species were identified, including migratory and non-native species, with urban-adapted birds dominating. Species richness was highest near the Eastern Hills, while residential areas had lower diversity. While alpha diversity showed no significant differences among sections, beta diversity revealed distinct microbial compositions, with section 2 exhibiting the highest heterogeneity. *Escherichia-Shigella* was the most abundant genus across all sections, while each section exhibited unique bacterial signatures. Notably, *Mycoplasma* had an association with *Escherichia-Shigella*, suggesting microbial interactions with a pathogenic potential. Avian diversity and fecal microbiota may provide insights into ecosystem health, reflecting anthropogenic disturbances in urban and peri-urban environments. The decline of certain bird species in boundary zones signals ecosystem fragmentation, while the presence of bacteria linked to human activity suggests contamination and potential antimicrobial resistance. These findings emphasize the relevance of conservation strategies, such as urban green corridors, and further research on the microbiome's role in avian adaptation and ecosystem resilience.

Keywords: Avifauna, Bacteria, Housing development, Species diversity, Vegetation maintenance

Financing: This research was funded by the Fondo de Ciencia y Tecnología e Innovación of the Sistema General de Regalías (BPIN2021000100275).

Acknowledgments: We sincerely thank the Fondo de Ciencia y Tecnología e Innovación of the Sistema General de Regalías for their support of project BPIN2021000100275, which contributed to advancing tools for sustainable, accessible, and habitable urban environments in Bogotá.



Caracterización Genética de resistencia en cepas de *Shigella* spp. aislados de muestras clínicas en Paraguay

Amiliana Pineda¹, Mercedes Alvarez¹, Verónica Orrego¹, Flavia Ortiz¹, Natalie Weiler¹

(1) Laboratorio Central de Salud Pública - Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Asuncion, Paraguay

Introducción

La shigelosis es un problema de salud pública asociado a alta morbilidad y mortalidad, especialmente en niños menores de cinco años. La resistencia a los antimicrobianos (RAM) en *Shigella* se ve acelerada por el uso inadecuado de antibióticos y la falta de higiene. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar aislamientos de *Shigella* mediante secuenciación del genoma completo.

Metodología

Se secuenciaron 30 cepas de *Shigella* spp. con mecanismos de resistencia, utilizando la plataforma Illumina MiSeq. Las lecturas fueron filtradas y clasificadas con Kraken 2. La tipificación MLST se realizó con ARIBA y la base de datos PubMLST, analizando 7 genes claves. Los mecanismos de resistencia antimicrobiana (RAM) se identificaron con ResFinder y PointFinder, mediante ARIBA y Staramr, con umbral de identidad del 95% y cobertura mínima del 80%. AMRFinder complementó el análisis.

Resultados

El análisis MLST en *Shigella sonnei* reveló el predominio de ST152 y en *Shigella flexneri* ST245.

Los datos obtenidos indican que *S. sonnei* mostró mayor diversidad de genes de resistencia, destacando *aph(6)-Id_1* (100%), *sul2_2* (95%), *aph(3'')-Ib_5* (85%) y *tet(A)_6* (70%), indicando resistencia a aminoglucósidos, sulfamidas y tetraciclinas. Este perfil podría estar relacionado con el uso extendido de estos antibióticos en infecciones entéricas. Por otro lado, *S. flexneri* exhibe un perfil de resistencia más limitado, siendo más frecuente la presencia de genes como *mdf(A)_1* (100%), *blaOXA-1_1* (90%) y *catA1_1* (90%), lo que indica una fuerte resistencia a fenicoles y betalactámicos. La elevada presencia del gen *blaOXA-1_1* en *S. flexneri* podría comprometer la eficacia de ciertos antibióticos β -lactámicos, como la ampicilina o las cefalosporinas de espectro reducido, en el tratamiento de infecciones causadas por esta especie.

Conclusiones

Este estudio evidenció diferencias significativas en la resistencia de *S. sonnei* y *S. flexneri*, con mayor diversidad en *S. sonnei*. La tipificación MLST identificó los serotipos predominantes. La incorporación de WGS en la vigilancia epidemiológica facilitaría la identificación de cepas resistentes y la detección temprana de variantes, contribuyendo a un mejor control de la resistencia antimicrobiana.

Keywords: Shigelosis, Resistencia antimicrobiana, MLST, Secuenciación genómica



Characterization of genetic diversity of *Plasmodium* spp in Dominican Republic.

Claudia Cabrera Federo^{1,2,3}, Francisco Cuevas³, Ana Margarida Gonçalves^{1,2}, Bruno Freitas^{1,2}, Isaac Miguel³, Vitoria Baptista^{1,2}, Ana Santos Pereira^{1,2}, Akemi Tabata³, Nuno S. Osório^{1,2}, Modesto Cruz³, Maria Isabel Veiga^{1,2}

(1) Life and Health Sciences Research Institute (ICVS), School of Medicine, University of Minho, Braga, Portugal;

(2) ICVS/3B's - PT Government Associate Laboratory, Braga, Guimarães, Portugal.

(3) Institute of Microbiology and Parasitology, Faculty of Science, Autonomous University of Santo Domingo, Santo Domingo, Dominican Republic

The Dominican Republic (DR), a participant in the WHO E2025 initiative for malaria elimination, continues to face major challenges in disrupting *Plasmodium falciparum* transmission. Accurate case detection remains central to elimination efforts, yet current tools may miss submicroscopic infections and those caused by genetically altered parasites.

To evaluate diagnostic performance and inform national surveillance strategies, we analyzed 1600 suspected malaria cases using Rapid Diagnostic Tests (RDTs) and microscopy. DNA was successfully extracted from 1166 used RDTs, and RT-PCR was employed to detect *P. falciparum* among 1105 RDT- negative samples. Of these, 1.6% tested positive by RT-PCR, revealing a hidden reservoir of low-density infections undetected by routine diagnostics. All RT-PCR-positive samples were analyzed for *pfhrp2* gene deletions, with 28% showing loss of the gene encoding histidine-rich protein 2—the antigen targeted by most RDTs used in the country—thereby compromising diagnostic sensitivity and exposing a critical weakness in the surveillance system. To complement the parasitological data and explore host genetic susceptibility to *P. vivax*, we performed genotyping of the rs2814778 mutation in a sample pool of 998 individuals using real-time PCR to identify Duffy blood group status. Results showed that 59% of the population were Duffy-negative.

Together, these findings highlight the urgent need to integrate molecular diagnostics and host genetic screening into routine malaria surveillance. Doing so will enable detection of subpatent infections, identify diagnostic-evading parasites, and account for population-level resistance factors. Strengthening these systems will be essential to close surveillance gaps, adapt diagnostic strategies, and support sustainable malaria elimination in the Dominican Republic.

Keywords: Malaria Surveillance, *pfhrp2* deletion, Rapid Diagnostic Test, Duffy blood group, Dominican Republic.

Financing: Funding: National Fund for Innovation and Development of Science and Technology, FONDOCyT, from the Ministry of Higher Education, Science and Technology of the Dominican Republic, MESCYT (2018-2019-2A5-252 M.C.;2013-



2A2-002;409-P01-2018 M.C.). Portuguese Foundation for Science and Technology, FCT(UIDB/50026/2020,UIDP/50026/2020), and contract to MIV_2023.06477.CEECIND

Acknowledgments: We thank to the healthcare professionals, field workers, and laboratory technicians who assisted in sample collection, processing, and data recording at the participating clinics across the Dominican Republic. Their dedication and efforts were fundamental to the execution of this research.



Caracterización in silico y evaluación bactericida de endolisinas proveniente de bacteriófagos contra fitopatógenos de importancia económica: *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* y *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis*

Belén Díaz¹, Melissa Alegría³, Alan Zamorano², Nicola Fiore², Carolina Ilabaca¹, Camila Gamboa², Carlos Blondel⁴, Gastón Higuera¹

(1) Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, B-Visa, Avenida El Líbano 5524 7810712, Macul, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Laboratorio Virología y Bacteriología Vegetal, Facultad Ciencias Agronómicas, Av. Santa Rosa 11315, La Pintana, Santiago, Chile

(3) Universidad de las Américas, Núcleo Data Science, Facultad de Ingeniería y Negocios, Avenida Walker Martínez 1360, Santiago, Santiago, Chile

(4) Universidad Andrés Bello, Laboratorio Biología de Infección, Instituto de Ciencias Biomédicas, Echaurren 183, Santiago., Santiago, Chile

Xanthomonas arboricola pv. *juglandis* (Xaj) y *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* (Pss) son bacterias fitopatógenas de alta relevancia económica, causantes de la peste negra del nogal y el cáncer bacteriano del cerezo, respectivamente. Estas enfermedades reducen significativamente la calidad y el rendimiento de sus producciones. Actualmente, el manejo de estas patologías depende en gran medida del uso de agroquímicos cúpricos y antibióticos; sin embargo, su uso prolongado ha favorecido la selección de cepas bacterianas resistentes, lo que limita la eficacia de estos tratamientos.

Frente a este escenario, los bacteriófagos —virus que infectan específicamente bacterias— surgen como una alternativa. Durante su ciclo lítico, producen enzimas llamadas endolisinas, que degradan el peptidoglicano de la pared celular bacteriana para liberar nuevas partículas virales. Estas enzimas, cuando se aplican de forma exógena, han demostrado un alto potencial como agentes antimicrobianos, sin inducir resistencia. Por esta razón, este trabajo tuvo como objetivo obtener dos endolisinas pertenecientes a diferentes familias hidrolíticas que presentaron actividad lítica en Pss y Xaj.

A partir del análisis genómico de fagos específicos, se identificaron los genes codificantes, se modelaron sus estructuras proteicas y luego se clonaron, expresaron y purificaron en un sistema bacteriano. De entre todas las candidatas se seleccionaron dos enzimas: una N-acetilmuramidasa, que rompe enlaces glicosídicos del peptidoglicano, y una amidasa, que escinde enlaces amida entre el ácido N-acetilmurámico y los péptidos de la pared. Las pruebas in vitro demostraron que ambas enzimas reducen en un 99,9% la viabilidad de estas bacterias fitopatógenas.

Keywords: Endolisinas, Antimicrobiano, bacterias fitopatógenas, Enzimas líticas

Financing: Proyecto VIU24P0065 financiado por la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) de Chile



CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE FACTORES DE VIRULENCIA EN AISLAMIENTOS DE ESCHERICHIA COLI UROPATÓGENA (UPEC) EN PACIENTES GERIÁTRICOS EN HONDURAS

Gustavo Fontecha¹, Bryan Ortiz¹, Fernando Perez¹, Josselith Castañeda¹, Katheryn Aguilar¹, Gladis Vásquez¹, Manuel G. Ballesteros², Anabelly David³

(1) Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Instituto de Investigaciones en Microbiología, Facultad de Ciencias, Boulevard Suyapa,, Tegucigalpa, Honduras

(2) Universidad de Sonora, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas y Agropecuarias, Avenida K SN, Eleazar Ortiz, 83600, Heroica Caborca, Sonora, Mexico

(3) Laboratorio Clínico Lagos David, Barrio el centro, El paraíso, Honduras

Escherichia coli uropatógena (UPEC) es el principal agente causal de infecciones del tracto urinario (ITU), posee una amplia variedad de factores de virulencia que son los responsables de la gravedad de estas infecciones. UPEC difiere de otros patotipos de *E. coli*, por no posee un perfil de virulencia específico, pero su perfil de virulencia se asociado principalmente con características como adherencia, motilidad, captura de hierro y toxigenicidad. En ese contexto, el objetivo de este estudio fue evaluar a nivel molecular, 17 genes asociados a virulencia en UPEC, en pacientes geriátricos. Se analizaron 55 aislamientos, los cuales fueron identificados a nivel molecular mediante la amplificación del gen *ybbW* que es altamente específico para *E. coli*. En cuanto a los genes asociados a factores de virulencia estos se identificaron mediante PCR multiplex. La prevalencia de los genes se agruparon de acuerdo con la función que cumplen en la patogenia, los resultados fueron los siguientes: genes asociados a adherencia *fimH* 100% (n=55), *sfaD/focC* 7.3% (n=4), *papG-II* 47.3% (n=26), *papC* 43.6% (n=24), genes asociados a la motilidad y toxigenicidad, *fliCD* 36.4% (n=20), *sat* 45.5% (n=25), genes asociados a la evasión inmunitaria y toxigenicidad: *kpsM* 41.8% (n=23), *hlyA* 70.9% (n=39), *traT* 63.6% (n=35), *agn43* 70.9% (n=39), *vat* 12.7% (n=7), *cnf-1* 21.8% (n=12), genes asociados a la captación de hierro *fyuA* 85.5% (n=47), *iucD* 76.4% (n=42), *iutA* 40% (n=22), *feoB* 100% (n=55), *iha* 54.5% (n=30). Se observó una alta frecuencia de genes asociados adherencia, captación de hierro y evasión del sistema inmunológico, resalta la alta frecuencia del gen *hlyA* que se asocia al desarrollo de pielonefritis. Este estudio mejora la comprensión del perfil de virulencia de las cepas de UPEC en pacientes geriátricos de Honduras, permitiendo explorar nuevas estrategias para su manejo.

Keywords: *E. coli* uropatógena Virulencia Caracterización Molecular Pacientes geriátricos Honduras



Combinar fagos y estrategias de ARN antisentido en la lucha contra bacterias resistentes a antibióticos.

Francisco Merchan Ignacio¹, Ana Serna-Gallego², Alba Lara-Moreno¹, Yolanda Cejudo¹, Rocío Montero-Vallejo³

(1) Universidad de Sevilla, Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Calle profesor García Gonzalez nº2, Sevilla, España

(2) Universidad Loyola, Departamento de Microbiología, Avda. de las Universidades, 2, Dos Hermanas, Sevilla

(3) Duponte Investigación y Desarrollo, S.L., I+D+i, Calle Leonardo da Vinci, 18, Sevilla, España

La aparición y propagación de genes de resistencia a antimicrobianos (RAM) entre patógenos bacterianos es un problema a nivel mundial. La RAM no sólo afecta a la salud humana, sino que se considera un problema mayor que afecta también al medioambiente y a la economía. Instituciones de todo el mundo como la OMS han lanzado programas de concienciación sobre este problema e incentivación de la investigación para hacerle frente.

En el proyecto DIPHASER se están desarrollando nuevos agentes antibacterianos para hacer frente a un conjunto de microorganismos multirresistentes a antibióticos mediante dos abordajes complementarios: creación de una amplia colección de fagos bien caracterizados con una elevada actividad antimicrobiana y generación de fagos que sean vectores de ARN antisentido dirigidos a desactivar la resistencia microbiana a los antibióticos. Se han recopilado 20 cepas multirresistentes procedentes de centros hospitalarios de las diferentes especies del grupo ESKAPE. Mediante su secuenciación disponemos de la información genética de las mismas y especialmente de aquellos genes implicados en la resistencia a antimicrobianos. El análisis de estos genes permitirá seleccionar aquellas secuencias a utilizar en una estrategia antisentido de desactivación de los mismos. Por otro lado, utilizando las cepas indicadas se están aislando fagos activos frente a las mismas. Mediante la exposición de las cepas a sus respectivos fagos se estudian los procesos de aparición de resistencias de las primeras frente a los segundos. En los próximos meses se procederá a la resecuenciación de las cepas bacterianas para identificar aquellas mutaciones más frecuentemente implicadas en la adquisición de resistencia a los fagos.

Se está realizando una evolución dirigida de los fagos para disponer de generaciones de los mismos que puedan hacer frente a las bacterias de una cepa que puedan mutar y escapar a la primera generación de los fagos aplicados.

En este proyecto colaboran tres entidades: la empresa Duponte Investigación y Desarrollo S.L., la Universidad de Sevilla y la Universidad Loyola.

Keywords: RAM, antisentido RNA, modificación genética, fagos

Financing: Plan Estatal de Investigación Científica y Técnica y de Innovación 2024-2027. Programa Estatal de Transferencia y Colaboración



Virulence, resistance genes, and survival under different stress conditions of *Campylobacter jejuni* strains isolated over 29 years in Brazil

Giovana do Nascimento Pereira¹, Carolina Nogueira Gomes¹, Andrei Giacchetto Felice², Siomar de Castro Soares², Sheila da Silva Duque³, Marc William Allard⁴, Kelli Hiett⁴, Juliana Pfrimer Falcão¹

(1) University of São Paulo, Department of Clinical Analyses, Toxicology and Food Science, School of Pharmaceutical Sciences of Ribeirão Preto, Avenida Professor Doutor Zeferino Vaz, s/n, Vila Monte Alegre, Ribeirão Preto, Brazil

(2) Federal University of Triângulo Mineiro, Department of Microbiology, Immunology, and Parasitology, Institute of Health Sciences, Avenida Frei Paulino, 30, Bairro Abadia, Uberaba, Brazil

(3) Oswaldo Cruz Foundation, Avenida Brasil, 4365, Manguinhos, Rio de Janeiro, Brazil

(4) Food and Drug Administration, U.S. Food and Drug Administration (FDA), 8301 Muirkirk Road, Laurel, United States

Campylobacteriosis is one of the leading causes of diarrheal diseases in many countries, with *Campylobacter jejuni* responsible for approximately 90% of human infections, primarily transmitted through poultry. Studies on *C. jejuni* in Brazil are limited due to the lack of a surveillance program for reporting infections, leading to infrequent isolation of this pathogen. This gap in data hinders the assessment of the pathogen's significance in the country. This study aimed to investigate the prevalence of virulence genes in *C. jejuni* strains and to analyze the effects of freeze-thaw, pasteurization process, and peracetic acid exposure on their survival. A total of 136 *C. jejuni* strains, isolated from humans (n=48), animals (n=48), and food (n=40) in Brazil between 1996 and 2023, were screened for virulence and resistance genes using ABRicate v0.8. For phenotypic testing, 60 *C. jejuni* strains were selected based on their genotypic diversity. These strains were subjected to a freeze-thaw process (-20°C for 3 and 7 days), a simulated pasteurization process (72°C for 30 s, followed by 4°C for 15 s), and exposure to peracetic acid (PAA, 50–375 ppm). Cell viability was assessed through serial dilution and plating on Mueller-Hinton agar supplemented with 5% sheep blood. Genomic analysis identified 124 virulence genes associated with colonization, adhesion, motility, invasion, toxin production, chemotaxis, and metabolism. Additionally, 25 resistance genes were detected, conferring resistance to aminoglycosides, β -lactams, cephalosporins, macrolides, fluoroquinolones, streptothricin, and tetracyclines. All strains survived to freeze-thaw process, with survival rates ranging from 50% to 87.5%. Eighteen strains (30%) survived the pasteurization process, with survival rates between 37.5% and 75%. PAA exposure eliminated 41.7% of strains at 190 ppm and 100% at 375 ppm. These findings highlighted *C. jejuni*'s remarkable adaptability to environmental stresses and its potential persistence in the food chain, posing a significant public health risk. Strengthened surveillance and stricter control measures are essential to mitigate the transmission of this pathogen through food products.

Keywords: Whole genome sequencing, Virulence and resistance genes, Pasteurization process, Freeze-thaw process, Peracetic acid exposure

Financing: CAPES and FAPESP



Prospección de la flora ribereña del río Yí de Uruguay en busca de fungicidas botánicos

Maria Umpiérrez¹, Braian Pereira¹, Agustina Etchissure¹, Martina Barros¹, Francisco Russi¹, Gimena Melogno¹, Lucas de los Campos¹

(1) Universidad Tecnológica UTEC, ITRCS, GASMA-IAGRO, Maciel s/n, Durazno, Uruguay

El uso intensivo de plaguicidas sintéticos convencionales ha generado impactos negativos significativos en los ecosistemas y en la salud humana, como la toxicidad en mamíferos y organismos benéficos, la contaminación de suelos y aguas, y el desarrollo de resistencia en plagas. Ante estos desafíos, existe una creciente tendencia mundial hacia el desarrollo de nuevas estrategias de control de plagas y enfermedades en los cultivos agrícolas. Los plaguicidas de origen botánico, como aceites esenciales y extractos vegetales, se consideran una alternativa sostenible y amigable con el medioambiente, siendo especialmente adecuados para sistemas de manejo integrado, producciones orgánicas y agroecológicas.

Este trabajo continúa con la investigación sobre la flora nativa y especies invasoras de Uruguay, en particular en el ecosistema del bosque ribereño del río Yí en Durazno, con el objetivo de identificar productos bioactivos con actividad antifúngica. El estudio se centró en la bioprospección de *Blepharocalyx salicifolius* (arrayán) y especies leñosas invasoras como *Acacia negra* (*Gleditsia triacanthos*) y *Ligustro* (*Ligustrum lucidum*), evaluando la actividad antifúngica mediante ensayos de envenenamiento del medio de cultivo PDA. Los resultados preliminares indicaron que los extractos etanólicos del arrayán lograron inhibir el crecimiento del hongo en un 70% a la concentración más alta, mientras que el agua de decocción alcanzó hasta un 87% de inhibición. Los extractos de especies invasoras también resultaron promisorios, aunque los resultados están en proceso de análisis.

Estos hallazgos refuerzan la relevancia de las plantas nativas y exóticas invasoras como fuentes de compuestos bioactivos para el control de plagas y enfermedades, contribuyendo a la transición hacia un modelo agrícola más ecológico y sostenible en Uruguay.

Keywords: bioinsumos, plaguicidas botánicos

Financing: Becas de iniciación a la investigación UTEC



Validación de Métodos de Monitoreo Activo y Pasivo para la Evaluación Microbiológica de Ambientes y Sistemas de Aire Comprimido.

Paula Piedra¹

(1) SEM Sociedad Ecuatoriana de Microbiología, Microbiología, Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador

Proyecto que busca validar la eficiencia de los métodos de monitoreo ambiental activo y pasivo para la detección de microorganismos viables en ambientes controlados, de acuerdo con la norma ISO 17141: 2020, utilizando como modelos de eficiencia de recolección biológica a *S. cerevisiae* ATCC 14990, *S. epidermidis* ATCC 14990 y de eficiencia de recolección física a *B. atrophaeus* ATCC 9372, con el fin de verificar la capacidad de los métodos para recuperar microorganismos en condiciones controladas evaluando así la veracidad en una primera etapa y en una segunda la confiabilidad, reproducibilidad y robustez de los mismos, estableciendo niveles de contaminación en una área de prueba no controlada en 5 niveles, según el grado de contaminación, de menor a mayor (monitoreo activo) y en tres niveles (monitoreo pasivo), con el fin de obtener rangos de crecimiento según cada nivel, todo esto en dos etapas. La veracidad se evaluará en área específica contaminada artificialmente (ambiente controlado, 10 replicas por microorganismo por técnica, contaminado con 2,5 ml toda el área, ufc esperadas 25) y para Precisión intermedia y Repetibilidad (establecer varios niveles de contaminación con el fin de trabajar varios rangos, aquí se realizarán igual 10 replicas por nivel y por técnica, por microorganismo, para aerobios agar tsa y para mohos y levaduras agar sabouraud, 2 días diferentes y 2 analistas diferentes, en total veinte réplicas para el monitoreo activo, en el monitoreo pasivo se tomarán en cuenta dos tiempos de exposición 15 minutos y cuatro horas, considerando veinte replicas diez por cada tiempo, por día, en total 40 replicas por cada agar en dos tiempos de exposición (20 para 15 mn en tsa y 20 en sabouraud y 20 para 4 horas en tsa y 20 para 4 h en sabouraud). Los criterios de aceptación son repetibilidad: coeficiente de variación menor al 30%, precisión intermedia: ANOVA $p > 0.05$ (sin diferencias significativas) en las replicas el monitoreo pasivo individualmente e igual del activo individualmente, criterio de recuperación Veracidad (Eficiencia de recolección biológica) $\pm 50\%$ y Veracidad (Eficiencia de recolección física) $d_{50} < 2 \mu\text{m}$.

Keywords: Monitoreo ambiental, Equipo mas cien

Financing: Proyecto auspiciado en su totalidad por Seidlaboratory, empresa en la que actualmente trabajo y desarrollo el proyecto de validación en mención con el fin de ampliar el alcance de acreditación con SAE y A2LA.

Acknowledgments: A mi hermoso equipo de trabajo que día a día da lo mejor de si para cumplir los objetivos de nuestra prestigiosa empresa.



Resistencia a Colistina en Cepas de *Escherichia coli* Multirresistentes Aisladas de Heces de Portadores Asintomáticos

Daniela María Gradillas-Valdez¹, María del Carmen García-Moraga¹, Julio César Lopez-Romero¹, Patricia Lozano-Zaraín², Jesús Ortega-García¹, Yessica Enciso-Martínez¹, Edwin Barrios Villa¹

(1) Universidad de Sonora, Departamento de Ciencias Químico Biológicas y Agropecuarias, Facultad Interdisciplinaria de Ciencias Biológicas y de Salud, Av. Universidad e Irigoyen, S/N, CP83621, H. Caborca, Sonora, México

(2) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias, Av. San Claudio S/N, col. San Manuel, Puebla, Puebla, México

Introducción

El incremento de cepas multirresistentes a conducido a la búsqueda de alternativas terapéuticas como la colistina (o polimixina E), antibiótico de último recurso contra bacterias Gram negativas. Aunque su uso es limitado, se han reportado cepas resistentes. Los mecanismos de resistencia a colistina pueden ser por determinantes cromosómicos, que causan modificaciones en la membrana de la bacteria o codifican para bombas de expulsión y genes plasmídicos mcr.

Materiales y Métodos

En este estudio, se obtuvieron 21 cepas resistentes a colistina de 153 cepas de *E. coli* aisladas de heces de portadores asintomáticos del cepario del departamento de Ciencias Químico Biológicas y Agropecuarias de la UNISON. A estas cepas se les determinó el resistotipo por dilución en agar siguiendo los lineamientos del CLSI. Se extrajo ADN por ebullición a partir de medio LB con 3 µg/mL de colistina. Se realizaron PCR para identificación molecular, grupo filogenético, ERIC-PCR, genes de resistencia a quinolonas y betalactámicos, bomba de expulsión emrAB y genes mcr-1 al mcr-5. Se evaluó el efecto de las bombas de expulsión determinando CMI a colistina con y sin inhibidor de bombas (NMP) (100 µg/mL) y por difusión de disco en placas.

Resultados y Discusión

Las 21 cepas presentaron resistencia a betalactámicos, nitrofurantoína y ácido nalidíxico. El 95% fue resistente a fosfomicina, 81% a gentamicina, 62% a tetraciclina, 57% a trimetoprim-sulfametoxazol, 52% a cirpofloxacino y 29% a cloranfenicol. Las cepas se agruparon filogenéticamente en 4 clados principales y la mayoría pertenecen a los filogrupos B1 y B2. El 52% fue portadora del gen blaTEM y el 33% del gen blaSHV. Se encontró el gen oqxA en el 43%, los genes oqxB y qepA en el 24% y los genes aac(6')-Ib-cr y qnrB en el 5%. No se encontraron genes plasmídicos de resistencia a colistina, pero se identificó el operón emrAB en el 67% de las cepas. El 90% de las cepas redujo su resistencia ante el inhibidor.

Conclusiones

El porcentaje de resistencia a colistina es de consideración y hay altos niveles de



multidrogoresistencia por genes movilizables. La resistencia a colistina en estas cepas está mayormente mediada por bombas de expulsión sin descartar mutaciones cromosómicas.

Keywords: Colistina, Multidrogoresistencia, E. coli

Financing: 1. Departamento de Ciencias Químico Biológicas y Agropecuarias 2. Club Rotario de Caborca



Novel Peptides Enabling Uptake of Filamentous M13 Phages by Alveolar Epithelial Cells

Claudia Paola Campillay Véliz¹, Fátima Reyes¹, Frank Camacho¹, Jannel Acosta³, Oliberto Sánchez^{1,2}

(1) University of Concepción, Department of Pharmacology, School of Biological Sciences, Concepción, Chile

(2) Centro de Biotecnología y Biomedicina Spa., Concepción, Chile

(3) University of Concepción, Department of Pathophysiology, School of Biological Sciences, Concepción, Chile

The intracellular delivery of therapeutic agents remains a significant challenge, with cell-penetrating peptides (CPPs) offering a promising strategy due to their ability to traverse cellular membranes independently of receptor-mediated mechanisms. In this study, we constructed a diverse peptide library displayed on filamentous M13 bacteriophages and conducted in vivo biopanning in murine lung tissue to identify peptides that facilitate phage internalization. Sixty unique peptide-presenting phages were isolated, and subsequent in-cell ELISA screening identified five candidates (A5R, B12R, B11R, C1R, and C10R) with enhanced uptake. Immunofluorescence microscopy in A549 alveolar epithelial cells confirmed the intracellular localization of these phage-peptide complexes. These peptides represent innovative molecular tools for the development of targeted delivery systems for alveolar epithelium, offering potential for advancing therapeutic strategies in respiratory disease treatment.

Keywords: Cell-penetrating peptides, M13 bacteriophage, Alveolar epithelial cells, Phage display, Biopanning in vivo

Financing: National Agency of Research, ANID, Chile through National Doctoral Scholarship No. 21221600; PhD Program in Molecular Biotechnology, Faculty of Biological Sciences, University of Concepción; and, Centro de Biotecnología y Biomedicina Spa.



Genomic Basis and Functional Characterization of the Exopolysaccharide Production by a Thermotolerant *Bacillus* isolated from Tolhuaca hot spring

Cynthia Abigail Meza Muñoz¹, Benjamin Sepulveda², Nicolás Flores-Castañón³, Francisca Valenzuela³, Catherine Ormeño⁴, Alexis Castillo⁵, Alex Echeverría-Vega⁵, Sura Jasem Mohammed Breig⁶, Alex Gonzalez^{7,8}, Bárbara Mora-Lagos⁹, Aparna Banerjee⁴

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

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

(3) Universidad Autónoma de Chile, Doctorado en Ciencias Biomédicas, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Talca, Chile

(4) Universidad Autónoma de Chile, Functional Polysaccharides Research Group, Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Talca, Chile

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

(6) Al-Rasheed University College, Biology Department, Baghdad, Iraq

(7) Universidad de Los Lagos, Laboratorio de Microbiología Ambiental y Extremófilos, Departamento de Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Osorno, Chile

(8) Universidad de los Lagos, Programa de Investigación en Biomedicina y Biotecnología en Salud, Departamento de Salud, Osorno, Chile

(9) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Temuco, Chile

Bacillus licheniformis Toll, a thermotolerant bacterial strain isolated from the Tolhuaca hot spring in Chile, was investigated for its genomic features and the functional properties of its exopolysaccharide (EPS). The whole-genome sequencing revealed ~4.25 Mbp genome with a GC content of 45.9% and a rich repertoire of genes associated with environmental stress adaptation, antibiotic resistance, sporulation, biofilm formation, and EPS biosynthesis, including the presence of *epsD* and *epsC*. The strain also harbored intact prophage elements and a Type I-A CRISPR-Cas system, indicating potential horizontal gene transfer and genome plasticity. Confocal microscopy revealed robust biofilm formation at 45–55 °C under neutral to slightly alkaline pH, with strong EPS matrix development. EPS production was optimized using OFAT and Response Surface Methodology (RSM), achieving a yield of 2.11 g L⁻¹ under optimized conditions, which was further validated using an Artificial Neural Network (ANN) model ($R^2 = 0.9909$). The EPS exhibited promising antioxidant activity and significant emulsification potential across various vegetable oils, which were comparable or superior to commercial bacterial EPS xanthan gum. Notably, the EPS also showed cytotoxic effects against AGS gastric adenocarcinoma cells, reducing viability by 38.38% and 37% at 50–100 µg µL⁻¹ concentrations, respectively, suggesting potential anticancer activity. Altogether, the study highlights *B. licheniformis* Toll as a multifunctional thermophile with valuable biotechnological potential, particularly for applications in food, pharmaceutical, and biomedical industries.



Keywords: Bacillus, Exopolysaccharide, Anticancer activity, Emulsifying activity, Genomics

Financing: FONDECYT Regular, Grant Number 1231917, by ANID, Govt. of Chile.

Acknowledgments: The authors are also thankful to Isabel Vidal Beltrán, Facility Manager, Confocal Microscopy Laboratory, Universidad Católica del Maule, and FONDEQUIP-ANID EQM200122 for the confocal microscopy.



Evaluación de la actividad antifúngica de extractos vegetales de especies leñosas exóticas invasoras de Uruguay, *Acacia negra* (*Gleditsia triacanthos*, Fabaceae) y *Ligustro* (*Ligustrum lucidum*, Oleaceae) frente a *Fusarium* spp. y *Botrytis cinerea*.

Francisco Russi¹, Gimena Melogno¹, Lucas de los Campos¹, María Umpierrez¹

(1) Universidad Tecnológica del Uruguay UTEC, ITR Centro Sur, GASMA IAGRO, Maciel S/N, Durazno, Uruguay.

Esta investigación se centra en la producción y evaluación de extractos vegetales como alternativa a los plaguicidas convencionales, cuyo uso genera preocupación por sus impactos negativos en el ambiente y la salud. Con el objetivo de evaluar la actividad antifúngica, se seleccionaron dos especies leñosas exóticas invasoras presentes en Uruguay: *Acacia negra* (*Gleditsia triacanthos*, Fabaceae) y *Ligustro* (*Ligustrum lucidum*, Oleaceae). Para ello, se obtuvieron cuatro extractos en total: dos extractos etanólicos y dos hidrolatos (uno de cada especie). Los extractos etanólicos se elaboraron mediante maceración en etanol, mientras que los hidrolatos se obtuvieron por hidrodestilación. La actividad antifúngica se evaluó mediante ensayos de envenenamiento del medio de cultivo PDA, midiendo el crecimiento de las colonias fúngicas en presencia de cada extracto y comparándolas contra el control.

Las variables consideradas fueron el diámetro medio de las colonias, el porcentaje de inhibición del crecimiento y las concentraciones inhibitorias 50% (CI_{50}) y 99% (CI_{99}). Se destaca que el trabajo con especies exóticas invasoras facilita la disponibilidad de material vegetal y contribuye a la búsqueda de posibles usos para estas especies, actualmente problemáticas en distintos ecosistemas del Uruguay. Los resultados de los ensayos están siendo analizados, pero se espera aportar evidencia sobre el potencial uso de estas especies como fuente de insumos bioactivos de origen vegetal para el control de fitopatógenos.

Keywords: fungicidas botánicos, bioinsumos



Establecimiento de un modelo experimental de enfermedad renal aguda en ratas con síndrome post-sepsis

Jocelyn Tobar^{1,2,3}, Yolanda Prado^{1,2,3}, Cristobal Aravena¹, Felipe Simon^{1,2,3}, Juan Fuentes⁴

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratorio de fisiopatología integrativa, republica 330, Santiago, Chile

(2) Instituto Milenio de Inmunología e Inmunoterapia, Santiago, Chile

(3) Universidad Andrés Bello, Centro de Investigación de Resiliencia a Pandemias (CRP), Ciencias de la vida, Republica 330, Santiago, Chile

(4) Universidad Andrés bello, Laboratorio de de genética y patogénesis bacteriana, Ciencias de la vida, republica 330, Santiago, Chile

Introducción

El síndrome post-sepsis (SPS) abarca secuelas físicas, cognitivas y fisiológicas que afecta aproximadamente a un 50% de sobrevivientes de sepsis, enfermedad caracterizada por una respuesta desregulada del hospedero ante una infección y alta mortalidad a nivel mundial. Aproximadamente el 60% de los casos de sepsis son de origen bacteriano, y cerca del 90% son provocados por bacterias gramnegativas. Las VME, al contener diversos componentes en su estructura (LPS, peptidoglicano, proteína A, flagelina, ADN bacteriano, toxinas, entre otros), induce una respuesta desregulada del hospedero y, en consecuencia, disfunción orgánica, entre estas la renal. La enfermedad renal aguda (ERA), definida como un deterioro de la función renal sostenida por más de siete días tras un episodio de insuficiencia renal aguda (IRA), es una consecuencia del SPS y actualmente carece de modelos animales que permitan mejorar las posibilidades terapéuticas existentes

Objetivo

Establecer un modelo de ERA durante el SPS mediante el uso de VME y validar parámetros funcionales para su diagnóstico.

Metodología

Se utilizaron ratas macho Sprague-Dawley de 4 semanas de edad (n=3-4 por grupo). La sepsis se indujo mediante la administración intravenosa de VME de (S.Typhi). A partir del día 6, tras la resolución del cuadro séptico, los sobrevivientes recibieron gentamicina intraperitoneal (120 mg/kg) durante 16 días para inducir ERA. El grupo control recibió solución salina. Se recolectaron muestras sanguíneas los días 14 y 22 para determinar creatinina plasmática, nitrógeno ureico sanguíneo (NUS), calcular la tasa de filtración glomerular estimada (TFGe), bilirrubina, PaO₂/FiO₂. También se recolectaron riñones para análisis histológico.

Resultados

A los 14 días post-infección, los animales SPS + ERA mostraron aumento de creatinina > 50% respecto del valor basal y reducción > 35% en la TFGe. Se observó daño renal e infiltrado inmune persistente hasta el día 22, junto con alteración de la PaO₂/FiO₂, Sin cambios significativos en NUS ni bilirrubina.



Conclusión

El uso de VME de S.Typhi demostró alta reproducibilidad para el estudio de ERA en SPS. Este modelo permite estudiar la progresión del daño renal y otras alteraciones sistémicas relevantes en el desarrollo de secuelas post-infecciosas abriendo nuevas perspectivas para investigar mecanismos patofisiológicos y estrategias terapéuticas

Financing: -Beca arancel 2025, Programa doctorado biomedicina, Universidad Andrés Bello-Beca mantención 2025, Programa doctorado biomedicina, Universidad Andrés Bello.-Fondecyt regular 1241072



Evaluación de la calidad microbiológica de fórmulas lácteas infantiles en polvo.

Diana Yarel Ramirez Raya¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Angel Ivan Amarillas Arredondo¹, Maribel Jimenez-Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Calz de las Americas Nte 2771, Cd Universitaria, Burócrata, Culiacán, México

Introducción: Las fórmulas lácteas sustituyen parcial o totalmente la leche materna y están dirigidas a recién nacidos y lactantes, por lo que su seguridad microbiológica es crucial. La detección de indicadores microbiológicos permite evaluar su inocuidad y calidad.

Objetivo: Evaluar la calidad microbiológica (coliformes totales y fecales, hongos, levaduras y mesófilos aerobios) en fórmulas lácteas en polvo.

Materiales y métodos: Se recolectaron 30 muestras de fórmulas lácteas infantiles en polvo de distintas marcas y en diferente estado de consumo: abiertas (n = 24) y cerradas (n = 6). La calidad microbiológica se determinó mediante la cuantificación (Log UFC/g) de mesófilos aerobios (MA), hongos y levaduras (HyL), coliformes totales (CT) y coliformes fecales (CF) por la técnica de cultivo tradicional en agares selectivos y tiempo de incubación específicos. Las muestras fueron procesadas por duplicado y sembradas por extensión.

Resultados: El 100 % (30/30) de las muestras fueron positivas para algún indicador de calidad, incluyendo muestras en envases cerrados. Los mesófilos aerobios, hongos y levaduras, coliformes totales, y coliformes fecales se detectó en el 100 %, 26.6 %, 3.3 % y 3.3 %, respectivamente. La presencia de coliformes totales y coliformes fecales solo se detectaron en muestras abiertas. La concentración (UFC/g) de los indicadores osciló de 1.0×10^2 – 2.5×10^5 para mesófilos aerobios, 1.0×10^2 – 3.0×10^2 hongos, 1.0×10^2 – 1.9×10^4 levaduras, 1.3×10^3 – 1.6×10^3 coliformes totales, y 6.0×10^2 – 8.0×10^2 coliformes fecales. El 73.3 % (22/30) de las muestras no cumplen con los límites microbiológicos (500 UFC/g) dictados por la NOM-131-SSA1-2012.

Conclusiones: Nuestros hallazgos evidencian que todas las muestras presentaron algún tipo de contaminación, incluso las cerradas, lo que sugiere posibles fallos en la producción, envasado o almacenamiento.

Estos resultados subrayan la necesidad de aplicar controles estrictos de calidad e higiene, ya que estos productos están destinados a una población altamente vulnerable.

Keywords: Calidad, Contaminación, Fórmulas lácteas, Inocuidad, Patógenos



Aislamiento e identificación de bacterias ácido lácticas de origen marino de costas de México.

Paola Aguilar¹, Ma. Guadalupe Aguilera Arreola¹, Enrico A. Ruiz Castillo², Zulema Gómez Lunar¹, Norma Velázquez Guadarrama³, Araceli Contreras Rodríguez¹

(1) Departamento de Microbiología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Mexico City, Mexico

(2) Departamento de Zoología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Mexico City, Mexico. Prol. De carpio y plan de ayala S/N deleg. Miguel Hidalgo. CP 11340

(3) Laboratorio de investigación en microbiología y resistencia antimicrobiana. Hospital Infantil de México Federico Gomez, ciudad de México CP. 06720

Las bacterias ácido lácticas (BAL) tienen la capacidad de adherirse a las mucosas del tracto gastrointestinal, y de producir sustancias antimicrobianas, como el ácido láctico, bacteriocinas, biosurfactantes, peróxido de hidrógeno, etc., características deseables para ser considerados como probióticos. Las BAL incluyen microorganismos de los géneros: *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, entre otros. El objetivo de este trabajo fue aislar, identificar y caracterizar bacterias ácido lácticas de muestras de origen marino. Las muestras se recolectaron de Ctenóforos (*Hormiphora californensis* y *Pleurobrachia* sp.), Gaviota Plomiza (*Larus heermanni*) y pepino de mar (*Holothuria lubrica*). Se obtuvieron 15 aislados cultivados en medio MRS de cocos y bacilos Gram positivos. Mediante MALDI-TOF y el análisis de las secuencias del gen ribosomal 16S rRNA se identificaron 2 *Enterococcus faecium*, 4 *Leuconostoc citreum*, 1 *Leuconostoc pseudomesenteroides*, 2 *Lactilactobacillus sakei*, 5 *Lactiplantibacillus* sp. y, 1 *Lactobacillus* sp. Los 15 aislados se clasificaron como mesófilos, ya que crecieron de manera óptima entre 28 y 37°C. En cuanto a su actividad hemolítica: 2 aislados presentaron hemólisis alpha (*Enterococcus faecium*), mientras que los 13 aislados restantes no presentaron hemólisis.

Keywords: Probióticos, BAL, Identificación molecular



Staphylococcus aureus y su patrón de sensibilidad a antibióticos en productos lácteos artesanales de establecimientos en Higüey, provincia La Altagracia República Dominicana.

Mildre Disla^{1,3}, Delfis Taveras², Jean Carlos De La Rosa Garce¹, Yoelisa García¹

(1) Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD), Escuela de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias, Santo Domingo, República Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo De Guzman, Dominican Republic

(2) Centro de Educación Médica de Amistad Dominico Japonesa, Laboratorio de Investigación, Santo Domingo, República Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo De Guzman, Dominican Republic

(3) Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD), Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA), Facultad de Ciencias, Santo Domingo, República Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo De Guzman, Dominican Republic

Desde el punto de vista genómico, la resistencia se produce por selección natural a través de mutaciones producidas al azar. El *Staphylococcus aureus* y su resistencia ante los antibióticos betalactámicos es causada principalmente por la adquisición del gen *mecA*, que se encuentra en un elemento genético móvil llamado casete estafilocócico cromosómico *mec* (SCC*mec*). El gen *mecA* codifica para una proteína modificada de unión a la penicilina conocida como PBP2a (Penicillin Binding protein 2a, se caracteriza por su poca afinidad a los antibióticos beta-lactámicos. Los productos lácteos artesanales pueden contener microorganismos provenientes de las vacas infectada o padecer mastitis siendo fuente de contaminación por *Staphylococcus aureus*, que permanecen en la materia prima utilizada en estos productos. Estudio prospectivo, descriptivo transversal, se determinó la presencia de *Staphylococcus aureus* y su patrón de sensibilidad en productos lácteos artesanales procesados en establecimientos de Higüey, provincia La Altagracia mediante técnicas microbiológicas tradicionales como siembra en medios cultivo específicos, características macroscópicas, microscópicas y pruebas bioquímicas según la FDA y determinación de sensibilidad y resistencia antibiograma por la técnica de Kirby Bauer. Se determinó la presencia de *Staphylococcus aureus* en un 40% (31/77) de las muestras de productos lácteos artesanales analizados, correspondiendo un 84 % (26/31) a quesos, 10% (3/31) a yogurt, 6% (2/31) a dulce de leche cortada. En cuanto al patrón de sensibilidad a los distintos antibióticos utilizados se determinó sensibilidad a los siguientes antibióticos: Gentamicina 87% (27/31) a la Tobramicina 67.7% (21/31), Amoxicilina con Ácido Clavulánico 64.5% (20/31) y Rifampicina respectivamente, Ceftazidima 61.2% (19/31), Oxacilina 48.3% (15/31).

Keywords: *Staphylococcus aureus*, sensibilidad, antibióticos, productos lácteos artesanales



Colonization by Multidrug- and Extensively Drug-Resistant Enterobacteria in Asymptomatic Children from Urban Slums and Villas in Chile: Associations with Sociodemographic and Environmental Factors

Priscila Reyes¹, Javiera Vasquez², Sebastian Wolter-Salas¹, Carlos Alejandro Zelaya¹, Magdalena Palisson-Kramer², Natalia Pino¹, Isabel Huentemilla¹, Pamela Thomson¹, Eduardo Undurraga², Aiko D. Adell¹

(1) Universidad Andres Bello, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Republica 440, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Gobierno, Av. Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Chile

This study investigates colonization by antimicrobial-resistant Enterobacteria (AMR-E) in asymptomatic children living in two socioeconomically distinct urban areas in Puente Alto, Santiago, Chile: an informal settlement (slum) and a nearby formal housing area (villa).

Ethical approval was granted by Universidad Andrés Bello. Fecal samples were collected from 75 children (37 from the slum and 38 from the villa), and 75 household surveys captured sociodemographic and environmental data. Enterobacteria were isolated on MacConkey agar supplemented with ciprofloxacin (CIP) and ceftazidime (CAZ). Colonies were selected based on typical lactose-fermenting morphology and identified as *Escherichia coli*, *Klebsiella*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, or *Proteus* using MALDI-TOF. Antimicrobial susceptibility was assessed using the Kirby-Bauer method, following CLSI and EUCAST standards. Data was analyzed using descriptive statistics and Fisher tests ($p < 0.05$).

Of the 75 samples, 36% (27/75) showed growth on CIP- and/or CAZ-supplemented plates. These included 15 samples from the slum and 12 from the villa. A total of 63 isolates were recovered: 44 from the slum (69.84%) and 19 from the villa (30.16%). *E. coli* was predominant (60/63), with two *K. oxytoca* (slum) and one *C. freundii* (villa). In the slum, 63.6% (28/44) of isolates were multidrug-resistant (MDR), including one extensively drug-resistant (XDR), one carbapenem-resistant strain and 18 third- or fourth-generation cephalosporin-resistant strains. In the villa, 94.7% (18/19) of isolates were MDR, two were XDR, and 12 showed resistance to third- or fourth-generation cephalosporins.

Preliminary random forest analysis identified sewage system, contact with river water, and gender as key predictors of AMR-E colonization, with 85.7% accuracy. Fisher's exact test also preliminarily identified significant associations with river contact and sewage system ($p < 0.05$). Other variables, including sanitation, overcrowding, and residence time, showed non-significant trends.

These findings underscore the high prevalence of MDR and XDR phenotypes among children in both settings, including one carbapenem-resistant *E. coli* strain and multiple isolates resistant to third- and fourth-generation cephalosporins. Socio-environmental



conditions—particularly poor sanitation systems and exposure to contaminated river water—appear to be key drivers of AMR colonization. Strengthening water and sanitation infrastructure, and implementing targeted surveillance in vulnerable urban areas, are urgent steps to reduce AMR exposure and protect child health.

Keywords: Community-acquired resistance, Cephalosporin resistance (3rd/4th gen), Extended-spectrum β -lactamase (ESBL), Carbapenem resistance, Low-resource urban settings

Financing: Funded by ANID Fondecyt 1221536 and 1242022

Acknowledgments: We thank the families, survey collaborators, and Novomar school for their support. Special thanks to Fundación Patroncito and community leaders.



Diversidad de microorganismos endófitos en líquenes de ecosistemas de Costa Rica

Darling Mora Rojas¹, Marlon Clark², Max Chavarría^{1,3}

(1) Centro Nacional de Innovaciones Biotecnológicas (CENIBiot), CeNAT-CONARE, 1174-1200 San José, Costa Rica

(2) BaseCamp Research, London, United Kingdom

(3) Escuela de Química & Centro de Investigaciones en Productos Naturales (CIPRONA), UCR, 11501-2060 San José, Costa Rica

Los líquenes son organismos formados por una asociación simbiótica entre un micobionte (hongo) y uno o más fotobiontes (algas o cianobacterias) cuya interacción da lugar a una estructura única con beneficios mutuos. Recientemente se demostró que junto a los micobiontes y fotobiontes, residen una gran diversidad de microorganismos endofíticos, que incrementan la complejidad ecológica del líquen sin causar daño aparente al organismo huésped. Costa Rica se destaca por su notable diversidad de líquenes a nivel mundial; sin embargo, la composición microbiana endofítica de estos simbiontes y su potencial biotecnológico siguen siendo poco explorados. Este estudio caracterizó la diversidad fúngica y bacteriana endofítica de líquenes de ocho ecosistemas en Costa Rica utilizando herramientas moleculares que permiten una visión más completa y precisa de su composición microbiana. Se recolectaron 50 muestras de líquenes en cuatro de las seis ecorregiones presentes en Costa Rica, abarcando una diversidad representativa en cuanto a sustrato y morfología. Las muestras se encontraron sobre troncos vivos, madera en descomposición, rocas y estructuras metálicas, e incluyeron formas liquénicas como crustáceas, foliosas, gelatinosas, compuestas y fruticulosas. Entre las especies más relevantes se encuentran *Cladonia didyma*, conocida por sus propiedades fotoprotectoras; *Dictyonema glabratum*, con actividad hemaglutinante; y *Pseudoevernia furfuracea*, que ha sido propuesta como biosorbente para la remediación de aguas. A través de técnicas de metacodificación utilizando los marcadores moleculares 18S, ITS y 16S, se identificó un microbioma central compuesto por Chlorophyta, Ascomycota, Acidobacteriota, Actinobacteriota, Chloroflexi, Planctomycetota y Proteobacteria. Si bien factores ambientales como la altitud mostraron una influencia significativa, las clasificaciones basadas en morfología y tipo de sustrato no reflejaron patrones de agrupación importantes y consistentes. Además, la baja capacidad de clasificación observada en hongos y algas resalta la existencia de una diversidad aún no descrita, mientras que el papel funcional de las bacterias en estos sistemas se encuentra poco comprendido.

Keywords: Simbiosis, Microbioma, Endoliquenico, Bioprospección, Interacciones microbianas



Neglected Mycoses in Latin America: Clinical and Genomic Insights from Paracoccidioidomycosis in Paraguay

Luz Rocio Chamorro Correa^{1,2,4}, Amiliana Pineda², Daniel Kollah Steinken³, João Paulo Romualdo Alarcão Bernardes¹, Melisa Florentín Candia^{1,2}, Bernardo Guerra Tenório¹, Fernando Ariel Arévalos Ocampos², Montserrat Aldama Negrete², Olga María Aldama², Daniel Matute⁵, Bridget M Barker³, María Sueli Felipe Soares⁴, José Guillermo Pereira Brunelli², Marco De Melo Teixeira^{1,3}

(1) University of Brasília, Faculty of Medicine, Federal District, Brasília, Brazil.

(2) Ministry of Public Health and Social Welfare, National Leprosy Control Program, General Directorate of Health Surveillance, Center for Dermatological Specialties, San Lorenzo, Paraguay

(3) Northern Arizona University, The Pathogen & Microbiome Institute, Flagstaff Arizona, USA

(4) Catholic University of Brazilia, Graduate Program in Genomic Sciences and Biotechnology, Brasilia, Brasil

(5) University of North Carolina, Biology Department, Chapel Hill, North Carolina, USA

Paracoccidioidomycosis (PCM) is a systemic mycosis endemic to Latin America, but Paraguay remains largely overlooked in regional studies. Generating clinical and genomic data is essential to improve diagnosis, treatment, and surveillance in this neglected setting. We performed a retrospective review of PCM cases diagnosed at the Mycology Section, Center for Dermatological Specialties (CED, San Lorenzo) from 2014 to 2024. Confirmatory diagnosis was achieved by direct microscopy or culture. Ethical approval was obtained from the Central Laboratory for Public Health Ethics Committee (No. 255-2024). Whole-genome sequencing of nine clinical isolates was conducted using Illumina NovaSeq 6000. SNP calling was performed with the NASP pipeline, and evolutionary relationships were inferred with IQ-TREE v2.1.1. A total of 62 confirmed PCM cases were identified. The disease showed a striking male predominance (61/62 cases), with only two female patients. The majority (69%) were agricultural workers, emphasizing occupational exposure as a key risk factor. The chronic form was predominant, often affecting lungs and mucosa, while rare manifestations included renal, cerebral, adrenal, and gastrointestinal involvement, in addition to pericoronitis. A single acute/subacute case was detected in a 15-year-old boy. Treatment strategies varied according to severity, with itraconazole as first-line therapy and amphotericin B reserved for severe cases. Genomic analysis revealed substantial diversity among isolates. Six clustered within *Paracoccidioides brasiliensis* Slb, distinct from Argentinian strains; two grouped within the Sla clade, clustering with Mato Grosso do Sul (Brazil). Notably, one isolate presented a mixed Sla/Slb profile, suggesting unrecognized local genetic variation. This study represents the first integrated clinical and genomic characterization of PCM in Paraguay. Findings highlight occupational risks, diverse clinical presentations, and a complex genotypic structure of circulating *Paracoccidioides*. Together, these results expand the understanding of PCM in the region, inform diagnostic and therapeutic approaches, and reinforce the need for greater attention to neglected mycoses in Latin America.

Keywords: Paracoccidioidomycosis, Paraguay, Genomic diversity, Neglected mycoses



Caracterización genómica y susceptibilidad in vitro a ceftazidima/avibactam e imipenem/relebactam de cepas de *Klebsiella pneumoniae* y *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a carbapenémicos aisladas en Chile

Sergio Carrasco-Anabalón^{1,2,3}, Maximiliano Matus Kohler^{1,4}, Andrés Opazo-Capurro^{1,4}, Gerardo González – Rocha^{1,4}

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

(2) Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Laboratorio Clínico, Concepción, Chile

(3) Universidad San Sebastián, Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias, Concepción, Chile

(4) Universidad de Concepción, Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Concepción, Chile

Introducción: La emergencia y diseminación de cepas resistentes a carbapenémicos representa una amenaza crítica para la salud pública global, siendo *Klebsiella pneumoniae* (KPN) y *Pseudomonas aeruginosa* (PAE) prioritarios para la OMS. En este contexto, ceftazidima/avibactam (CZA) e imipenem/relebactam (IMR), combinaciones de β -lactámico/inhibidor de β -lactamasas, son opciones terapéuticas claves. Mientras que CZA está disponible en Chile desde 2019 y ya se han informado cepas resistentes, IMR aún no ha incorporado al arsenal terapéutico nacional, existiendo escasa información sobre su actividad frente cepas clínicas aisladas en hospitales locales.

Objetivo: Evaluar la actividad in vitro de CZA e IMR frente a cepas clínicas de KPN y PAE resistentes a los carbapenémicos recolectadas en hospitales chilenos, y caracterizarlas genéticamente mediante secuenciación del genoma completo (WGS).

Métodos: Se estudiaron 60 cepas clínicas resistentes a carbapenémicos de KPN (n=22) y PAE (n=38), previamente aisladas y caracterizadas fenotípicamente. La susceptibilidad a CZA e IMR se evaluó mediante métodos cualitativos y cuantitativos según la normativa del CLSI. La tipificación molecular y el análisis del resistoma, se realizó usando diversas herramientas bioinformáticas.

Resultados: En PAE, 35/38 cepas fueron susceptibles a CZA, y 22 a IMR. Se identificaron 12 secuenciotipos (STs) y 6 serotipos, siendo los más frecuentes el ST654[O4], ST815[O11] y el ST309[O11]. Las 12 cepas ST654, portan el gen blaKPC-2 y fueron resistentes IMR; y 5 de ellas también fueron resistentes a CZA. Respecto al ST309, 3/4 cepas, portaban el gen blaPER-3 y resultaron resistentes a CZA, pero no a IMR.

En KPN, las 22 cepas fueron susceptibles ambas combinaciones, a pesar de portar el gen blaKPC-2 junto a otros genes de β -lactamasas como blaCTX-M-15,2, blaSHV-11,31. Se identificaron 5 ST y 6 serotipos, siendo los más frecuentes los ST11[K15/K39] y ST25[K2]. Diez cepas presentaron mutaciones en ompK36, y 4 de ellas también en ompK35.



Conclusiones: Las cepas de PAE mostraron mayor susceptibilidad a CZA que a IMR, observándose resistencia en clones específicos como el ST654, portador de blaKPC-2. En KPN, todas las cepas fueron susceptibles a ambas combinaciones, a pesar de presentar un resistoma diverso. Estos hallazgos evidencian la circulación de clones de alto riesgo, con perfiles genéticos variados y con el potencial de comprometer terapias de última línea.

Keywords: Imipenem/Relebactam, Ceftazidima/Avibactam, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, Genómica

Financing: Beca doctorado Nacional (21241316) Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID)-Chile

Acknowledgments: Beca doctorado Nacional (21241316) Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID)-Chile



Microbiota cultivable y preferencia térmica de *Aedes aegypti* en poblaciones de Cesar y Amazonas en Colombia

Alejandro Castañeda Espinosa¹, María Fernanda Arenas Lozano¹, Sahara Camila Mera Ruano¹, Gloria E Cadavid-Restrepo¹, Rafael José Vivero-Gomez¹, Claudia Ximena Moreno Herrera¹

(1) Grupo de investigación Microbiodiversidad y Bioprospección, Laboratorio de Procesos Moleculares, Departamento de Biociencias, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. St. 65 #59a-110, Medellín 050034 Colombia., Colombia

El mosquito *Aedes aegypti* es el principal vector de enfermedades arbovirales como dengue, Zika y chikunguña, representando un reto creciente para la salud pública en Colombia debido a su resistencia a insecticidas, su adaptación a diversos entornos y los efectos del cambio climático. Entre 2022 y 2024, los casos de dengue en el país aumentaron de 68.126 a más de 320.982, con circulación simultánea de los cuatro serotipos del virus (DENV-1 a DENV-4) y la co-circulación de ZIKV y CHIKV. Las estrategias de control aplicadas en Colombia incluyen el uso de insecticidas, la eliminación de criaderos, la liberación de mosquitos infectados con *Wolbachia*, así como medidas preventivas como repelentes y toldillos. Sin embargo, el aumento de casos evidencia la necesidad de explorar enfoques complementarios, considerando que la microbiota del mosquito puede influir en su comportamiento, capacidad vectorial, resistencia a insecticidas y preferencia de hábitat.

En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo caracterizar la microbiota cultivable y su relación con la preferencia térmica de *Ae. aegypti* de dos regiones colombianas: Cesar y Amazonas. Para ello, se realizaron bioensayos en un dispositivo con gradiente de temperatura de 16–36 °C, utilizando individuos de la Paz en el Cesar y de Leticia en Amazonas. Los mosquitos se agruparon según su rango de preferencia térmica y posteriormente se evaluó su carga bacteriana mediante microbiología convencional. Los resultados mostraron que en ambos departamentos, machos y hembras prefieren temperaturas bajas (16–20 °C). No obstante, la relación con la carga bacteriana varió según la región. Las hembras procedentes de la Paz presentaron mayor carga bacteriana a temperaturas bajas, mientras que en los machos se observó una relación directa entre mayor temperatura y mayor abundancia bacteriana. En los insectos procedentes de Leticia, se evidenció una relación inversa entre preferencia térmica y carga bacteriana: temperaturas bajas se asociaron con menor recuento bacteriano. Los hallazgos sugieren que la temperatura juega un papel clave en la configuración de las comunidades bacterianas de *Ae. aegypti*, lo que podría favorecer su adaptación a condiciones climáticas emergentes y tener implicaciones clave para el diseño de estrategias innovadoras y complementarias de control vectorial en Colombia.

Keywords: Comunidades bacterianas, temperatura, *Aedes*, Vector

Financing: Proyecto Hermes 63852 Convocatoria Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Nacional de Colombia. Proyecto Hermes 62463, Universidad Nacional de



Colombia

Acknowledgments: Laboratorio de Ecología y evolución de Insectos y Laboratorio de Biología Molecular y celular de Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.



Identification and determination of the antimicrobial sensitivity profile in *Achromobacter* spp. isolates from patients with and without cystic fibrosis in Rio de Janeiro, Brazil.

Jade Colomer¹, Heloisa Rosa¹, Tatiane Xavier¹, Elizabeth Rabelo¹, Robson Leão¹, Elizabeth Marques¹

(1) State University of Rio de Janeiro, Department of Microbiology, Immunology and Parasitology, Faculty of Medical Sciences, Av. 28 de Setembro, 87. 3rd floor. Vila Isabel. Zip code: 20551-030, Rio de Janeiro, Brazil

The *Achromobacter* genus encompasses opportunistic species of complex identification, associated with multidrug resistance, which makes the treatment of these infections challenging. These bacteria are associated with respiratory infections in patients with cystic fibrosis (CF), as well as diverse infections in other immunosuppressed patients, especially *Achromobacter xylosoxidans*. This study aimed to compare different identification methods for *Achromobacter* spp. and evaluate the antimicrobial sensitivity profile of isolates from patients with and without CF, treated in five different institutions in Rio de Janeiro, Brazil. Fifty-five isolates were analyzed, collected between 2008 and 2024, of which 44 were from CF patients and 11 from non-CF patients. The samples were identified using the automated Vitek 2® system, phenotypic tests (glucose and xylose oxidation and fermentation, and amino acid decarboxylation), and Fourier-transform infrared spectroscopy with attenuated total reflectance (ATR-FTIR), using the I-dOne System. Antimicrobial sensitivity was evaluated through the disk-diffusion method for commonly used antibiotics: piperacillin-tazobactam, meropenem, and trimethoprim-sulfamethoxazole (SXT), according to EUCAST/BrCAST recommendations. All isolates were identified as *Achromobacter* spp. through Vitek® and phenotypic testing. With the Vitek® system, 32 samples were identified at the genus level, 21 as *A. xylosoxidans*, and two as *A. denitrificans*, while with the phenotypic tests, 51 were identified as *A. xylosoxidans* and four as *Achromobacter* spp. No sample was identified at the species level using ATR-FTIR; 32 were characterized as *Achromobacter* spp. with high reliability. The remaining 17 samples were retested: ten were identified as other bacteria, and seven had inconclusive results. Most incorrect results corresponded to the *Burkholderia cepacia* complex, a group with species of higher virulence and transmissibility, which is concerning, since CF patients are segregated during clinical care according to their microbiological profile. Therefore, the inconsistencies between the applied methods reinforce the necessity of implementing molecular identification methods. Antimicrobial sensitivity analysis showed that 32 isolates were multi-sensitive, while 23 showed resistance, mostly to SXT (n = 21). The results emphasize the importance of ongoing antimicrobial monitoring and the use of precise identification methods for *Achromobacter* species, especially in CF care institutions.

Keywords: *Achromobacter* spp., Cystic Fibrosis, Antimicrobial resistance, Microbial identification, ATR-FTIR spectroscopy

Financing: This study was funded by the Brazilian National Council for Scientific and



Technological Development (CNPq).

Acknowledgments: The study was supported by the National Council for Scientific and Technological Development (CNPq) and by the team from the Cystic Fibrosis Microbiology Laboratory (LabMiFC) at UERJ.



Co-inoculación de *Bradyrhizobium* – *Delftia* en soja: respuestas al estrés hídrico y análisis proteómico de las bacterias

Florencia González¹, María Morel¹

(1) Universidad de la República, Facultad de Ciencias

La inoculación de las plantas con Bacterias Promotoras del Crecimiento Vegetal (BPCV) es una herramienta para combatir y mitigar los efectos negativos del estrés abiótico, siendo la sequía uno de los grandes desafíos para la agricultura global. La BPCV *Delftia acidovorans* JD2 ha sido evaluada en soja en experimentos de co-inoculación junto al inoculante rizobiano (*Bradyrhizobium elkanii* cepas U1301 y U1302) con resultados de promoción del crecimiento vegetal en condiciones hídricas normales. En condiciones de sequía poco se sabe de sus efectos, aunque encontramos algunos indicios indirectos de efectos positivos en plantas bajo este tipo de estrés, lo que sugiere su potencial para mitigar el impacto de la sequía en cultivos. Nuestro objetivo es explorar la co-inoculación de JD2, U1301 y U1302 en soja en condiciones de sequía y qué mecanismos podrían estar participando en los efectos observados. Asimismo, con el fin de describir la tolerancia de JD2, U1301 y U1302 en condiciones de déficit hídrico las tres BPCV crecieron en medio de cultivo líquido con PEG (polietilenglicol) 6000. Mientras que JD2 logra tolerar hasta un 30% de PEG, U1301 y U1302 un 25% y 30%, respectivamente. Con un abordaje proteómico, se extrajeron las proteínas de células de JD2, U1301 y U1302 obtenidas de cultivos líquidos con y sin PEG (máximo tolerado), para su análisis posterior por espectrometría de masa MALDI/TOF-TOF. Los resultados de proteómica y de la experimentación en plantas con y sin sequía serán discutidos en el congreso.

Keywords: Sequía, Soja, *Delftia*, Proteómica

Financing: Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII) – Fondo Sectorial Innovagro



Primer reporte en México de cepas de *Escherichia coli* productoras de NDM-5 obtenidas de infecciones en pacientes pediátricos

Jocelin Ariadne Merida Vieyra¹, Ruben Bautista Hernandez¹, Alejandra Aquino Andrade¹

(1) Instituto Nacional de Pediatría

Objetivo. Caracterizar molecularmente cepas de *Escherichia coli* productoras de NDM-5 mediante la secuenciación del genoma completo (WGS).

Material y métodos. Como parte de un programa de vigilancia epidemiológica, durante 2018-2020, se colectaron 12 aislamientos de *E. coli* resistentes a carbapenémicos. Se determinó fenotípicamente la producción de carbapenemasas y por PCR y secuenciación Sanger, la presencia del gen blaNDM-5 en seis cepas. Estas se obtuvieron de muestras de orina, sangre, infección de herida (n=2), absceso intraabdominal y aspirado traqueal y se les realizó la WGS con la tecnología Illumina (Novaseq6000). Se realizó el control de calidad con FastQC v0.12.0, limpieza de las lecturas con Trimmomatic v0.27, el ensamblado del genoma con SPAdes v4.2.0 y la anotación con la plataforma en línea RAST. El serotipo, genes de resistencia, virulencia, tipo de plásmidos y la secuencia tipo (ST) se determinaron con las herramientas en línea del Center for Genomic Epidemiology (<http://www.genomicepidemiology.org/services>).

Resultados. Las cepas de *E. coli* NDM-5 fueron de la clona de alto riesgo ST167 y del filogrupa A. Dos aislamientos fueron del serotipo O101:H10 y cuatro H10 sin antígeno O identificado. En todas las cepas se observaron otros genes de resistencia a beta-lactámicos (blaCTX-M-15, blaOXA-1); aminoglucósidos (aph(3'')-Ib, aph(6)-Id y aadA2); tetraciclinas (tetA); trimetoprim (dfrA12); sulfonamidas (sulI y sul2); fluoroquinolonas (aac(6')-Ib-cr) y cloranfenicol (catB3). Adicionalmente, se encontraron blaOXA-181 y qnrS1 en un aislamiento. Se observaron cambios en gyrA (S83L, D87N) y parC (S80I) en cinco cepas. Se detectaron los plásmidos IncFIA, IncFIB e IncFII en todos los aislamientos y una cepa también fue portadora de IncX3 y ColKP3. Se encontraron los genes de virulencia csgA (fimbria), hlyE (hemolisina), hra (aglutinina termorresistente), terC (resistencia a colicina) y traT (resistencia al suero) en todos los aislamientos. Dos pacientes fallecieron y, en uno de ellos, la muerte estuvo asociada a la infección por *E. coli* NDM-5.

Conclusiones. Este es el primer reporte en México de *E. coli* NDM-5 de la clona de alto riesgo ST167. Todas las cepas fueron multidrogorresistentes y virulentas. Es indispensable la vigilancia de mecanismos de resistencia emergentes con el fin de establecer medidas de manejo y control de infecciones.

Keywords: *Escherichia coli*, NDM-5, WGS, pediatría, México

Financing: Recursos Fiscales modalidad A del Instituto Nacional de Pediatría (Registro INP 2018/017)CONACyT/FOSSIS-2017-1-289537



Microbiota intestinal de fauna silvestre de la Amazonía ecuatoriana: un estudio diferente empleando técnicas de metabarcoding 16S rRNA

Magdalena Díaz^{1,2}, Manuel Alejandro Coba-Males⁴, Carlos Alfonso Molina Hidalgo¹, Pablo Medrano-Vizcaíno^{5,6,7}, David Brito-Zapata^{6,8}, Sarah Martín Solano⁹, Sofía Ocaña-Mayorga¹⁰, Gabriel Alberto Carrillo-Bilbao¹, Wilmer Agnover Narváez Castillo^{1,3}, Jazzmín Arrivillaga-Henríquez¹, Manuela González-Suárez⁵, Sandra Inés Enríquez Morillo¹, Ana María Poveda Gabaldón^{1,3}, Daniela López²

(1) Universidad Central del Ecuador, Grupo de Investigación GIPCIZ - Instituto de Investigación en Zoonosis - CIZ, Calle Jerónimo Leyton S/N, Edificio del Hospital del Día, 3er. Piso, Ciudadela Universitaria, Quito, Ecuador

(2) Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ingeniería Química, Universidad Central del Ecuador, Ritter S/N y Bolivia, Quito, 170521, Pichincha, Quito, Ecuador

(3) Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Químicas, Calle Jerónimo Leyton S/N y Gato Sobral S/N, Quito, Ecuador

(4) Instituto Argentino de Investigación de Zonas Áridas (IADIZA), Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONICET), Av. Ruiz Leal s/n, Parque General San Martín, Mendoza, Argentina

(5) University of Reading, School of Biological Sciences, Ecology and Evolutionary Biology, Whiteknights House, Reading RG6 6UR, Reading, Reino Unido

(6) Red Ecuatoriana para el Monitoreo de Fauna Atropellada - REMFA, Quito, Ecuador

(7) Oklahoma State University, Department of Computer Science, 219 Student Union, Stillwater, OK 74078, Stillwater, USA

(8) Universidad San Francisco de Quito, USFQ, Instituto iBIOTROP, Museo de Zoología & Laboratorio de Zoología Terrestre, Calle Diego de Robles, y, Quito 170901, Quito, Ecuador

(9) Universidad de las Fuerzas Armadas-ESPE, Departamento de Ciencias de la Vida y la Agricultura, Grupo de Investigación en Sanidad Animal y Humana (GISAH), Av. Gral. Rumiñahui S/N, Sangolquí 171103, Sangolquí, Ecuador

(10) Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Centro de Investigación para la Salud en América Latina, CISEAL, San Pedro, Quito 170170, Quito, Ecuador

El estudio de comunidades microbianas intestinales en fauna silvestre representa una herramienta clave para comprender la biodiversidad microbiana, la salud de los ecosistemas y las relaciones ecológicas en ambientes naturales. Sin embargo, las limitaciones logísticas y éticas en el muestreo de animales vivos dificultan el acceso a este tipo de información, especialmente en regiones megadiversas como la Amazonía ecuatoriana. Este trabajo exploró el potencial de los animales atropellados como fuente no invasiva para caracterizar la microbiota intestinal en vida silvestre. Se analizaron muestras intestinales de nueve especímenes atropellados recolectados en las carreteras de la provincia de Napo, Ecuador, pertenecientes a dos especies nativas: el reptil *Amphisbaena bassleri* (n=4) y el ave *Crotophaga ani* (n=9). Se empleó secuenciación de alto rendimiento mediante metabarcoding del gen 16S rRNA (región V3-V4) para determinar la composición bacteriana. En *A. bassleri* predominó el filo Firmicutes, con presencia variable de Bacteroidetes, Verrucomicrobia y Proteobacteria.



Por su parte, en C. ani se registraron principalmente Firmicutes y Actinobacteria, además de proporciones menores de Proteobacteria y otros filos. Además, se identificaron diferencias en la riqueza y composición bacteriana entre especies y entre individuos, pero sin patrones consistentes respecto al tiempo post-mortem. A pesar del reducido tamaño muestral, este estudio constituye el primer reporte de la microbiota intestinal en estas dos especies y demuestra la viabilidad del uso de muestras en carretera para estudios de microbiomas en fauna silvestre. Los resultados destacan el valor de los biobancos de tejidos obtenidos de animales atropellados como una fuente accesible, ética y complementaria para investigaciones futuras sobre ecología microbiana y conservación. Esta aproximación contribuye a cerrar brechas de conocimiento sobre microbiotas de vertebrados nativos y podría extenderse a otras regiones tropicales.

Keywords: Microbiota, Metabarcoding, Vertebrados, Ecuador, Roadkills

Financing: Corporación Ecuatoriana para el Desarrollo de la Investigación y Academia-CEDIA (CEPRA-XVI-2022). Dirección de Investigación de la Universidad Central del Ecuador (DI-CONV-2021-16). University of Reading.

Acknowledgments: Centro de Investigación en Zoonosis - CIZ, UCE Corporación Ecuatoriana para el Desarrollo de la Investigación y Academia- CEDIA (CEPRA-XVI-2022). Dirección de Investigación de la Universidad Central del Ecuador (DI-CONV-2021-16). University of Reading.



Resistencia a carbapenémicos en el complejo *Citrobacter freundii* en Chile: análisis filogenético y plasmídico

Isidora Manríquez Cuadra^{1,2}, Maximiliano Matus-Köhler^{1,2}, Pablo Araya-Vega^{1,2}, Gerardo González-Rocha^{1,2}, Andrés Opazo-Capurro^{1,2}

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Av. Chacabuco 1363, Concepción, Chile

(2) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción, Chile

Introducción. La resistencia a antibióticos (RA) es una amenaza creciente para la salud pública a nivel global, impulsada en gran medida por la diseminación de genes de resistencia localizados en plásmidos. En particular, bacterias del complejo *Citrobacter freundii* han adquirido resistencia a carbapenémicos mediante plásmidos que portan genes de carbapenemasas. La transferencia horizontal mediada por estos elementos genéticos facilita la rápida diseminación de clones resistentes. En Chile, la caracterización genómica y plasmídica de cepas resistentes de este complejo ha sido escasamente estudiada. Por ello, este estudio tuvo como objetivo caracterizar genómica y plasmídicamente cepas clínicas del complejo *C. freundii* resistentes a carbapenémicos, aisladas en hospitales del país.

Materiales y Métodos. Se determinaron los perfiles de susceptibilidad a antibióticos de 8 cepas clínicas de *C. freundii* provenientes del Hospital Clínico Regional de Concepción, mediante la técnica de difusión en disco. Los genomas fueron secuenciados mediante la plataforma Illumina, ensamblados con SPAdes y anotados utilizando Bakta. La identificación de genes de RA se realizó mediante NCBI-AMR, y los secuenciotipos (ST) fueron asignados mediante MLST. El análisis filogenético se basó en el core-genome de los genomas anotados, con los cuales se construyó un árbol filogenético utilizando IQ-TREE. Para la caracterización de los plásmidos portadores de genes de carbapenemasas, se emplearon MOB-recon, MOB-typer y Plasmid-Visualizer (Proksee).

Resultados. Se identificaron genes de carbapenemasa blaKPC (4 cepas) y blaNDM (3 cepas), y una cepa co-portadora de blaVIM y blaNDM. La asignación de ST mostró la predominancia de ST22 (5 cepas), seguido de ST112 (1 cepa), ST169 (1 cepa) y ST661 (1 cepa). El ST22 ha sido informado como un clon de alto riesgo en otros países. La reconstrucción plasmídica evidenció que los genes de carbapenemasas se encuentran asociados a replicones diversos, muchos de ellos presentes en plásmidos conjugativos, sugiriendo un alto potencial de diseminación horizontal.

Conclusión: La presencia de elementos móviles refuerzan el rol clave de estos plásmidos en la propagación de resistencia, aportando información crucial para el entendimiento de la epidemiología molecular del complejo *C. freundii* en Chile.

Keywords: Resistencia a antibióticos, Complejo *Citrobacter freundii*, Carbapenemasas, Epidemiología, Plásmidos

Financing: Proyecto VRID 202200067INT



EVALUACIÓN DEL POTENCIAL CARIOGÉNICO DE CEPAS DE *Candida albicans* AISLADAS DE PACIENTES CON Y SIN CARIES DENTAL

Florencio Rueda-Gordillo^{1,2}, Sandra Elena Hernández-Solís^{1,2}, Alan Antonio Arias-Chávez¹, Esperanza Mercedes Lama-González^{1,2}

(1) Universidad Autónoma de Yucatán, Departamento de Microbiología Oral y Biología Molecular, Facultad de Odontología, Calle 61-A No. 492A x Av. Itzáes., Merida, México

(2) Cuerpo Académico de Microbiología, Patología y Biología Molecular Odontológica

Introducción: En Latinoamérica la prevalencia de caries en niños con dentición decidua es del 50%. La etiología de la caries de la infancia temprana (CIT) es multifactorial y la presencia de *C. albicans* en biopelícula dental de niños con CIT se ha relacionado con su patogénesis debido a sus mecanismos de patogenicidad cariogénicos: acidogenicidad, aciduricidad y adherencia

Objetivo: Evaluar el potencial cariogénico de cepas de *Candida albicans* aisladas de pacientes con y sin caries dental.

Métodos: Se realizó un muestreo por conveniencia de 165 pacientes pediátricos (3 a 6 años) que acudieron a las clínicas de la Facultad de Odontología de la UADY. El diagnóstico de caries se realizó mediante el índice cpo-d, los pacientes con caries se clasificaron en dos grupos según la severidad. Las cepas de *C. albicans* fueron identificadas mediante PCR punto final y se determinó su capacidad de adhesión, acidogenicidad y aciduricidad por técnicas estandarizadas.

Resultados: La frecuencia de *C. albicans* fue mayor en pacientes con CIT y CIT-S (10.3% y 15%) que en pacientes sin caries (3.63%). Se encontró una asociación entre ser portador de *C. albicans* y presentar CIT y CIT-S ($p < 0.001$, OR=5.04). Todas las cepas mostraron elevada adhesión ($>50\%$) y acidogenicidad ($\text{pH} < 5.5$ en 48h). A un pH de 2.8, la aciduricidad de las cepas aisladas de niños con CIT-S fue mayor que las del grupo SC en el tiempo 0 ($p < 0.005$). Después de 24 horas la aciduricidad de las cepas del grupo con CIT y CIT-S fue mayor que la del grupo SC ($p < 0.005$). El 70.6%, 68% y 50% de las cepas de los grupos CIT, CIT-S y SC, respectivamente, fueron consideradas cariogénicas.

Discusión y Conclusiones: La caries de la infancia temprana presenta alta prevalencia (66.66%) y se asocia significativamente con *Candida albicans* (38.18%). Esta levadura mostró capacidad de adhesión, acidogenicidad y aciduricidad, factores que incrementan su potencial cariogénico. Se observó un riesgo 5 veces mayor de desarrollar CIT en niños portadores. Los hallazgos destacan su rol en la patogénesis de la CIT y la necesidad de estrategias preventivas dirigidas a este microorganismo. Ser portador de *C. albicans* incrementa el riesgo para CIT y CIT-S.

Keywords: *Candida albicans*, caries, oral, acidogenicidad, adhesión

Financing: AIIFO



Dermatophytoses in forestry workers and farmers in the highland region of Ecuador

Fernando Aguas Esparza¹, Raquel Sánchez Rodríguez¹, Saily Vásconez Noguera², Andrés Zabala Parreño¹, Fernando Aguas¹

(1) Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Facultad de Salud y Bienestar, Laboratorio Clínico, Av. 12 de octubre, Quito, Ecuador

(2) Instituto de Medicina Tropical da Universidade de Sao Paulo, Brazil, Doencas Infecciosas e Saúde Global, Faculdade de Medicina, Av. Dr. Eneas de Carvalho, 470, SP, Brasil

Introduction: Dermatophytosis is a widespread superficial fungal infection. Susceptibility to dermatophytosis is influenced by factors such as moisture, heat, corticosteroid use, trauma to nails and skin, frequent use of closed or synthetic footwear, direct contact with animals, inadequate personal hygiene, and improper drying of feet. **Materials and Methods:** This cross-sectional observational study was conducted with 131 participants in the rural areas of Cayambe and Mejía, Ecuador. Fungal identification involved direct examination using potassium hydroxide (KOH) and sample culture on Sabouraud and dermatophyte media to evaluate macro- and microscopic characteristics. Additionally, a survey was conducted to assess risk factors and correlate them with laboratory findings. **Results:** This study identified significant frequencies of onychomycosis: dermatophytes were present in 27.3% of the samples, opportunistic fungi in 26.0%, and yeasts in 16.9%. *Trichophyton* spp. was the most prevalent dermatophyte, with *T. verrucosum* at 7.8%, followed by *T. mentagrophytes* at 6.5%, *T. schoenleinii* at 5.2%, and *T. rubrum* and *T. tonsurans*. Poor hygiene and environmental factors, including high humidity and prolonged use of synthetic footwear, were found to be statistically significant in fungal cases detected by both KOH and culture. **Conclusions:** *Trichophyton* species were the predominant dermatophytes in this study. The risk factors associated with dermatophytosis include climatic conditions, untreated trauma, prolonged use of synthetic footwear, and contact with infected animals.

Keywords: Superficial Fungal Infections, Dermatophytosis, Farmers, Forestry workers, Risk factors.

Financing: The author's financial resources supported the research reported in this publication.

Acknowledgments: We are grateful to forestry workers and farmers for participating in this study. Their collaboration was essential in providing valuable insights and data for our research.



Bacillus subtilis como vehículo de expresión de cocteles enzimáticos.

Katherine Rivero – Rodríguez¹, Felipe Arenas¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Av. B. O'Higgins N° 3363, Santiago de Chile, Chile

La producción eficiente de cócteles enzimáticos representa una necesidad creciente en la industria biotecnológica, especialmente en sectores como la industria alimentaria, donde se requiere trabajar con múltiples enzimas de manera simultánea o secuencial con alta actividad y estabilidad. Uno de los problemas radica en alcanzar niveles adecuados de expresión de proteínas heterólogas. *Bacillus subtilis* se utiliza ampliamente en la producción industrial de proteínas recombinantes debido a su potencial como vehículo de expresión genética, su reconocida capacidad para secretar proteínas de manera eficiente y su historial de uso seguro, respaldado por su inclusión en la categoría de "productos generalmente reconocidos como seguros" (GRAS), establecida por la Food and Drug Administration (FDA) en 1958. No obstante, el rendimiento de producción de proteínas heterólogas en *B. subtilis* puede variar considerablemente dependiendo de múltiples factores. Entre ellos destacan la fortaleza de los promotores durante la transcripción y la eficiencia del proceso de traducción. En este último, el sitio de unión al ribosoma que incluye la secuencia Shine-Dalgarno, el codón de inicio y la secuencia espaciadora, constituye un punto crítico que puede limitar la síntesis proteica. Diseñar estrategias para optimizar estos elementos regulatorios es clave para mejorar la eficiencia en la expresión de proteínas recombinantes. En este estudio, *B. subtilis* fue empleado como sistema hospedero para la construcción de vectores de integración genómica que expresan proteínas fluorescentes (GFP, YFP y CFP) como reporteros. Estos fueron utilizados para optimizar elementos genéticos clave: promotores, sitios de unión al ribosoma (RBS) y regiones 5' no traducidas (5'UTR). La evaluación de los constructos se llevó a cabo mediante análisis de fluorescencia relativa (RFU) y cuantificación por RT-qPCR, lo que permitió generar una biblioteca funcional de secuencias reguladoras optimizadas para una expresión eficiente. Los resultados obtenidos sientan las bases para el diseño racional de sistemas de expresión personalizados en *B. subtilis*. Como siguiente etapa, se proyecta aplicar esta biblioteca en cepas diseñadas para la producción de cócteles enzimáticos de interés industrial, permitiendo validar su rendimiento en condiciones de bioprocesos reales.

Keywords: *Bacillus subtilis*, Expresión recombinante, Enzimas, Elementos génicos

Financing: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto FONDECYT Regular 1230724.



High-specificity phage cocktails against the highly successful and disseminated *S. aureus* Clonal Complex 8 (MRSA/MSSA)

J Natalia Jiménez Q¹, Lorena Salazar O¹

(1) Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada - MICROBA, Escuela de Microbiología, calle 67 No. 53 - 108, Medellín, Colombia

Introduction: Bacteriophages have become an alternative for the elimination both methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA) belonging to successful clones (CC8 and CC5) and sensitive biofilm-producing strains. This work describes the isolation, characterization and performance of bacteriophages in combination, against *S. aureus* isolates and biofilms.

Methods: An experimental study was carried out. Bacteriophages were isolated from hospital wastewater and swabs from humans and pets. Phage characterization included host range (Of individual phages and bacteriophage cocktails), efficiency of plating (EOP), infection curve, stability of bacteriophages under different pH and temperature conditions, electron microscopy (TEM), and whole genome sequencing. Activity of bacteriophages on the prevention of formation of biofilms was evaluated.

Results: Five bacteriophages were isolated. Four bacteriophages were obtained using MRSA-CC8 and one using MSSA-CC5. All bacteriophages showed high genus specificity (100%) and four of them were highly specific against *S. aureus*. Bacteriophages were active against 10 to 33% of *S. aureus* strains and, they had a specific action against CC8 isolates (60.87%). The use of cocktails did not increase host range; however, they increase lysis by 72.7%, and more translucent plaques were observed. The bacteriophages of cocktail 1 (FSA4, FSA5 y FSA6) were characterized. All bacteriophages were tailed and possessed a typical Siphovirus structure. They have a medium viral particle production (EOP<0.5), and they were stable at temperatures between 4 and 37°C and at pH between 4 and 10. The infection curve shows FSA4 inhibit bacterial by 100% (MOI=0.0001) over 24 hours and, it had a preventive activity in the formation of biofilm.

Conclusion: Bacteriophage cocktails demonstrated potent lytic activity and high specificity against *S. aureus* CC8 isolates (MRSA-MSSA), and effectively preventing biofilm formation, which support their potential for phage therapy.

Keywords: Bacteriophages, *S.aureus*, successful clones, Antimicrobial resistance, phage therapy

Financing: Ministerio de Ciencia y Tecnología (Minciencias- Colombia) project: 111589785393



Delayed biofilm formation in non-motile Uropathogenic *Escherichia coli* strain under dynamic growth conditions

Nicole Canales Huerta^{1,2,4}, Martín Cádiz^{1,2}, PAOLA SCAVONE⁴, María José González⁴, Nicolás Navarro Martínez⁴, Steffen Härtel^{1,2,3}, María Teresa Ulloa⁵

(1) Laboratory for Scientific Image Analysis SCIAN-Lab, University of Chile, Integrative Biology Program, Institute of Biomedical Sciences ICBM, Faculty of Medicine, Independencia 1027, Santiago, Chile

(2) Biomedical Neuroscience Institute BNI, University of Chile, Integrative Biology Program, Institute of Biomedical Sciences ICBM, Faculty of Medicine, Independencia 1027, Santiago, Chile

(3) Centro de Informática Médica y Telemedicina CIMT, University of Chile, Integrative Biology Program, Institute of Biomedical Sciences ICBM, Faculty of Medicine, Independencia 1027, Santiago, Chile

(4) Laboratorio de Biofilms Microbianos, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Departamento de Microbiología, Av. Italia 3318, Montevideo, Uruguay

(5) Coaniquem, Laboratorio de Investigación Vertebral, San Francisco 8586, Santiago, Chile

Urinary tract infections (UTIs) associated with indwelling urinary catheters represent a significant healthcare challenge. These infections, primarily caused by Uropathogenic *Escherichia coli* (UPEC), are complicated by biofilm formation, which promotes bacterial persistence and resistance to treatment. In UPEC, flagellar motility plays a key role in surface sensing and initial adhesion, supporting the transition from a planktonic to a sessile lifestyle; however, its specific contribution in non-motile strains remains unclear. In this study, we characterized the biofilm formation of a non-motile UPEC strain (ST12) and compared it with a motile wild-type (WT) strain under dynamic culture conditions using Light Sheet Fluorescence Microscopy (LSFM). The non-motile strain exhibited a delayed initial adhesion phase but ultimately developed biofilms of comparable volume to the motile strain during the maturation stage. LSFM was used to acquire high-resolution images, enabling the analysis of biofilm formation dynamics. Our results showed that flagellar motility facilitates, but is not essential for the early stages of biofilm development. Despite the delay, the non-motile strain achieved similar biofilm volume, suggesting that motility enhances the efficiency of surface colonization but does not entirely determine biofilm development. These findings highlight the relevance of flagella in dynamic biofilm models and provide valuable insights into catheter-associated UTI pathogenesis, supporting the development of strategies to prevent biofilm-related infections in clinical settings.

Keywords: Uropathogenic *Escherichia coli*, Urinary tract infection, Biofilm formation, Flagellar motility, Dynamic culture

Financing: Work supported by the Chilean National Agency for Research and Development (ANID) projects ICM P09-015-F, FONDECYT 1211988, FONDEQUIP EQM210020 & EQM130051, FONDEF 23110337 and Regional Binational Project Cooperacion SUR-SUR AUCI/AGCID



BIL-URY-2019-661.

Acknowledgments: Work supported by the Chilean National Agency for Research and Development (ANID) projects ICM P09-015-F, FONDECYT 1211988, FONDEQUIP EQM210020 & EQM130051, FONDEF 23110337 and Regional Binational Project Cooperacion SUR-SUR AUCI/AGCID BIL-URY-2019-661.



Detección de mecanismos de resistencia a fosfomicina en cepas de *Escherichia coli* productoras de betalactamasas de espectro extendido obtenidas de pacientes pediátricos con infección del tracto urinario

Jocelin Merida Vieyra¹, Alejandra Aquino Andrade¹, Agustín De Colsa Ranero², Laura Belmont Monroy¹

(1) Instituto Nacional de Pediatría, Laboratorio de Microbiología Molecular, Insurgentes Sur 3700C, Insurgentes Cuicuilco, Coyoacán, Ciudad de México, México

(2) Instituto Nacional de Pediatría, Infectología Pediátrica, Insurgentes Sur 3700C, Insurgentes Cuicuilco, Coyoacán, Ciudad de México, México

Objetivo. Detectar mecanismos de resistencia a fosfomicina (FOS) en cepas de *E. coli* productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) obtenidas de pacientes pediátricos con infección del tracto urinario (ITU).

Material y métodos. Se incluyeron 165 aislamientos de *E. coli* productores de BLEE obtenidos de urocultivos de pacientes pediátricos con ITU. La prueba de susceptibilidad a FOS se realizó por el método de difusión en disco, de acuerdo con las guías del Clinical and Laboratory Standards Institute. A las cepas intermedio (I) o resistente (R) a FOS, se les buscaron por PCR los genes *murA*, *glpT*, *uhpT* y alelos de *fos* (A3, A4, A5, A6, B, B2, C, C2, L y X). Los amplificados de los genes *murA*, *glpT* y *uhpT* se secuenciaron y analizaron mediante herramientas bioinformáticas para buscar cambios asociados con la resistencia a FOS.

Resultados. En 16 cepas se detectó resistencia a FOS; mientras que cinco se clasificaron como I. De los alelos de *fos*, solo se detectaron *fosA* (n=1) y *fosL* (n=2). En *MurA*, se observaron cambios en dos aislamientos (A343T y P99S, uno cada uno). En *GlpT*, se encontraron L297F, E443Q y Q444E, n=10; K448E, n=3; G170D, n=1; ausencia del gen, n=1 y en seis cepas no se detectaron cambios. En *UhpT*: E350Q, n=8; Q459stop, n=1; presencia de IS4, n=1; D320H, L336V, A339P, n=1; ausencia del gen, n=3 y siete aislamientos sin cambios.

Conclusiones. El 9.7% de los aislamientos de *E. coli* fue resistente a FOS. La presencia de enzimas modificadoras no fue el principal mecanismo de resistencia. En los transportadores *GlpT* y *UhpT*, se encontraron cambios que pueden estar implicados en la resistencia. Es necesario explorar la participación de los genes reguladores (*UhpA*, *UhpB* y *UhpC*) en la resistencia a FOS.

Keywords: infección del tracto urinario, *Escherichia coli*, pediatría, fosfomicina, México

Financing: Recursos Fiscales modalidad A del Instituto Nacional de Pediatría, 2024 y 2025 (Registro INP 2013/066 y 2025/006)CONACyT/FOSISS 2012-1-181041

Acknowledgments: dfgdfgdfg



Evaluation of the growth of *Klebsiella* sp. IBU-8 for ibuprofen degradation under in vitro conditions.

Isabella Luna-Landa¹, Natalia Chavez-Maldonado¹, Lester Emmanuel López-Cruz¹, Ximena Romero-García¹, Sigrid Paola Ortiz-Ríos¹, Leillany Labra-Lopez¹

(1) Universidad Iberoamericana de Puebla, Departamento de Ciencias e Ingenierías, Laboratorio de Ecología y Biotecnología Aplicada, Blvd del Niño Poblano 2901, Unidad Territorial Atlixcáyotl, Centro Comercial Puebla, 72820 San Andrés Cholula, Pue., San Andrés Cholula, México

Since the early 2000s, emerging contaminants (ECs), such as non-steroidal anti-inflammatory drugs (NSAIDs), have been recognized for their negative impact on human health and the environment. Compounds like sodium naproxen and ibuprofen, detected in surface and groundwater, can damage the immune system and disrupt aquatic organisms. Bioremediation, which uses microorganisms to degrade pollutants, presents a viable solution. This study evaluated the degradation potential of the bacterial isolate *Klebsiella* sp. IBU-8 using 1 mM of the compounds as the sole carbon source under in vitro conditions.

A bacterial strain isolated from vermicompost soil and previously identified as a potential ibuprofen degrader was selected. The *Klebsiella* IBU-8 isolate was evaluated in mineral minimal medium supplemented with 1 mM ibuprofen as the sole carbon source, in triplicate. Colony-forming units (CFU/mL) were quantified every 3 days for up to 12 days post-inoculation. The CFU/mL quantification method used was Massive Sealed Plate Droplet (GSPM). The enzymatic activity of 2,3-catechol dioxygenase was quantified by spectrophotometry at 375 nm, using samples taken from three different flasks containing MM9 + 1 mM ibuprofen inoculated with the bacterium on days 0, 3, 6, and 12 of monitoring.

Growth of the *Klebsiella* sp. IBU-8 isolate in MM9 with 1 mM ibuprofen increased from day 3, reaching 9.26 Log CFU/mL—4.2 times higher than at time zero—and remained at 8 Log CFU/mL until day 12. In the study with *Klebsiella* sp. IBU-8, expression of the 2,3-catechol dioxygenase enzyme was detected in the culture medium supernatant, correlating with bacterial growth when ibuprofen was the sole carbon source. This extracellular enzyme showed higher expression after day 6 of inoculation, suggesting its key role in the metabolism and degradation of these compounds.

Keywords: NSAIDs, bioremediation, dioxygenase, degradation

Financing: Laboratorio de Ecología y Biotecnología Aplicada (LEBA) through the Dirección de Investigación y Posgrado and the Instituto de Diseño e Innovación Tecnológica (IDIT)

Acknowledgments: I thank the Dirección de Investigación y Posgrado, the Instituto de Diseño e Innovación Tecnológica and my advisor Lester López from Laboratorio de Ecología y Biotecnología Aplicada for their support during the development of this research.



Characterization of Malaria Infections in Migrant Populations: A Tool to Inform Epidemiological Surveillance in Honduras

Gustavo Fontecha¹, Ashley Godoy¹, Kevin Euceda¹, Alejandra Pinto¹

(1) UNAH, Instituto de Investigaciones en Microbiología, Ciencias, Ciudad Universitaria, edificio J1, Tegucigalpa, Honduras

Abstract: As Honduras approaches malaria elimination, imported infections pose a growing challenge to disease surveillance and control. In this study, we analyzed 14 molecular markers—six from *Plasmodium falciparum* and eight from *P. vivax*—in samples from local and migrant subjects to assess their utility in differentiating local versus imported infections. All *P. falciparum* isolates carried the wild-type *pfcr*t haplotype associated with chloroquine susceptibility. However, polymorphisms in *pfmdr*1, *pfama*1, *pfglur*p, and *pfs*47 revealed distinct genotypes in migrant versus local samples, suggesting external origins. For *P. vivax*, three novel *pvcsp* VK210 haplotypes and the first detection of a VK247 variant in Honduras were identified in migrants. Additional novel haplotypes were found in *pvm*sp1, *pvm*sp3 α , *pvm*sp3 β , *pvs*47, and *pvs*48/45. Several of these markers—particularly *pfmdr*1, *pfs*47, *pvs*47, and *pvs*48/45—proved informative for inferring geographic origin. This study demonstrates the value of molecular surveillance in low-transmission settings, supporting public health efforts by identifying potentially imported cases and providing tools to distinguish relapses from reinfections.

Keywords: Migration, Malaria, Honduras, molecular markers

Financing: UNAH



ESTABILIZACIÓN DE LA FRACCIÓN PROTEOLÍTICA PIG10 MEDIANTE ENCAPSULACIÓN, PARA LA EXTENSIÓN DE SU ACTIVIDAD CATALÍTICA, LIBERACIÓN Y EXPRESIÓN DE SU ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA CONTRA BOTRYTIS CINEREA

Jonathan Cisternas Jamet^{1,2,3}, Claudia Bernal⁴, Verónica Plaza³, María José Torres⁵, Carlos Salas⁶, Luis Castillo³

(1) Universidad Santo Tomás, Ciencias Básicas, Ciencias, Panamericana Norte 1068, La Serena, Chile

(2) Universidad de La Serena, Ingeniería en Alimentos, Ingeniería, Raúl Bitrán 1305, La Serena, Chile

(3) Universidad de La Serena, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Raúl Bitrán 1305 (Colina El Pino), La Serena, Chile

(4) Universidad de La Serena, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Raúl Bitrán 1305, La Serena, Chile

(5) Universidad de Santiago de Chile, Departamento en Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Av. Alameda Libertador Bernardo O'Higgins, 9170022 Estación Central, Santiago, Chile

(6) Universidad Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciencias Biológicas, Av. Antonio Carlos 6627, Belo Horizonte, Brasil

PIG10 es una fracción proteolítica obtenida a partir del látex de papaya (*Vasconcellea pubescens*), la cual está constituida por una mezcla de 12 isoenzimas caracterizadas con actividad amidasa¹. Su actividad enzimática es responsable de su capacidad antifúngica contra varios fitopatógenos, entre los que destaca *Botrytis cinerea*. La encapsulación de la fracción proteolítica PIG10, por complejación de polielectrolitos mediante quitosano (CS) y alginato (ALG), resulta ser una estrategia apropiada² para mantener su actividad enzimática. Al evaluar las razones másicas ALG/CS se obtuvo un valor máximo de rendimiento de encapsulación de 89.7 % para una razón ALG/CS de 1.0. Por otra parte, al utilizar razones iguales o superiores a 0.80 se obtuvieron rendimientos de encapsulación de proteína de 60.5 % y 74.4 % para razones de 0.9 y 1.0. Se concluyó que utilizando una concentración de NaCl de 0.3 M se logra un 90 % de liberación acumulada de la proteína a las 48 horas, permitiendo que PIG10 logre interactuar con *B. cinerea*. Considerando las condiciones de encapsulación y liberación de PIG10, se procedió a evaluar la inhibición que el encapsulado (ALG-CS-PIG10) pudo producir sobre el crecimiento de *B. Cinerea*. La determinación de la dosis que inhibe el 50 % del crecimiento del fitopatógeno mediante regresiones no lineales permitió la aplicación del encapsulado en la concentración de 11 mg/mL (IC₅₀) la cual afectó, significativamente, la capacidad de adhesión de *B. Cinerea* en un 80 % y aumentó la sensibilidad a agentes perturbadores de la membrana plasmática tales como Blanco de Calcoflúor y Rojo Congo. Paralelamente, la evaluación de la sensibilidad de *B. cinerea* frente a mezclas de enzimas hidrolíticas como zimoliasa mostró que el fitopatógeno vio reducida la viabilidad de sus esporas en un 40 % al aplicar el IC₅₀ determinado para el encapsulado.



Keywords: Fracción proteolítica P1G10, Encapsulación, Actividad antifúngica, Botrytis cinerea, Inhibición

Financing: Departamento de Ciencias Básicas-Universidad Santo Tomás

Acknowledgments: Departamento de Ciencias Básicas-Facultad de Ciencias-Universidad Santo Tomás



Detección fenotípica y por PCR de carbapenemasas en *Pseudomonas aeruginosa* de origen hospitalario en Trujillo, Perú (2022)

Pedro Mercado Martínez¹, Percy Esteban Asmat Marrufo², Luis Emanuel Iglesias Sánchez³, César Antonio Arteaga Benites⁴, Lennis Antonio Reyna López⁵, Elio Fernando Ávila Vereau⁶, David Zavaleta Verde^{5,7}

(1) Universidad Privada Antenor Orrego, Ciencias, Ciencias de la Salud, Avenida América Sur s/n, Trujillo, Perú

(2) Universidad Privada Antenor Orrego, Medicina, Medicina, Avenida América Sr s/n, Trujillo, Perú

(3) Universidad Nacional de Trujillo, MICROBIOLOGIA, CIENCIAS BIOLOGICAS, Avenida Juan Pablo II s/n, Trujillo, Perú

(4) Universidad Nacional de Trujillo, Microbiología, Ciencias Biológicas, Avenida Juan Pablo II s/n, Trujillo, Perú

(5) Universidad Privada Antenor Orrego, Medicina, Medicina, Avenida América Sur s/n, Trujillo, Perú

(6) Universidad Privada Antenor Orrego, Medicina, Medicina, Avenida América Sur s/n, Trujillo, Perú

(7) Universidad Nacional de Trujillo, MICROBIOLOGIA, CIENCIAS BIOLOGICAS, Avenida Juan Pablo II s/n, Trujillo, Perú

Las carbapenemasas son enzimas que confieren resistencia a los antibióticos carbapenémicos, de amplio espectro, y representan un desafío clínico creciente, especialmente en entornos hospitalarios. *Pseudomonas aeruginosa*, un patógeno oportunista común en estos ambientes, es uno de los principales responsables de infecciones intrahospitalarias debido a su capacidad de producir estas enzimas. El presente estudio tuvo como objetivo evaluar la presencia de carbapenemasas en cultivos clínicos de *P. aeruginosa* recolectados en hospitales de Trujillo, Perú, durante 2021. Se analizaron 41 cultivos que presentaban resistencia o sensibilidad intermedia a algún carbapenémico, según antibiograma. La detección fenotípica de carbapenemasas se realizó mediante el Método de Inactivación de Carbapenem (mCIM), y la clasificación enzimática se llevó a cabo con la Prueba de Discos Combinados. Los cultivos positivos fueron posteriormente evaluados por PCR. La extracción de ADN se efectuó utilizando el kit QIAamp DNA Mini (QIAGEN, Alemania), y se realizó una PCR múltiple empleando cebadores específicos para los genes KPC (916 pb), OXA-48-Like (775 pb), NDM (512 pb), IMP (404 pb) y VIM (261 pb), siguiendo el protocolo del Laboratorio de Enterobacterias del Instituto Nacional de Salud del Perú. La amplificación se desarrolló en un termociclador Analytik Jena (Alemania), y los productos de PCR se analizaron por electroforesis en gel de agarosa al 1.5 %, aplicando 120 V durante 30 minutos, con visualización final en un fotodocumentador del mismo fabricante. Se incluyeron dos controles negativos: *Escherichia coli* ATCC 25922 y el cultivo P33 de la muestra que dio negativo a las pruebas fenotípicas. De los 41 cultivos evaluados, 21 resultaron positivos en la prueba mCIM; de estos, 16 fueron identificados como productores de metalobetalactamasas (MBL) mediante la Prueba de Discos Combinados. Posteriormente, la PCR confirmó que todos estos cultivos expresaban genes del grupo MBL: 12 con el gen IMP y 4 con el gen VIM.



Estos hallazgos demuestran la utilidad de la PCR como método confirmatorio eficaz para validar resultados fenotípicos en la detección de carbapenemasas.

Keywords: Carbapenemasa, *Pseudomonas aeruginosa*, Resistencia, PCR

Financing: Trabajo financiado por el Fondo de Apoyo a la Investigación FAIN-2024 de la Universidad Privada Antenor Orrego Trujillo-Perú

Acknowledgments: Al Blgo. Dr José Ernesto Manuel Hidalgo Rodríguez, por el uso de la foto documentadora de su laboratorio en la UPAOAI Laboratorio de Referencia Regional en Salud Pública la Libertad



Biocementation of iron ore residues (overburden) by accelerating microbial iron cycling for restoration of canga ecosystems, southeastern Amazon

Rayara Silva¹, Douglas Barros², Patrick Romano², Lorival Tyski³, César Neto³, José Bitencourt², Rômulo Angélica⁴, Julio Moreira¹, Patrícia Silva¹, Adriano Lucheta¹, Markus Gastauer²

(1) SENAI Innovation Institute for Mineral Technologies, Tv. Doutor Moraes, 78, Belém, Pará, Brazil

(2) Vale Technological Institute, R. Boaventura da Silva, 955, Belém, Pará, Brazil

(3) VALE S.A, Parauapebas, Pará, Brazil

(4) Federal University of Pará, Post-graduation Program in Geology and Geochemistry, R. Augusto Corrêa, Belém, Pará, Brazil

Biogeochemical cycling of iron is considered a key driver in the formation and long-term stabilization of ferruginous crusts, or canga, ancient geological formations typical of tropical regions hosting iron ore deposits. In Brazil, the crusts of the Serra dos Carajás (southeastern Amazon) stands as an example, supporting unique ecosystems with approximately 38 endemic plant species and overlying one of the world's largest iron ore reserves. Recognizing the ecological and economic significance of these landscapes, we conducted a biocementation experiment. Its objective was to develop a technique for post-mining restoring of ferruginous crusts within the Serra dos Carajás. The study focused on cementating an unconsolidated iron mining overburden through the dissolution of iron oxides by iron-reducing bacteria, followed by subsequent precipitation of secondary iron minerals. The experimental area comprises 1,800 m², divided into three subareas, representing distinct biocementation treatments: I - control (only water), II - biostimulation (solution containing nutrients and sugar), and III - bioaugmentation (solution with nutrients, sugar, canga fragments, and iron-reducing microorganisms). To monitor progress, six samples were collected in each subarea at the end of the rainy season (April 2024) and dry season (October 2024). Preliminary results demonstrated the success of biologically-induced consolidation of the substrates (treatments II and III). These areas developed compact structures characterized by iron oxyhydroxide clasts (hematite and goethite) embedded within a matrix of iron oxyhydroxide and kaolinite, with minor gibbsite, anatase, and quartz, identified by X-ray diffraction and quantified after Rietveld refinement. Petrographic analysis revealed a heterogeneous fabric composed of relict clasts (> 2 mm) and a fine-grained matrix (~ 0.180 mm). Scanning electron microscopy provides evidence of biomineralization, including precipitation of siderite along the hematite-matrix interface, and biofilm structures with microbial cells acting as nucleation sites for iron oxide mineral precipitation. 16S rRNA sequencing indicate the presence of indigenous microorganisms within the experimental area, possessing the functional capabilities necessary for biocementation. These results demonstrate the potential of biocementation for canga restoration, paving the way for rehabilitation of amazonian ecosystems.

Keywords: biocementation, iron-reducing bacteria, biofilms, sustainability, mining



Financing: Vale S.A., Vale Technological Institute, and SENAI Institute of Innovation in Mineral Technologies

Acknowledgments: The authors acknowledge Vale S.A. for providing the experimental site and infrastructure, and the SENAI Institute of Innovation in Mineral Technologies and the Post-graduation Program in Geology and Geochemistry from the Federal University of Pará for the analytical facilities.



Biocompósitos fúngicos a partir de nanopartículas de magnetita (Fe_3O_4) y hongos entomopatógenos (*Beauveria* sp y *Nomuraea* sp) como cyborgs simples magnetosensibles y direccionables.

Jorn Salinas^{1,2}, René Manzano^{1,2}, Ulises Salazar², Ricardo Munguía¹

(1) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Instituto de ciencias (ICUAP), Ciencias biológicas, Av San Claudio 1814, Jardines de San Manuel, 72570 Heroica Puebla de Zaragoza, Pue., Puebla, Pue., México

(2) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Instituto de física “Ing Luis Rivera Terrazas” (IFUAP), Ciencias Físico-Matemáticas, Av. Autonomía entre andador universitario y calle de la educación, Cd Universitaria, Cdad. Universitaria, 72592 Heroica Puebla de Zaragoza, Pue., Puebla, Pue., México.

La integración de organismos biológicos con materiales sintéticos ha dado lugar a biocompósitos innovadores con aplicaciones biotecnológicas; este estudio presenta biocompósitos fúngicos, descritos como cyborgs simples, formados por hongos entomopatógenos (*Nomuraea* sp y *Beauveria* sp) y nanopartículas de magnetita (Fe_3O_4 , 15 mg/mL) suplementadas con zinc, diseñados para ser magnetosensibles y direccionables mediante campos magnéticos. Los hongos, cultivados axénicamente, se inocularon en pozos centrales de medios sólidos dextrosa-Sabouraud con cloranfenicol modificado: “Noir” (tinta china) y agar “Gojira” (fluoresceína), junto con un gel semilíquido que contenía nanopartículas, agar dextrosa Sabouraud y fluoresceína; imanes de neodimio (3500 gauss) se dispusieron en la parte lateral de las cajas; a su vez se usaron imanes cuadrados (1000 gauss) para formar configuraciones lineales, cruzadas y circulares dentro del agar con la finalidad de inducir patrones de crecimiento. La incorporación de nanopartículas en las hifas fue confirmada por microscopía electrónica de barrido (SEM); las nanopartículas incorporadas otorgaron magnetosensibilidad, permitiendo que el consorcio creciera hacia el imán en ~5 días, con mayor velocidad en la dirección del campo. En los ensayos con imanes cuadrados, los biocompósitos formaron patrones precisos siguiendo líneas de campo magnético en ~6 días, asemejándose a limaduras de hierro. En contraste, *Aspergillus* sp., usado como control, no mostró respuesta magnética, destacando la especificidad de los hongos entomopatógenos; estos cyborgs simples, al combinar la biología fúngica con la funcionalidad magnética de las nanopartículas, abren nuevas perspectivas para organismos dirigidos en control biológico, agricultura de precisión y remediación ambiental; sin embargo se requieren estudios para evaluar su escalabilidad e impacto ambiental.

Keywords: Biocompósitos, Nanopartículas, Magnetobiología, Hongos entomopatógenos, Control biológico

Financing: Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, ICUAP, Instituto de física “Ing Luis Rivera Terrazas”

Acknowledgments: D.C Ricardo Munguía Pérez.D.C Ulises Salazar Kuri.



Prevalencia y Resistencia antibacteriana en bacterias uropatógenas de atención primaria en Santiago de Chile

Noelia Valdivia Contreras^{1,2}, Edison Cerda³, Carlos Vergara³, Jessica Bravo², Katia Fernández¹

(1) Universidad Diego Portales, Facultad de Salud y Odontología, Av. Manuel Rodríguez 253, 8340263, Región Metropolitana, Santiago, Chile

(2) Universidad Diego Portales, Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina, Av. Ejército Libertador 141, Santiago, Chile

(3) Laboratorio Comunal de Conchalí, Av. Independencia 5663, Conchalí, Región Metropolitana, Santiago, Chile

Las infecciones del tracto urinario (ITU) representan una de las causas más frecuentes de consulta médica a nivel mundial, con una incidencia estimada de 150 millones de casos al año. En América Latina, se reportan tasas que alcanzan entre un 20% y 25% de prevalencia anual en mujeres adultas, mientras que en Chile, las ITU figuran entre las principales causas de prescripción de antibióticos en atención primaria, con una incidencia aproximada del 15% en población femenina. Esta alta frecuencia, sumada al uso extensivo e inadecuado de antibacterianos, ha favorecido la emergencia de cepas bacterianas multirresistentes, especialmente en contextos comunitarios. En este escenario, el estudio de los mecanismos de resistencia en patógenos uropatógenos se vuelve esencial para diseñar estrategias de control efectivas y racionalizar el uso de los antibióticos correspondientes.

El presente estudio tuvo como objetivo caracterizar perfiles de resistencia fenotípica y genotípica en bacterias Gram negativas aisladas de pacientes con ITU en atención primaria, en la comuna de Conchalí, Santiago de Chile. Se analizaron 26 muestras clínicas obtenidas entre enero y noviembre de 2024. Los perfiles de susceptibilidad se evaluaron mediante antibiogramas convencionales, mientras que la presencia de genes de resistencia —como blaOXA, gyrA y parC— fue determinada mediante PCR multiplex. Este enfoque combinatorio permitió identificar correlaciones entre patrones fenotípicos y mecanismos moleculares de resistencia, brindando una visión integral del problema a nivel local. Se observó que *Escherichia coli*, presente en el 82,2% de las muestras, mostró una elevada resistencia a ampicilina, ciprofloxacino y levofloxacino, asociada directamente a la detección de genes como OXA, gyrA y parC, respectivamente. Este hallazgo evidencia mecanismos moleculares bien definidos de evasión terapéutica, ya descritos en la literatura, y refuerza la necesidad de integrar herramientas moleculares al diagnóstico clínico.

Los hallazgos de este estudio reflejan una alarmante prevalencia de resistencia antibacteriana en infecciones urinarias comunitarias en Chile, destacando la urgencia de implementar estrategias de vigilancia epidemiológica local, integrar pruebas genotípicas en la atención primaria y promover el uso racional de antibacterianos. Estas medidas permitirán optimizar los esquemas terapéuticos y contener la propagación de cepas resistentes en contextos comunitarios de América Latina.

Keywords: *Escherichia coli*, Resistencia, Antibiótico, ITU, PCR



Financing: Este estudio fue financiado por el proyecto Salud código 1180327006, UDP.

Acknowledgments: Agradecemos al laboratorio comunal de Conchalí, Facultad de Salud y Odontología, laboratorio de Productos Naturales Bioactivos, CIB, Universidad Diego Portales por el acceso a las muestras y por la infraestructura y apoyo académico durante la realización del estudio.



Exploring sex-specific patterns in acute and chronic response to OMVs administration in rats.

Yolanda Patricia Prado Angulo^{1,2,3}, Cristóbal Aravena¹, Jocelyn Tobar^{1,2,3}, Juan Fuentes^{2,4}, Felipe Simon^{1,2,3}

(1) Laboratorio de Fisiopatología Integrativa, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, República 330, Santiago, Chile

(2) Centro de Investigación en Resiliencia a Pandemias, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, República 330, Santiago, Chile

(3) Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Chile

(4) Laboratorio de Genética y Patogénesis bacteriana, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, República 330, Santiago, Chile

Background: Postinfectious syndromes following acute infectious diseases such as sepsis, represent a growing clinical burden. Bacterial outer membrane vesicles (OMVs) have been associated to long-term pathophysiological alterations promoting organ dysfunction and death. Although gender is a determinant factor in the progression of many diseases, sex-specific influence in responses during post-infectious period remain poorly understood.

Objective: To explore sex-dependent patterns in the acute and chronic systemic responses to OMVs administration in a rat model.

Methods: Male and female Sprague-Dawley rats received intravenous OMVs (3 mg/kg) or saline solution as control and were monitored over 15 days. Arterial blood gases, hematology, and biochemical panels were assessed at acute (6 h) and chronic (day 15) timepoints. Inflammatory trends were analyzed from hematological profile, while metabolic and organ function were analyzed through biochemical profile and gas exchange parameters.

Results: OMVs administration induced a sex- and time-dependent differential response. In females, the acute exposure (at 6 h) produced significant lactate accumulation and a neutrophil decrease, which transitioned by day 15 into neutrophilia and sustained elevations. Additionally, an increase in AST/ALT was observed. Males displayed only modest acute changes in lactate, gas exchange, leukocyte count, and hepatic enzymes that resolved by the chronic phase.

Conclusion: Post-infection sequelae induced by OMVs administration was accentuated and persistent in females when compared to males. These findings highlight the critical importance of integrating biological sex, treatment status, and timing into post-infectious research and support the development of sex-informed monitoring and therapeutic strategies.

Keywords: Post-infection, OMVs, Sepsis, Infection

Financing: Fondecyt Iniciación 11251245Fondecyt Regular 1241072Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia



Materiales residuales agroindustriales sostenibles en microbiología: Micomateriales en base a *Pleurotus djamor* en sustrato de cebada (*Hordeum vulgare*) y sus capacidades ignífugas y de reducción de ruido.

Elías Hernán Pinto Tokuda^{1,2}, Juan Carlos Ramos Gorbeña^{1,2}, Felix Ramos Guerrero¹

(1) Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP), Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

(2) Universidad Ricardo Palma, Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

Los residuos agroindustriales, no presentan un correcto aprovechamiento ya que solo presenta un 0.98% de uso y un 76.4% tiene potencial de reutilización (MINAM, 2020). Por ello, la cebada que se usa para la elaboración de emoliente, entraría en la economía circular, ya que esta misma es utilizada como sustrato para el hongo *Pleurotus djamor*. Por otro lado, la OMS menciona que la contaminación acústica es uno de los factores ambientales que provoca problemas en la salud, generando muertes prematuras y casos de cardiopatías. Asimismo, la facilidad que tienen los materiales de empaque para combustionar genera un riesgo constante. El objetivo de esta investigación es comprobar las capacidades ignífugas y de reducción de ruido que presenta el micelio del hongo *Pleurotus djamor*, cultivado en sustrato de cebada (*Hordeum vulgare*), en contraste con el cartón convencional, buscando ofrecer materiales alternativos para infraestructuras y empaques. Para ello, se preparó el micomaterial, esterilizando 150 g de cebada a 100°C por 15 minutos, se le añadió 5 g de yeso y se inoculó con 15 g de *Pleurotus djamor*, compactando en tupperware y deshidratando a 40°C por 14 horas en una estufa. Los resultados de las pruebas de resistencia al fuego, se realizaron con una exposición de llama directa durante los siguientes intervalos (5s, 10s y 20s). El micomaterial presentó una mayor resistencia, ya que el daño fue únicamente en la cara expuesta a la llama, mientras que el cartón mostró un mayor daño estructural en el material. Adicionalmente, se realizaron ensayos en la reducción de ruido, utilizando un sonómetro con una fuente sonora de referencia a 85 dB. Al cubrir parcialmente el sonómetro con cartón, se registró una disminución mínima, con valores entre 82 y 83 dB. En contraste al micomaterial, que obtuvo valores entre 73 y 75 dB. En conclusión, el micomaterial producido por el crecimiento del micelio de *Pleurotus djamor*, presenta propiedades ignífugas y de aislamiento acústico superiores al cartón. Esto evidencia que los biomateriales son una alternativa sostenible con propiedades ignífugas y aislantes de sonido, utilizando residuos de la agroindustriales y promoviendo construcciones sostenibles.

Keywords: Economía circular, Micomaterial, Contaminación Acústica, *Pleurotus djamor*, Material ignífugo

Financing: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)

Acknowledgments: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)



Caracterización morfológica y molecular del Virus del Papiloma Humano para diagnóstico temprano de neoplasias ginecológicas mediante método de imágenes y prueba genómica

Nuria Gonzalez-Duverge¹, Modesto Cruz¹, Carlos Rodriguez¹, Mario Fulcar¹, KM Monirul Islam¹

(1) Universidad Autonoma de Santo Domingo, Instituto de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencia, Ciudad Universitaria 10105, Distrito Nacional, República Dominicana

Las neoplasias ginecológicas es una de las principales causas de mortalidad en mujeres a nivel global, particularmente en países en vías de desarrollo. En la República Dominicana, esta patología sigue ocupando un lugar predominante, siendo el segundo tipo de cáncer más común entre las mujeres. La infección persistente por el Virus del Papiloma Humano (HPV), especialmente por los genotipos de alto riesgo: HPV-16 y HPV-18, es el principal factor etiológico en el desarrollo de neoplasias cervicales. A pesar de los avances en prevención, como la vacunación y los programas de cribado con la citología (prueba de Papanicolaou), el diagnóstico temprano sigue siendo un desafío, lo que retrasa el tratamiento y aumenta la mortalidad.

Este proyecto de investigación tiene como objetivo abordar esta problemática mediante integración de dos tecnologías avanzadas: la resonancia magnética (IRM) para la caracterización morfológica de las lesiones ginecológicas y prueba de reacción en cadena de polimerasa (PCR) para la identificación de variantes genómicas del HPV. La combinación de estos métodos permitirá no solo mejorar la precisión en la detección temprana de neoplasias ginecológicas, sino también desarrollar estrategias diagnósticas más eficaces y accesibles.

La implementación de esta investigación contribuirá a optimizar las herramientas de diagnóstico en el sistema de salud dominicano, impactando positivamente en la reducción de la mortalidad por neoplasias ginecológicas. Además, los resultados obtenidos sentarán las bases para futuras investigaciones en el área de la biomedicina y podrían influir en el diseño de políticas públicas enfocadas en la detección temprana y prevención de esta enfermedad

Keywords: Virus del Papiloma Humano, Resonancia Magnetica, Prueba genomica, neoplasia ginecologica

Financing: Financiamiento propio

Acknowledgments: Universidad Autonoma de Santo Domingo UASD Instituto de Microbiología y Parasitología IMPA



Descifrando el mecanismo molecular del “fitness cost” en *Streptococcus pneumoniae* que adquiere resistencia a macrólidos mediante elementos integrativos y conjugativos (EIC)

Xavier Miguel Boldo León^{1,4}, Ana G. Jop Vidal¹, Debduti Bhattacharjee³, Landon Murin¹, Austin A. Medders¹, Consuelo Bautista Muñoz^{1,5}, Babek Alibayov¹, Jorge E. Vidal^{1,2}

(1) University of Mississippi Medical Center, Department of Cell and Molecular Biology, 2500 North State Street, Jackson, MS, Estados Unidos

(2) University of Mississippi Medical Center, Center for Immunology and Microbial Research, 2500 North State Street, Jackson, MS, Estados Unidos

(3) University of Mississippi Medical Center, SURE Program, School of Graduate Studies in the Health Sciences, 2500 North State Street, Jackson, MS, Estados Unidos

(4) Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, Laboratorio de Genómica Microbiana y Biomedicina, División Académica de Ciencias de la Salud, Av. Gregorio Méndez # 2838-A, Col. Tamulté, Villahermosa, Tabasco, México

(5) Colegio de Postgraduados Campus Tabasco, Laboratorio de Biotecnología, Periférico Carlos A. Molina S/N Km. 3, Cárdenas, Tabasco, México

Antecedentes: Los elementos integrativos y conjugativos (EIC) son elementos genéticos móviles ubicados en el cromosoma, capaces de auto escindir y transferirse por conjugación a un receptor, diseminando la resistencia a los antibióticos. *Streptococcus pneumoniae* (Spn) porta EIC similares a Tn916 que codifican para resistencia a macrólidos, pero se ha demostrado que su transferencia se facilita mediante transformación. Investigamos el mecanismo molecular asociado con el costo de adaptación para la adquisición de resistencia a macrólidos portada en EIC por cepas de Spn, utilizando como modelo Tn2009 y Tn2010.

Métodos y resultados: Se utilizó la cepa de *S. pneumoniae* D39Str-Tmp con doble marcador de resistencia como receptora. El donante EIC fue GA16833Tet-Ery portadora de Tn2009 (23,5 kb) y GA44288 portadora de Tn2010 (26,3 kb). Las cepas se coincubaron en un modelo ex vivo (BioReactor) para inducir la recombinación genética. Se utilizaron placas de agar sangre con los antibióticos adecuados para obtener la densidad de cada cepa parental y seleccionar los transformantes D39 portadores de Tn2009 (D39Tn2009) o Tn2010 (D39Tn2010). Todos los transformantes D39 se analizaron mediante PCR de alto rendimiento, que incluyó serotipificación molecular, genes específicos de D39 y mapeo de diferentes genes a lo largo de Tn2009 y Tn2010. Con este enfoque, identificamos clones que adquirieron la totalidad de la EIC de 23,5 kb o 26,3 kb. Cabe destacar que la frecuencia de recombinación rF para la adquisición de Tn2009 fue de $1,89 \times 10^{-4}$, mientras que para Tn2010 fue de $4,6 \times 10^{-5}$. El modelo murino demostró que la colonización nasofaríngea fue similar en ratones inoculados con cualquiera de las cepas, D39, GA16833 o GA44288, pero la mortalidad y la colonización pulmonar aumentaron significativamente en los animales inoculados con D39.

Conclusión: Nuestros resultados preliminares indican que el costo de adaptación asociado con la adquisición de resistencia a macrólidos, a través de Tn2009 y Tn2010,



podría estar vinculado a la producción de T4SS. GA16833 (Tn2009) y GA44288 (Tn2010) mostraron un defecto en la colonización pulmonar y la supervivencia en el torrente sanguíneo en un modelo murino de enfermedad neumocócica.

Keywords: Spn, Macrólidos, Fitness Cost, EIC

Financing: El presente trabajo fue apoyado por los proyectos del National Institutes of Health (NIH), USA, 1R21AI144571-01, 1R21AI151571-01A1, and 1P20GM144041-01A1 7651 (JEV). XMBL fue apoyado por el Consejo Nacional de Humanidades, Ciencia y Tecnología (CONAHCYT), México.

Acknowledgments: Al Laboratorio del Dr. Jorge Vidal ubicado en el Departamento de Biología Celular y Molecular del Centro Médico de la Universidad de Mississippi, Estados Unidos por las facilidades para la realización de la estancia sabática.



Estudio fitoquímico y actividad antimicrobiana de extractos hidroalcohólicos obtenidos de plantas nativas de la Región San Martín, Perú

Roger Alberto Palomino Huarcaya¹, Adan Romero Vargas², Vilma Castillo Silva², Hans Patrick Panduro Reátegui², Jack Junior Verástegui Vega², Daniel Ñañez Del Pino², John Eder Collachagua Echevarría², Edgar Robert Tapia Manrique³

(1) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Departamento Académico de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias Biológicas, Calle Germán Amézaga 375, Lima, Perú

(2) Universidad Privada de Huancayo Franklin Roosevelt, Escuela Profesional de Ciencias Farmacéuticas y Bioquímica, Facultad de Ciencias de la Salud, Av. Giraldez Nro. 542, Huancayo, Perú

(3) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Jirón Puno 1002, Lima, Perú

La resistencia a microorganismos patógenos es un problema de salud pública en el mundo y el uso de extractos vegetales con propiedades antimicrobianas ha cobrado relevancia en la búsqueda de nuevas alternativas terapéuticas naturales. Los pobladores de la región San Martín (Perú) utilizan de forma empírica plantas nativas para el tratamiento de numerosas infecciones bacterianas.

El objetivo del estudio fue comprobar el efecto antimicrobiano de extractos vegetales de cinco especies nativas: *Passovia robusta* (Rusby) Kujit, *Trema micranthum* (L.) Blume, *Moringa oleifera* Lam., *Mansoa hymenaea* (DC.) A.H. Gentry y *Byrsonima crassifolia* (L.) Kunth; frente bacterias gram positivas y gram negativas.

Se recolectaron muestras de hoja y corteza, se secaron y trituraron hasta pulverización fina, se obtuvo el extracto hidroalcohólico, y se realizó el análisis fitoquímico según Olga Lock 1994. La actividad antimicrobiana del extracto a concentraciones de 25 mg/mL, 50 mg/mL y 100 mg/mL fue evaluada mediante el método de difusión en disco (método de Kirby-Bauer), asimismo se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) según Navarro-Pérez et al. 2021. A las especies vegetales, se realizó la identificación taxonómica botánica, la cual fue corroborada con la identificación molecular utilizando el gen *rbcl*.

De las cinco especies estudiadas, el extracto de corteza de *Byrsonima crassifolia* "indano" presentó actividad antimicrobiana frente a bacterias gram positivas como *Staphylococcus aureus* con una concentración mínima inhibitoria (CMI) de 0.195 mg/mL; no presentó actividad antimicrobiana frente a bacterias gram negativas. El análisis fitoquímico de este extracto reveló la presencia de compuestos fenólicos, flavonoides y taninos. El resto de especies no presentaron actividad antimicrobiana significativa.

La actividad antimicrobiana obtenida para *Byrsonima crassifolia* propone que este efecto está relacionado con la presencia de flavonoides y taninos hidrolizables, alterando la membrana celular bacteriana e interfiriendo en procesos metabólicos esenciales.



Se requiere más estudios para evaluar el potencial terapéutico en el tratamiento de infecciones bacterianas, aportando en la búsqueda de nuevos tratamientos antimicrobianos y la necesidad de validar científicamente sus propiedades medicinales.

Keywords: análisis fitoquímico, plantas nativas, extractos vegetales, actividad antimicrobiana, CMI

Financing: El trabajo contó con el autofinanciamiento de docentes de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, como de alumnos y docentes de la Universidad Privada de Huancaayo Franklin Roosevelt.

Acknowledgments: A los pobladores de las provincias de Moyobamba y Rioja (San Martín), quienes contribuyeron en la colecta de las especies vegetales nativas.



Caracterización morfológica y distribución de vectores transmisores de Arbovirus por Dengue, Chikungunya, Zika, Región Sur, Rep. Dominicana.

Akemi Tabata¹, Modesto Cruz¹, Alessio Gasparotto², Carlos Jose Peña¹, Fiona Hunter²

(1) Instituto de Microbiología y Parasitología, IMPA, Facultad de Ciencias, Santo Domingo, Republica Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo, Republica Dominicana

(2) Universidad de Brock & Canada, Entomología Médica, 1812 Sir Isaac Brock Way, St. Catharines, ON L2S 3A1, Canadá, Toronto, Canada

Las Arbovirosis son enfermedades emergentes transmitidas por artrópodos. Dengue (DENV), Chikungunya (CHIKV) y Zika (ZIKV) son enfermedades que comparten en común los vectores *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*. Su distribución ha ido en aumento a nivel mundial, debido a factores como el cambio climático, socioeconómicos y movimientos migratorios, sobre todo en zonas tropicales y subtropicales, convirtiéndose en problemas de Salud Pública para las regiones de América. En ese sentido nos planteamos, cuál sería la distribución de los vectores responsables de estas enfermedades en la Región Sur de República Dominicana. El objetivo es determinar la distribución y caracterización morfológica de los vectores transmisores de estas Arbovirosis, esencial para la planificación e identificación de estas áreas que podrían estar en riesgo. Donde se realizaron capturas en diferentes provincias de la Región Sur utilizando mallas, trampas BG1, BG2 y CDC. Además de colectas de larvas para confirmación de las especies colectadas en las trampas, luego ser transportadas al Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA-UASD) para su identificación morfológica. La cual el mosquito *Aedes aegypti* estuvo presente en la mayoría de las provincias que se realizaron las capturas. En conclusión esto indica una posible transmisión de los virus en estas áreas, donde se correlaciona con los datos reportados de la aparición de casos notificados de estas enfermedades.

Keywords: Arbovirus, Vectores, *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, Distribucion



Estilo de vida urbano y rural como modulador de la microbiota intestinal.

Araceli Solar Martínez¹, Melissa Escalante Avila¹, Claudia Fabiola Martínez de la Peña¹

(1) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Laboratorio de biología molecular de enteropatógenos, Facultad de Medicina, 24 sur y Av. San Claudio Ciudad Universitaria C.P. 72570, Puebla, México.

La microbiota intestinal se puede ver influenciada por múltiples factores, como el ambiente, la dieta, uso de medicamentos, principalmente antibióticos, y su entorno social. En este estudio, se comparó la composición microbiana intestinal de individuos de zona urbana y rural con el objetivo de analizar su diversidad, la presencia de patógenos clínicamente relevantes y los patrones de resistencia antimicrobiana, en relación con su estilo de vida.

Se recolectaron 30 muestras fecales de adultos sanos, de 18 a 28 años, en dos comunidades con características socioambientales contrastantes. Se realizaron cultivos en medios selectivos para el aislamiento de bacterias de interés, incluyendo *Clostridioides difficile*, *Salmonella* spp. y *Staphylococcus aureus*. Además, se aplicaron encuestas para documentar hábitos alimenticios, historial de consumo de medicamentos, prácticas de higiene, contacto con animales e historial clínico. Los aislamientos obtenidos fueron sometidos a la aplicación de PCR para su confirmación y pruebas de susceptibilidad.

Los resultados preliminares muestran mayor diversidad microbiana en los individuos de la zona rural, asociada a una dieta rica en fibra, así como una mayor incidencia de portadores asintomáticos de *Salmonella* spp., *Clostridioides difficile* y *Staphylococcus aureus*, lo que muestra una posible relación con la exposición a fuentes ambientales contaminadas y contacto constante con animales de granja. También, se detectaron los mismos patógenos en individuos de la zona urbana, y estos se relacionaron con una dieta baja en fibra y rica en grasas. Además, se observó crecimiento bacteriano en medios suplementados con Ceftriaxona (4 mg/L) y Meropenem (8 mg/L), lo que indica la presencia de poblaciones resistentes dentro de la microbiota intestinal.

Estos hallazgos sugieren que el estilo de vida podría influir en la diversidad microbiana intestinal, y en la colonización por patógenos, observándose posibles diferencias entre zonas urbanas y rurales tanto en el tipo de patógenos presentes como en la intensidad de la enfermedad. Estos contrastes podrían estar relacionados con variaciones en la dieta, el uso de antibióticos, la exposición ambiental y las prácticas de higiene. En conjunto, los hallazgos resaltan la importancia de integrar variables microbiológicas, sociales y ambientales para comprender mejor la salud intestinal y la resistencia antimicrobiana.

Keywords: Microbiota intestinal, Zona rural, Zona urbana, Estilo de vida, Resistencia antimicrobiana



Evaluación del efecto antimicrobiano del aceite esencial de *Hibiscus sabdariffa* L. “Flor de Jamaica” como desinfectante en superficies inertes en contacto con alimentos: Estudios Preliminares

Luz Angela Meza Yance^{1,2}, Jeanfranco Fredy Rivas Narrea^{1,2}, Juan Carlos Ramos Gorbeña^{1,2}, Fred García Alayo¹

(1) Universidad Ricardo Palma, Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

(2) Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP), Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

El uso prolongado de desinfectantes químicos en la limpieza de superficies inertes puede generar efectos adversos en la salud humana, animal y ambiente, asociándose con irritaciones cutáneas, enfermedades respiratorias y el desarrollo de resistencia antimicrobiana. En este contexto, los aceites esenciales, cuya composición a base de metabolitos secundarios les confiere propiedades antimicrobianas, se presentan como una alternativa sostenible y segura para las actividades de limpieza y desinfección. La presente investigación tiene como objetivo evaluar el efecto antimicrobiano del aceite esencial de *Hibiscus sabdariffa* L. “Flor de Jamaica” como desinfectante de superficies inertes analizando su actividad contra cepas bacterianas como *Escherichia coli*, *Staphylococcus* spp. y *Salmonella* spp. Se realizaron dos extracciones con el método Soxhlet usando dos solventes: alcohol (70°) y bencina; luego cada muestra fue sometida a un proceso de concentración utilizando un Rotavapor, de dicho modo, obteniendo el extracto final. Se llevaron a cabo pruebas químicas: Reacción de Shinoda, Prueba de cloruro férrico (Cl 3Fe) y NaOH 20%, para evidenciar la presencia de metabolitos: compuestos fenólicos y flavonoides. Para determinar el efecto antimicrobiano se realizaron dos concentraciones de ambas extracciones obtenidas: 100% y 50%. Luego, se elaboraron discos de sensibilidad impregnados con dichas concentraciones y se dejaron reposar durante 24 horas. Posteriormente, se prepararon placas con Agar Mueller–Hinton, con cuatro réplicas de cada concentración para cada cepa bacteriana. El antibiograma se realizó con cultivos jóvenes de 18 horas en caldo nutritivo, como controles negativos se emplearon discos impregnados con agua destilada, y como controles positivos: Amoxicilina y Ácido Clavulánico (AMC) 30 µg, Ciprofloxacina (CIP) 5 µg y Eritromicina (E) 15 µg para *E. coli*, *Salmonella* spp. y *Staphylococcus* spp., respectivamente. Transcurridas las 24 horas de incubación, se realizó la medición de los halos de inhibición en milímetros (mm) para determinar la actividad antimicrobiana. Se determinó que la extracción con alcohol generó halos de inhibición con mayores diámetros, asimismo el 100% mostró una mayor capacidad inhibitoria frente a las cepas bacterianas. Dichos resultados sugieren que el aceite esencial de *H. sabdariffa* L. se puede presentar como una alternativa viable para la elaboración de productos de desinfección de superficies inertes.

Keywords: Aceite esencial, Agentes bacterianos, Antibiograma, Desinfectantes, *Hibiscus sabdariffa* L.



Financing: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)

Acknowledgments: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)



Porphyrins as photosensitizing molecules in photodynamic antimicrobial therapy for multidrug-resistant strains of *Corynebacterium striatum*.

Fellipe de Oliveira Cabral^{1,2}, Gabriela Batista Alves², Arize Duarte Vieira², Cynara Luziet Lages do Nascimento², Cassius de Souza², Ana Luíza Mattos Guaraldi²

(1) Universidade Federal do Rio de Janeiro, Departamento de Microbiologia Médica, Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, Centro de Ciências da Saúde (CCS) – Bloco I Cidade Universitária – Ilha do Fundão, CEP 21941-902, Rio de Janeiro, Brasil

(2) Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Departamento de Microbiologia e Imunologia, Faculdade de Ciências Médicas, Avenida 28 de Setembro, 87 – Fundos. 3º. andar. Vila Isabel – Rio de Janeiro – RJ. CEP: 20551-030, Rio de Janeiro, Brasil

Corynebacterium striatum, previously considered harmless, is now recognized as an opportunistic pathogen capable of causing invasive infections and hospital-acquired outbreaks. There is a global increase in infections caused by its strains, including multidrug-resistant (MDR) strains, in both immunocompromised and immunocompetent patients. Outbreaks of MDR strains are common in ICUs, especially in patients with long hospital stays and exposed to broad-spectrum antimicrobials, making antimicrobial resistance a serious public health concern. Currently, vancomycin, teicoplanin, tetracycline, and linezolid are the most effective antimicrobials in vitro against corynebacteria. This study sought to investigate the influence of iron availability on antimicrobial susceptibility and endogenous porphyrin production in *C. striatum*, to use these porphyrins as an alternative antimicrobial therapy. Porphyrins are compounds that, under light, act as photosensitizers, generating reactive oxygen species that cause bacterial death. Five strains of *C. striatum* isolated from an outbreak at Pedro Ernesto University Hospital (HUPE) in Rio de Janeiro were studied. The strains were grown under standard conditions, iron-limited conditions, and iron-supplemented conditions. Porphyrins were detected by spectrophotometry. Subsequently, they were subjected to antimicrobial susceptibility testing by disk diffusion and exposed to LED light for 120 and 150 minutes for photosensitization. Initially, three strains were multidrug-resistant, while two were sensitive. The change in iron levels made some strains sensitive to moxifloxacin or rifampin and induced multidrug resistance in the initially sensitive strains. All strains remained sensitive to vancomycin and linezolid under all conditions. All strains produced porphyrins, in amounts that varied with the culture condition, with the highest production generally occurring under standard conditions. Most notably, when exposed to LED light, the number of viable cells was reduced to zero under one or more culture conditions for all strains. The fastest reductions occurred under conditions where porphyrin production was highest. The results indicate that iron availability significantly influences both *C. striatum*'s sensitivity to antimicrobials and porphyrin production, suggesting an important link between these factors. Furthermore, the study demonstrates that porphyrins can act as potent natural photosensitizers against *C. striatum*. Further investigation of these mechanisms is crucial to improving strategies to combat *C. striatum* infections, especially given the growing antimicrobial resistance.

Keywords: Iron, Porphyrins, *Corynebacterium striatum*, Antimicrobials, Photodynamic therapy

Financing: CAPES, FAPERJ, CNPq



Integrated Strategy for Identifying Antimicrobial Peptides in Environmental Genomes and Metagenomes: In Silico Prediction and Experimental Validation via Co-culture Assays

Abraham Espinoza-Culupú¹, Irving Vílchez Toribio¹, Samantha Rubio Vasquez¹, Mariella Farfán-López¹, Brizeth Molina Ramos¹, Mario Cueva Távara¹, Pedro Ismael Silva Junior², Pablo Ramírez Roca¹

(1) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Faculty of Biological Sciences, Av. Carlos Germán Amezaga 375, Cercado de Lima., Lima, Peru

(2) Butantan Institute, Laboratory for Applied Toxinology, Center of Toxins, Immune-Response and Cell Signaling – CeT-ICS/CEPID, Av. Vital Brasil, 1500 – Butantã, São Paulo – SP, 05503-900, Brasil, São Paulo, Brazil

In the face of the growing threat of antimicrobial resistance, the search for and identification of antimicrobial peptides (AMPs) has emerged as a promising alternative. In this study, in silico analysis was combined with experimental validation to identify AMP-coding genes from bacterial genomes and metagenomes of environmental origin from various South American countries.

In the genomic analysis, non-hemolytic peptides were identified in bacteria from Argentina (n=21), Brazil (n=35), Chile (n=6), Peru (n=4), Venezuela (n=3), Colombia (n=2), Uruguay (n=2), Ecuador (n=1), and Bolivia (n=1). On the other hand, the metagenomic analysis revealed high-probability AMPs in Argentina (n=103), Brazil (n=98), Chile (n=92), Peru (n=37), Colombia (n=45), Ecuador (n=26), and Uruguay (n=26). Multiple bioinformatic tools (MACREL, AMP Scanner v2, CAMPR3, AntiCP2, PreAIP, PepNet, ToxinPred, and mACPPred) were used to evaluate their antimicrobial, anti-inflammatory, anticancer potential, and toxicity.

Complementarily, environmental strains of *Shewanella* and *Streptomyces* isolated from Peruvian environments were cultivated and co-cultured with pathogenic strains such as *Escherichia coli* and *Acinetobacter baumannii*. The resulting supernatants were fractionated using acetonitrile (ACN), and the fractions eluted with 5% and 40% ACN showed antimicrobial activity in agar and microplate assays. Additionally, SDS-PAGE gel electrophoresis was performed, revealing the presence of low-molecular-weight proteins (<20 kDa), suggesting the presence of bioactive peptides or small proteins.

These findings reinforce the value of integrating in silico and experimental approaches for the discovery of new AMPs in the South American environmental microbiota, opening opportunities for their application in biotechnology and public health.

Keywords: Antimicrobial peptides (AMPs), Genome mining, Secretome, Bioprospecting, Co-culture

Financing: This work was funded by CONCYTEC and PROCENCIA through the call “E067-2023-01 Special Projects,” contract PE501084176-2023, supporting the incorporation of postdoctoral researchers in Peruvian institutions for scientific research and advanced studies.



Caracterización preliminar microbiológica de la cueva Indígena Vicenta ubicada en Serranía de Bañaderos, La Guajira, Colombia

Samuel Alexander Espinosa Téllez¹, Juan Sebastián López Caro^{1,2}, Ana María Rodríguez Bustos^{1,2}, Virginia Roa Angulo^{1,3,4}

(1) Universidad El Bosque, Ciencias, Biología, Ak 9 #131a-2, Bogotá, Colombia.

(2) Asociación Espeleológica Colombiana (ESPELEOCOL), Bogotá, Colombia.

(3) Universidad El Bosque, Vicerrectoría de Investigaciones, Instituto de Salud y Ambiente, CII 131 No. 7A-68, Bogotá, Colombia.

(4) Universidad El Bosque, Ciencias, Grupo de Investigación en Biología, Ak 9 #131a-2, Bogotá, Colombia.

Abstract: Las cavidades subterráneas comprenden ecosistemas con condiciones peculiares, caracterizados por temperaturas bajas, poca o nula circulación de corrientes de aire y ausencia de luz solar. Estos parámetros limitan la presencia de productores primarios fotosintéticos, lo que genera flujos de energía reducidos y convierte a estos ambientes en sistemas oligotróficos. En este contexto, el crecimiento de diversos agentes microscópicos se ve condicionado por tales limitaciones, lo que resulta en adaptaciones exclusivas en comparación con los organismos del medio externo. Por ello, resulta relevante estudiar las distintas especies de hongos y bacterias presentes en estas cavidades subterráneas.

Por consiguiente, el presente estudio representa un primer esfuerzo por caracterizar las comunidades microbianas de la cueva Indígena Vicenta, ubicada en la Serranía de Bañaderos, La Guajira, Colombia. Estos ecosistemas son de gran importancia debido a las diversas relaciones ecológicas que albergan, incluyendo especies potencialmente patógenas o microorganismos que podrían actuar como nuevos vectores de enfermedades, especialmente en interacción con la fauna cavernícola, como los murciélagos y ranas presentes en la cavidad. Se tomaron hisopados de las paredes internas de la cavidad, así como la recolección de sustrato, de modo que las muestras fueron sembradas en medios de cultivo como: Agar MacConkey, Agar Sangre, Agar BHI, Agar Potato Dextrosa y Agar Sabouraud Dextrosa, y posteriormente analizadas a través de técnicas morfológicas, microscópicas y bioquímicas. Como resultado preliminar se han identificado 2 filos, 3 órdenes, 4 familias y 5 géneros bacterianos, los cuales corresponden a 5 morfoespecies, en contraste a hongos como resultado se han identificado 2 filos, 3 órdenes, 3 familias y 4 géneros, lo cual corresponde a 4 morfoespecies.

A partir de la información obtenida de este estudio, se logra un acercamiento a la diversidad microbiana presente en las cavidades de la zona del país, además de resaltar la importancia de seguir con el estudio de estos microorganismos en estos ambientes poco explorados ya que contribuyen y apoyan la conservación de estos ecosistemas.

Keywords: Microespeleología, Guajira, Cuevas, Geomicrobiología

Financing: Financiamiento: Esta investigación se realizó gracias al financiamiento del



Grupo de Investigación en Biología, GRIB de la Universidad El Bosque, Bogotá-Colombia.

Acknowledgments: Agradecimientos: Agradecemos a Gonzalo Valdivieso Bohórquez (ESPELEOCOL) por su apoyo en la elaboración de mapas y en la descripción geológica de la cavidad incluida en este proyecto.



Elevada prevalencia de sífilis en hombres que tienen sexo con hombres y transgéneros femeninas en un sitio PrEP, La Habana, Cuba

Rafael Llanes², Islay Rodríguez², Ana Carla Plasencia², Lino Ramírez³, Tatiana Almaguer², Vicky Cuylaerts¹, Irith de Baetselier¹

(1) Institute of Tropical Medicine, Antwerp, Clinical Sciences, Nationale Straat 155, 2000 Antwerp, Antwerp, Belgium

(2) Instituto de Medicina Tropical Pedro Kourí, Bacteriología-Micología, Autopista Novia Mediodía Km 6, entre Carretera Central y Autopista Nacional, Habana, Cuba

(3) Policlínico Antonio Guiteras, Sitio PrEP, Ave de Bélgica SN, La Habana Vieja, La Habana, Cuba

Introducción: la sífilis es una de las infecciones de transmisión sexual más frecuentes que cada año incrementa el número de casos a nivel mundial y particularmente en Cuba. Entre las poblaciones clave destacan los hombres que tienen sexo con otros hombres y las mujeres transgénero (HSHT) por las prácticas sexuales de riesgo que realizan. **Objetivos y materiales:** como parte del estudio Prestivana que investiga la prevalencia de diversos agentes de ITS y los mecanismos de resistencia antimicrobiana, se determinó la prevalencia de sífilis activa e histórica en 215 HSHT que asistieron a la consulta externa del sitio PrEP del policlínico Antonio Guiteras, en La Habana, Cuba, en el periodo 2024-2025. A cada uno de estos individuos se le tomó muestra de sangre y se extrajo el suero, que fue analizado por las técnicas serológicas de RPR y TPHA. **Resultados:** se constató una elevada prevalencia general de sífilis de 57,7%, de ellos 34% con sífilis activa (de estos 10 presentaban lesiones ulceradas) y el 23,7% con sífilis histórica tratada. El 1,4% resultó ser falsos biológicos positivos. **Conclusiones:** se evidencia una alta prevalencia de sífilis en la población de individuos HSHT investigada, por lo que se requiere intensificar las medidas de prevención y control para evitar la diseminación a otras personas.

Keywords: Sífilis, serología, HSHT, Prevalencia, PrEP

Financing: DGD, Bélgica a través del proyecto FA5 (IMT)

Acknowledgments: Al MINSAP de Cuba y al IMT de Bélgica



Volatile Organic Compounds in the Control of Phytopathogens and Insect Pests of Maize (*Zea mays*)

Felipe Campos Silva¹, Mikaelly Sousa Marins², Nayara Aparecida de Abreu Alexandre³, Christiane Abreu Oliveira Paiva⁴

(1) Universidade Federal de Viçosa, Microbiologia Agrícola, UFV, Vila Matoso, 205 – Santo Antonio, 36570-000, Viçosa – MG, Brasil

(2) Universidade Federal de Lavras – UFLA, Microbiologia Agrícola, Trevo Rotatório Professor Edmir Sá Santos, s/n. 37203-202, Lavras – MG, Brasil

(3) Universidade Federal de São João del-Rei – UFSJ, Rodovia MG-424– km 47, 35701-970, Sete Lagoas – MG, Brasil

(4) Embrapa Milho e sorgo, Rodovia MG 424, Km 45, Bairro Esmeraldas II, CEP 35702-098, Sete Lagoas – MG, Brasil

The use of *Bacillus* spp. has emerged as a promising strategy in the biological control of agricultural pests. Strains of this genus produce secondary metabolites, such as volatile organic compounds (VOCs), with antagonistic activity capable of inhibiting the growth of phytopathogens and insect pests. This study evaluated the action of VOCs produced by a *Bacillus amyloliquefaciens* strain in inhibiting the growth of *Fusarium verticillioides* and egg hatching of the fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*). The bacterial strain used belongs to the Multifunctional and Phytopathogenic Microorganism Collection (CMMF) at Embrapa Milho e Sorgo. For both experiments, the bacterial suspension was adjusted to approximately 10^8 CFU mL⁻¹, with 20 µL applied to the fungal assay and 10 µL to the insect assay. Statistical analysis was performed using ANOVA, followed by the Scott-Knott test when significant differences were detected at a 5% significance level. The antagonistic potential of the VOCs against *F. verticillioides* was assessed by measuring the mycelial growth diameter, comparing fungal development in the absence and presence of the antagonist after ten days. The effect of VOCs on *S. frugiperda* was assessed using a split-plate method, where one half contained culture medium inoculated with the bacterial suspension and the other half contained artificial diet with insect eggs. Plates were sealed and incubated under controlled conditions, with hatching rate recorded after 72 hours. VOCs emitted by the bacterium reduced *F. verticillioides* mycelial growth by 75.6%, as evidenced by a significant reduction ($p < 0.05$) in fungal growth area, from 39.02 cm² in the control to 9.62 cm² in the treatment exposed to VOCs. In the *S. frugiperda* assay, a 100% hatching rate was observed in the control, while no hatching occurred in the VOC-exposed treatment, indicating total inhibition. These results suggest that VOCs produced by *B. amyloliquefaciens* exhibit significant antagonistic activity against *F. verticillioides* and inhibit egg hatching of *S. frugiperda*, supporting the strain's potential in biocontrol applications.

Keywords: Biocontrol, Secondary metabolites, Antagonism

Acknowledgments: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG; Embrapa Milho e Sorgo; Universidade federal de Viçosa – UFV.



Caracterización de cepas probióticas con potencial inhibitorio frente a *Piscirickettsia salmonis*, patógeno relevante en la acuicultura de peces

Daniela Sepúlveda^{1,2}, Pamela Ruiz^{2,3}, David Contreras¹, Jose M Vidal²

(1) Universidad de Concepcion, Departamento de Química Analítica e Inorgánica, Facultad de Ciencias Químicas, Concepcion, Chile

(2) Departamento de Investigación y Desarrollo, Ecombio Limitada, Concepción, Chile

(3) Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Talcahuano, Chile

La Piscirickettsiosis o Síndrome Rickettsial Salmonídeo (SRS) es la principal patología de origen bacteriano que afecta a los salmónidos y su agente etiológico es la bacteria Gramnegativa intracelular *Piscirickettsia salmonis*. Aunque la vacunación y la terapia con antibióticos son actualmente las principales estrategias de control, su eficacia ha sido limitada. Para abordar este desafío, se propone evaluar el uso de probióticos como una alternativa más efectiva y sostenible. En este estudio, se presenta una metodología de cribado para la selección de cepas bacterianas aisladas del ambiente marino que puedan tener potencial probiótico y capacidad de inhibir el crecimiento de *P. salmonis*. Se obtuvo como resultado la selección de dos cepas R5 y R11 del genero *Pseudomonas*, con un porcentaje de identidad de 98,30 y 96,47 respectivamente, Estas cepas demostraron ser tolerantes a condiciones ambientales, incluyendo diferentes rangos de temperatura, pH, sales biliares, hidrofobicidad elevada y producción de enzimas hidrolíticas. Además, mostraron una actividad antagonista contra *P. salmonis*. De esta manera, este estudio proporciona un marco para seleccionar potenciales bacterias probióticas contra *P. salmonis*.

Keywords: Acuicultura, Salmonidos, *Piscirickettsia salmonis*, Probiotico

Financing: Financiado por el Departamento de Investigación y Desarrollo, Ecombio Limitada, Concepción, Chile



Isolation and Characterization of Lytic Bacteriophages Against *Klebsiella pneumoniae* ATCC 13883 in Greater Santo Domingo and San Cristóbal, Dominican Republic

Claudia Reyes Gutiérrez^{1,2}, Cruz Esther Vasquez³, Henry Petit¹, Diogenes Matos¹, Rommel Ramos², Alfaniris Vargas³, Edian Franco¹

(1) Universidad Tecnológica de Santiago (UTESA), Investigación, Medicina, Ave. Máximo Gómez Esq. José Contreras Santo Domingo. República, Santo Domingo, Republicanísima Dominicana

(2) Universidad Federal de Para, Institute of Biological Sciences,, Biotecnología, R. Augusto Corrêa, 01 – Guamá, Belém – PA, 66075–110, Brasil, Belem, Brasil

(3) Universidad Autonoma de Santo Domingo UASD, Autonomóus University of Santo Domingo (UASD). Dominican Republic., Research Group on Natural and Marine Products., Faculty of Sciences and Faculty of Health Sciences, Av. Alma Máter, Santo Domingo 10105, Santo Domingo, Republica Dominicana

Klebsiella pneumoniae has been identified by the World Health Organization as a high-priority pathogen due to its capacity to develop resistance and cause persistent infections. Among the emerging therapeutic alternatives to address such infections, bacteriophage therapy has gained attention for its ability to specifically infect and lyse bacterial cells, potentially offering an effective solution to the challenge of antimicrobial resistance. Recent studies have highlighted the use of phages as a safe and effective strategy against multidrug-resistant bacteria in clinical settings.

In this context, the present study focused on the isolation and characterization of lytic bacteriophages capable of targeting *K. pneumoniae* strains. A total of 21 environmental samples were collected from various water bodies in Santo Domingo and San Cristóbal. Plaque assays were conducted using a modified protocol to detect phage lytic activity, employing the *K. pneumoniae* reference strain ATCC 13883. Phages were recovered through concentration, purification, and filtration of lysis plaques over five consecutive days to ensure the isolation of homogeneous phage populations.

To date, seven lytic phages active against *K. pneumoniae* have been successfully isolated, with genome assemblies obtained for six of them. Bioinformatic analysis confirmed the lytic nature of the isolates, with no detected genes related to antimicrobial resistance, virulence, or lysogeny. Variability in genome size and taxonomic classification was observed among the isolates. Four of the phages were classified within the genus Pzondovirus, and one within Sugarlandvirus. According to the literature, certain lytic Sugarlandvirus phages exhibit broad-spectrum activity against various *Klebsiella* capsular serotypes (Concha-Eloko et al., 2023), suggesting their potential as candidates for antimicrobial therapy. Further phylogenetic analysis is needed to achieve definitive classification of the isolated phages

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, lytic bacteriophages, phage therapy, antimicrobial resistance, phage isolation



Financing: Funded by the National Fund for Innovation and Scientific and Technological Development (FONDOCYT) of the Ministry of Higher Education, Science and Technology (MESCyT) under code # 2022-2A1-202.

Acknowledgments: Universidad Tecnológica De Santiago (UTESA), Universidad Federal de Para, Brasil (UFPA) y el Fondo Nacional de Innovación y Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDOCYT) del Ministerio de Educación Superior de Ciencia y Tecnología (MESCyT)



Prevalencia y capacidad de filamentación en cepas de *Candida* responsables de infecciones urinarias de origen comunitario y nosocomial

Suchiquil Rangel-Velázquez¹, Luis Alfonso Muñoz-Miranda², Manuel Reinhart Kirchmayr³, Pablo César Ortiz-Lazareno⁴, Maricarmen Iñiguez-Moreno⁵, Rafael Cortés-Zarate², Salvador Emiliano Sustaita-Alcaráz¹, María Fernanda Coronado-González¹, Heriberto Jacobo-Cuevas⁶, Cesar Arturo Valdivia-Nava²

(1) Universidad de Guadalajara, Maestría en Microbiología Médica, Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(2) Universidad de Guadalajara, Centro de Investigación de Enfermedades Infectocontagiosas (CIEIC), Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(3) Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco A.C., Biotecnología Industrial, Camino Arenero 1227, El Bajío del Arenal, 45019 Zapopan,, Guadalajara, México

(4) Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO) Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), División de Inmunología, Sierra Mojada 800, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(5) Tecnológico de Monterrey, Instituto de Materiales Avanzados para la Manufactura Sustentable, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Av. Eugenio Garza Sada 2501 Sur, Tecnológico, 64700, Monterrey 64849, Monterrey, Nuevo León, México

(6) Universidad de Guadalajara, Instituto de Terapéutica Experimental y Clínica (INTEC). Departamento de Fisiología, Programa de Doctorado en Farmacología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

INTRODUCCIÓN: Las infecciones del tracto urinario (ITU) causadas por *Candida* spp. representan un problema clínico creciente tanto en la comunidad como en el ámbito hospitalario. Un factor clave en la patogenicidad de estas levaduras es su capacidad de filamentación, que facilita la invasión tisular, evasión inmune y formación de biopelículas. Evaluar esta capacidad en aislamientos comunitarios y nosocomiales puede aportar información útil para el manejo clínico. El objetivo del estudio fue determinar la prevalencia y analizar la capacidad de filamentación en cepas de *Candida* spp. aisladas de infecciones urinarias en ambos contextos.

MATERIAL Y MÉTODOS: Se analizaron 30 aislamientos de *Candida* spp., 15 de origen comunitario y 15 hospitalario. Las especies se aislaron en CHROMagar y se identificaron mediante espectrometría de masas MALDI-TOF MS (índice de identidad ≥ 2.00). La filamentación se evaluó usando el método modificado de Mukaremera et al. (2017), incubando las muestras en suero fetal bovino a 36 °C y 100 rpm durante 4 horas. Se observó la presencia de tubo germinal o pseudohifas mediante microscopía y los resultados se expresaron en porcentaje.



RESULTADOS: Las especies más comunes fueron *Nakaseomyces glabrata* (46.7%), *Candida tropicalis* (23.3%) y *Candida albicans* (16.7%). En las ITU comunitarias predominó *N. glabrata* (53.3%), seguida de *C. tropicalis* (20%). La distribución en infecciones hospitalarias fue similar. No hubo diferencias significativas en la prevalencia entre ambos grupos ($p=0.328$). En cuanto a la filamentación, *C. tropicalis* mostró la mayor capacidad (100%), seguida de *C. albicans* (64%). No se observaron diferencias estadísticamente significativas en la filamentación entre los aislados comunitarios y hospitalarios ($p=0.426$).

CONCLUSIÓN: *N. glabrata* fue la especie más frecuente en ambos grupos. Aunque *C. tropicalis* mostró mayor capacidad filamentosa, no se identificaron diferencias significativas entre aislamientos comunitarios y hospitalarios. Estos resultados sugieren que la filamentación, si bien es un factor de virulencia relevante, no estaría condicionada por el entorno en que se adquiere la infección.

Keywords: Candida, Infección de Tracto Urinario, Filamentación

Financing: Se obtuvieron recursos a través del Fondo del Programa de Apoyo a la Mejora en las Condiciones de Producción de los Miembros del SNI Y SNCA (PROSNI) de los investigadores involucrado.

Acknowledgments: Agradecemos al Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS) por las facilidades otorgadas.



Seasonal and Spatial Diversity of the Aerobiome.

Madelaine Mejías^{1,2}, Karina Díaz¹, Diego Varas¹, Dinka Mandakovic¹, Rodrigo Pulgar², Romina Madrid¹

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

(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Genómica y Genética de Interacciones Biológicas (LG2IB), Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Facultad de Medicina, El Líbano 5524, Macul, Santiago, Chile

The aerobiome refers to the community of microorganisms present in the air, which can have significant effects on the environment, human health, and other organisms. In the Metropolitan Region (RM) of Chile, one of the most polluted urban areas in South America, limited information exists regarding the structure and dynamics of airborne microbial communities and their relationship with atmospheric pollutants. In this study, we evaluated the diversity and taxonomic composition of airborne bacteria and fungi over a full annual cycle, from winter 2021 to autumn 2022. Samples were collected in triplicate through gravitational deposition into sterile 50 mL Falcon tubes at three communes representing an east–west transect in the RM: Las Condes, Santiago, and Pudahuel. Microbial communities were analyzed via high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene and the fungal ITS region, and all sequences were processed using the QIIME2 pipeline. In terms of alpha diversity, no significant differences were observed among communes for either bacteria or fungi. However, at the seasonal level, bacterial and fungal richness were higher in winter compared to summer, indicating a seasonal effect on microbial diversity. Regarding beta diversity, no significant differences were found between communes, but clear seasonal patterns were observed. Both bacterial and fungal communities revealed that winter and autumn tend to share similar communities, as well as spring and summer, suggesting a clustering pattern associated with cold and polluted versus warm and less polluted seasons. At the taxonomic level, bacterial communities were dominated by Actinobacteriota, particularly during spring and summer, with increased abundance of Proteobacteria and Firmicutes during autumn and winter. Fungal communities were mainly composed of Ascomycota and Basidiomycota, with a higher proportion of Basidiomycota in colder seasons. Mortierellomycota and Mucoromycota were also detected at lower abundances, especially during winter. Finally, analyses revealed that atmospheric pollutants explained microbial compositional changes more effectively than climatic variables such as temperature, wind speed, or relative humidity, highlighting their selective influence on the urban aerobiome.

Keywords: air pollution, airbiome, high-throughput sequencing, bacteria, fungi

Financing: ANID FONDECYT Regular 1250936 and 1221848. ANID Proyecto de Exploración 13240202 and ANID SAL240006. Beca Universidad Mayor and Beca de Doctorado Nacional ANID #21252103

Acknowledgments: To acknowledge the financial support provided by the scholarship from Universidad Mayor.



Residual yeast biomass as a detoxifying alternative of hemicellulosic hydrolysates for xylitol bioproduction

Fanny Machado Jofre¹, Maria das Graças de Almeida Felipe¹, Florbela Carvalheiro³, Luis Duarte³, Júlio César dos Santos¹, Ana Paula Carvalho Baptista²

(1) Universidade de São Paulo, Departamento de Biotecnologia Industrial, Escola de Engenharia de Lorena, Estrada Municipal do Campinho, 100, Campinho, Lorena, Brazil

(2) Universidade de Lisboa, Departamento de Química e Bioquímica, Faculdade de Ciências, Campo Grande 016, 1749-016, Lisbon, Portugal

(3) LNEG—National Laboratory of Energy and Geology, Bioenergy and Biorefineries Unit, Estrada do Paço do Lumiar, 22, 1649-038, Lisbon, Portugal

Lignocellulosic biomass residues, such as sugarcane bagasse and straw, are rich in carbohydrates that can be utilized for biotechnological processes, including xylitol production, which has applications in the food, pharmaceutical, and cosmetic industries. However, the hydrolysis of lignocellulose to release C6 and C5 for fermentation also produces toxic phenolic compounds, which inhibits yeast metabolism. This study explores the use of residual yeast biomass as a detoxifying agent for hemicellulosic hydrolysate from sugarcane bagasse and straw (HHBP), aiming to improve the fermentability of the hydrolysate for xylitol production. The residual biomass of *Candida tropicalis*, cultivated on both semi-defined medium and HHBP, was evaluated as a biosorbent for phenolic compounds. Detoxification conditions were optimized using experimental design, focusing on pH, biomass treatment, and temperature. Additionally, activated carbon and hydrochar were derived from the residual biomass of *Saccharomyces cerevisiae* to improve adsorption capacity. The results showed that the detoxification of HHBP with dry biomass of *C. tropicalis* was effective, with pH and biomass treatment playing significant roles in phenolic compound removal. The optimal detoxification conditions were achieved with biomass from HHBP at pH 8 and 60°C. Among the biosorbents, activated carbon produced at 800°C (CA800) exhibited the highest adsorption capacity for phenolic compounds, particularly for vanillin (37.17 mg/g), following a pseudo-second-order kinetic model. Detoxification experiments with CA800 showed a 36.6% removal of total phenolics, making it the most efficient biosorbent for subsequent fermentation assays. Fermentation in detoxified HHBP resulted in higher carbohydrate (xylose and glucose) consumption and xylitol production compared to the non-detoxified hydrolysate. The xylose-to-xylitol conversion efficiency was 0.51 g/g for CA800, more than with hydrochar (0.22 g/g) and the non-detoxified hydrolysate (0.26 g/g). This study demonstrates that using residual yeast biomass as a biosorbent for detoxifying hemicellulosic hydrolysates can improve xylitol production, aligning with the context of circular bioeconomy.

Keywords: Biosorption, Hemicellulosic Hydrolysate, Sugarcane bagasse and straw, Xylitol bioproduction

Financing: Capes (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior)



Caracterización genómica de *Streptococcus pneumoniae* aislados de enfermedad invasiva en niños menores de 5 años en Paraguay.

Melisa Florentin², María Eugenia León Ayala¹, María Verónica Orrego Miranda¹, Julio César Barrios Leiva³, Aníbal Yasunari Kawabata Inowe¹, Cristina Minako Nagai Oji¹, Liliana María Rojas Perdomo¹

(1) Laboratorio Central de Salud Pública, Bacteriología y Micología, Avenida Venezuela, Asunción, Paraguay

(2) Centro de Especialidades Dermatológicas, Laboratorio de Microbiología, Avenida Dr. Gabriel Pellón, San Lorenzo, Paraguay

(3) Laboratorio Central de Salud Pública, Unidad Coordinadora de Proyectos, Avenida Venezuela, Asunción, Paraguay

Introducción

Streptococcus pneumoniae es una causa importante de morbilidad y mortalidad causando enfermedades invasivas graves como neumonía, bacteriemia y meningitis, principalmente en niños menores de 5 años.

Los métodos genómicos han demostrado ser excelentes herramientas para comprender la biología y la epidemiología de *Streptococcus pneumoniae*.

Objetivo

El objetivo de este estudio fue caracterizar 92 aislamientos invasivos de los serotipos más frecuentes en Paraguay, utilizando enfoques genómicos (2011-2023).

Materiales y métodos

Se estudiaron 92 aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* provenientes de enfermedad invasiva en niños menores de 5 años. Se secuenció utilizando la plataforma Illumina MiSeq (Illumina, San Diego, CA, EE. UU.). Las lecturas pareadas procesadas fueron ensambladas de novo utilizando Unicycler. La asignación de secuencia se realizó utilizando el enfoque gen por gen con la base de datos PubMLST *Streptococcus pneumoniae* (<https://pubmlst.org/organisms/streptococcus-pneumoniae>). El árbol filogenético fue reconstruido empleando el workflow Snippy_Streamline_PHB V2.2.0 de la plataforma Terra Bio.

Resultados

En el serotipo 14 se hallaron los secuenciotipos ST9 (46.7%), ST782 (40.0%) y ST156 (13.3%), en el 19A ST320 (53.5%), ST1131 (25.6%), ST276 (9.3%), ST387 (2.3%) y ST733 (2.3%), en el serotipo 3 ST180 (89.4%), ST458 (5.3%), ST1116 (5.3%). Los genes de resistencia encontrados en el serotipo 14 fueron pbp1a (53.3%), pbp2b (53.3%), pbp2x (53.3%), mefA (60.0%), msr (60.0%), ermB (3.3%), y tetM (36.7%), en el serotipo 19A pbp1a (39.5%), pbp2b (95.3%), pbp2x (97.7%), mefA (58.1%), msr (58.1%), ermB (67.4%), tetM (69.8%), sat4 (9.3%), aph(3')-IIIa (9.3%), ant(6)-Ia (2.3%) y catA (2.3%).

La detección de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y la construcción de un árbol filogenético demostró una correlación fuerte y persistente entre los complejos



clonales y serotipos. La filogenia generada con los 92 aislamientos sujetos al análisis de SNP mostró que los serotipos también estaban asociados con los genes de resistencia.

Conclusiones

Este es el primer estudio genómico realizado en Paraguay, con el que se logró determinar de forma más precisa las características genéticas de *Streptococcus pneumoniae*. La generación de datos genómicos proporciona información valiosa para monitorear la propagación de diversos linajes/clones porque están en constante circulación, comprender la patogénesis neumocócica y la resistencia a los antimicrobianos.

Keywords: *Streptococcus pneumoniae*, Enfermedad invasiva, Genómica, Paraguay

Financing: Este trabajo fue financiado con fondos del Fondo para la Convergencia Estructural del Mercosur (FOCEM) – Mercosur, acuerdo FOCEM n° 03/11 proyecto Investigación, Educación y Biotecnologías Aplicadas a la Salud (COF 03/11).



Influencia del prebiótico D-Tagatosa sobre fenotipos patogénicos de *Escherichia coli* adherente-invasiva.

Paula Bustamante¹, Valeria Pérez-Villalobos¹, Ámbar Belmar², Anahis Ordoñez², Javiera Pérez², Yasna Soto², Catalina Torres², Boris Valencia²

(1) Universidad Autónoma de Chile, Molecular and Cellular Microbiology Laboratory, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Santiago, Chile

(2) Universidad Autónoma de Chile, Carrera de Nutrición y Dietética, Facultad de Ciencias de la Salud, Santiago, Chile

La D-Tagatosa es un azúcar natural con importantes propiedades nutricionales, presente en bajas concentraciones en la naturaleza, principalmente en productos lácteos y algunas frutas. Es un edulcorante ampliamente utilizado debido a su sabor similar a la sacarosa, pero con bajo aporte calórico e índice glicémico. Además, actúa como prebiótico, modulando favorablemente la microbiota intestinal y exhibiendo efectos antiobesidad, antidiabéticos y con potencial antimicrobiano contra bacterias orales. Aproximadamente el 20–25% de la D-Tagatosa ingerida se absorbe en el intestino delgado, mientras que el resto alcanza el intestino grueso, donde es metabolizada por bacterias como *Lactobacillus casei*, *Lactococcus lactis* y *Streptococcus lactis*. En *Escherichia coli*, la Tag 6-P es un intermediario del catabolismo del galactitol, pero no se habían identificado genes codificantes para transportadores de D-Tagatosa, por lo que no podría utilizarla como única fuente de carbono. Sin embargo, en *E. coli* Nissle 1917 (EcN) se identificó recientemente una nueva ruta catabólica funcional, conservada en cepas del filogrupo B2 y particularmente en *E. coli* adherente-invasiva (AIEC). Las AIEC son bacterias prevalentes en pacientes con enfermedad de Crohn, caracterizadas por adherirse e invadir células epiteliales intestinales y sobrevivir al interior de los macrófagos, lo que exacerba la inflamación característica de la enfermedad. En este trabajo se evaluó si cepas AIEC pueden utilizar D-Tagatosa como única fuente de carbono y cómo este azúcar afecta sus fenotipos patogénicos. Cepas AIEC de referencia, aislados clínicos y EcN se cultivaron en medio mínimo con D-glucosa, galactitol o D-Tagatosa al 1% p/v. Se evaluó formación de biopelículas mediante tinción con cristal violeta y la generación de células persistentes tras exposición a ciprofloxacino (50x MIC). Además, se analizó la expresión génica por qRT-PCR. Los resultados demostraron que AIEC puede crecer eficientemente en D-Tagatosa, promoviendo la formación de biopelículas y la expresión de genes de virulencia relacionados con adhesión, respuesta a estrés y sobrevivencia en macrófagos, sin alterar la persistencia. En conjunto, estos hallazgos sugieren que la D-Tagatosa puede favorecer la colonización y patogenicidad de AIEC, lo que plantea reconsiderar posibles implicancias de su consumo en la patogénesis intestinal, particularmente en individuos con susceptibilidad inflamatoria.

Keywords: D-tagatosa, AIEC, patogenicidad, probiótico, Crohn

Financing: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), Fondecyt 11230634 (PB).



Evaluación de sustratos agroindustriales (cáscara de *Passiflora edulis*, cáscara de *Pisum sativum* y residuos de *Zea mays* L.) para la elaboración de un bioinsumo en base a *Trichoderma* spp. para impulsar la agricultura regenerativa: Estudio preliminar

Lucero Abigail Melendez Musaurieta¹, Maria Clara Muñoz Plaza¹, Maricielo Brigitte Rose Valdez Ramos^{1,2}, Juan Carlos Ramos Gorbeña^{1,2}

(1) Universidad Ricardo Palma, Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco, Lima, Perú

(2) Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentaria de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP), Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

La generación de residuos agroindustriales representa un desafío ambiental global, asociado a contaminación de suelos, efecto invernadero y pérdida de biodiversidad. Ante este contexto, la valorización de estos residuos como sustratos para bioinsumos emerge como una estrategia clave para la agricultura regenerativa. Los hongos del género *Trichoderma* son reconocidos por su capacidad bioestimulante y antagonista. No obstante, su producción a escala depende de sustratos costosos. El presente estudio busca evaluar la viabilidad de tres sustratos, cáscara de “maracuyá” *Passiflora edulis*, cáscara de “arveja” *Pisum sativum* y residuos de “chicha morada” *Zea mays* L., para la proliferación de *Trichoderma* spp. y su efecto bioestimulante en pallar (*Phaseolus lunatus* L.). Los residuos agroindustriales trozados a 10 mm y esterilizados (121°C durante 20 min), se distribuyeron en recipientes con tres réplicas por tratamiento y se inocularon con 50 mL de una suspensión de conidios de *Trichoderma* spp. cultivados en agar papa dextrosa (PDA) y multiplicados en medio líquido con chancaca. Tras incubar a 26°C, a los 7 días el micelio colonizó el 67% del sustrato de maracuyá y 33% de chicha morada, mientras que en la cáscara de arveja no se desarrolló. A los 12 días, la colonización alcanzó el 100% de maracuyá y chicha morada. A continuación, después de 5 días se sembraron cinco semillas de pallar por réplica sobre cada sustrato colonizado. Al cabo de 7 días pos-siembra, en chicha morada germinó el 100% de las semillas en dos réplicas (radícula > 1cm) y el 10% en la tercera, en comparación con maracuyá y arveja que no hubo germinación. Los resultados evidencian que los residuos de chicha morada y maracuyá son sustratos idóneos para producir un bioinsumo de *Trichoderma* spp. con alta capacidad de colonización, además la biomasa generada en residuo de chicha morada estimula la germinación del pallar; en contraste, la cáscara de arveja no resultó viable para el desarrollo fúngico ni la germinación. Esto demuestra que la reutilización de residuos agroindustriales no solo reduce impactos ambientales, sino que también ofrece alternativas para sistemas agrícolas resilientes, alineados con los principios de economía circular y reducción de insumos sintéticos.

Keywords: Residuos agroindustriales, *Trichoderma* spp., *Phaseolus lunatus* L., Bioinsumo, Economía circular

Financing: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentaria de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)

Acknowledgments: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentaria de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)



Caracterización entomológica genital de vectores implicados en arbovirus en especímenes incompletos, Rep. Dominicana.

Akemi Tabata¹, Modesto Cruz¹, Carlos Pena¹, Fiona Hunter², Alessio Gasparotto²

(1) Universidad Autonoma de Santo Domingo (UASD), Instituto de Microbiología y Parasitología (IMPA), Facultad de Ciencias, Santo Domingo, Republica Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo, Dominican Republic

(2) Universidad de Brock, Entomología, Facultad de Ciencias, Canada, Toronto, Canada

Los mosquitos vectores transmisores de arbovirus como dengue (DENV), Zika (ZIKV), Chikungunya (CHIKV), se han convertido en un problema de salud pública emergente, están ampliamente distribuidos en todo el mundo. Por lo que una correcta identificación morfológica de especies de mosquitos implicados en la transmisión es el primer paso en la vigilancia y epidemiología. Dado que muchas especies morfológicamente similares pueden tener capacidades vectoriales distintas, una identificación errónea puede comprometer la vigilancia epidemiológica y las estrategias de control, las características de los genitales se ha convertido en una estructura clave y complementaria para la identificación de especies especialmente dentro de géneros complejos como el Aedes, lo que permite una identificación precisa y confiable, además de ser menos susceptibles al daño corporal general que es común en muestras de campo. También permite distinguir especies crípticas que no se diferencian fácilmente por otros rasgos externos. Para identificar a los especímenes con estructuras morfológicas incompletas, como las escamas, probóscide, tórax, a través de las características de las genitalias se seleccionaron 230 mosquitos macho, colectados en la Región Sur del país en trampas entomológicas BG1, BG2 y CDC. Donde se pudo identificar a través de estas diferentes especies de Aedes, principalmente el Ae. Aegypti, seguido del Ae. Albopictus además de otros géneros. Por lo que la caracterización morfológica de la genitalia constituye una herramienta taxonómica esencial para una identificación precisa de especies, particularmente en contextos donde los ejemplares recolectados están incompletos o presentan daños en estructuras externas. Este enfoque complementa a los métodos tradicionales. Por tanto, el estudio detallado de la genitalia no solo aporta rigor taxonómico, sino que también fortalece la respuesta en salud pública frente a enfermedades.

Keywords: 1. Ae. aegypti, Ae. albopictus, genitalia, especímenes incompletos

Financing: Fondo Nacional de Innovación y Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDOCyT)



Potencial Biotecnológico de bacterias ácido lácticas (BAL) silvestres para la producción de ácido láctico durante la fermentación de melaza.

Dulce Lizeth Bojorquez-Ahumada¹, Gloria Marisol Castañeda-Ruelas¹, Melisa Isabel Aguilar-Ruelas¹, Maribel Jiménez-Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Calz. de las Américas Nte. 2771, Cd Universitaria, Burócrata, 80030, Culiacán, Sinaloa, México

Introducción: Las bacterias ácido-lácticas (BAL) son microorganismos de gran interés en la biotecnología por su capacidad de fermentar carbohidratos y producir ácido láctico. Este compuesto es clave en la industria alimentaria y en la conservación de productos fermentados. Entre las fuentes de carbono utilizadas para su crecimiento, la melaza se destaca como un sustrato económico y rico en azúcares fermentables, lo que la hace atractiva para procesos de biotecnológicos. **Objetivo:** Evaluar el crecimiento de BAL, la producción de ácido láctico y la acidificación en la fermentación de la melaza. **Metodología:** Se preparó un medio de fermentación con 500 mL de agua purificada estéril, 20 g de melaza, Tween 80 (0.1 %) y 1.5 g de Na₂CO₃. El medio se inoculó independientemente con suspensiones ajustadas (escala 0.5 de McFarland) de cuatro cepas de *Lactobacillus* spp. al 1 %. La incubación se realizó a 42 °C durante 24 h, y se tomaron alícuotas en los tiempos 1, 2, 3, 4 y 24 h para la cuantificación de BAL en agar MRS, medición del pH y cuantificación de ácido láctico (mg/L) por titulación con NaOH 0.1 N. **Resultados:** La melaza es un sustrato que promueve el crecimiento gradual de las BAL durante la fermentación ($P < 0.05$). La producción de ácido láctico (7.21 ± 0.08 g/L y 23.42 ± 0.05 g/L) y el decremento de pH final (6.4 ± 0.08 a 5.73 ± 0.39) varió el tiempo de fermentación y la cepa ($P < 0.05$). **Conclusión:** Los datos generados proponen las propiedades bioactivas de la melaza para su potencial uso en la elaboración de nuevos productos fermentados beneficiosos con aplicación industrial.

Keywords: Fermentación láctica, Bacterias ácido lácticas (BAL), Melaza, Ácido láctico, Crecimiento bacteriano

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, además a la Facultad de Ciencias Químico Biológicas de la Universidad Autónoma de Sinaloa por sus instalaciones.



Microbial diversity of Cerrado soil under different types of vegetation cover

Helson Mario Martins do Vale¹, Jefferson Brendon Almeida dos Reis¹, Alessandra Monteiro de Paula², Nadson de Carvalho Pontes³

(1) University of Brasilia, Institute of Biological Sciences, Brasília 70910-900, DF, Brazil, Brasília, Brazil

(2) University of Brasilia, Faculty of Agronomy and Veterinary Medicine, Brasília 70910-900, DF, Brazil, Brasília, Brazil

(3) Instituto Federal Goiano, Campus Morrinhos,, Centro de Excelência em Bioinsumos (CEBIO), Morrinhos 75650-000, GO, Brazil, Morrinhos, Brazil

Vegetation cover does not exert a uniform influence on soil microbial communities; its effects vary with climate, soil properties, land use, and management practices. In the Cerrado, little is known about how different vegetation covers shape microbial diversity when soil type is held constant. Here, we compared soil bacterial communities in three land-use systems on the same soil: native Cerrado, a potato crop, and cover crops. High-throughput 16S rRNA gene amplicon sequencing showed that Proteobacteria, Actinobacteriota, and Acidobacteriota dominated all sites. While taxonomic composition varied only slightly at the class level, pronounced differences emerged at the amplicon sequence variant (ASV) level. Alpha-diversity indices revealed rich and diverse communities across all sites, but in silico functional predictions indicated that the native Cerrado harboured the greatest functional diversity. These findings offer a comprehensive view of how land-use change in the Cerrado alters both the taxonomic and functional profiles of soil bacterial communities.

Keywords: bacteria community; cover crop; metabarcoding; functional diversity

Financing: Universidade de Brasília - Edital DPI n°. 002/2025

Acknowledgments: Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal - FAPDF



Resistencia a antibióticos betalactámicos en un ecosistema extremo: Diversidad genómica de betalactamasas en bacterias aisladas del intestino de peces del Lago Chungará, Chile.

Victoria Mardones Verdugo^{1,3}, Claudia Torres¹, Daniel Gomez-Uchida^{2,3}, Vicente Arriagada-Moreno¹, Isidora Manríquez-Cuadra¹, Maximiliano Matus-Köhler¹, Celia A. Lima⁴, Selim S. Musleh⁵, Gerardo González-Rocha¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción, Chile

(3) Núcleo Milenio de Salmónidos Invasores Australes (INVASAL), Concepción, Chile

(4) Universidad de Concepción, Departamento de Salud Pública, Facultad de Odontología, Concepción, Chile

(5) Instituto de Fomento Pesquero (IFOP), Valparaíso, Chile

Introducción: La resistencia a antibióticos (RA) es una creciente problemática para la salud global, en especial la resistencia a antibióticos betalactámicos. El principal mecanismo de resistencia a estos compuestos, ampliamente utilizados en clínica humana, es la producción de betalactamasas, enzimas que los hidrolizan e inactivan. Desde el enfoque “Una Salud”, se reconoce la necesidad de estudiar la RA en diversos entornos debido a la interconexión entre la salud humana, animal y ambiental. El Lago Chungará (4500 m.s.n.m.), hábitat de la especie invasora *Onchorhynchus mykiss* y los peces endémicos *Orestias chungarensis* y *Trichomycterus chungaraensis*, representa un entorno extremo propicio para investigar la RA en microbiotas poco exploradas.

Metodología: Se evaluó la susceptibilidad a ocho antibióticos betalactámicos mediante difusión en agar en 20 cepas bacterianas aisladas desde intestino de *O. mykiss* (8), *O. chungarensis* (4) y *T. chungaraensis* (8). En aquellas con halos de inhibición ≤ 14 mm se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) a los antibióticos ensayados. La producción de betalactamasas se evaluó con la prueba de nitrocefina. Los genomas fueron secuenciados con tecnología Illumina, ensamblados con SPAdes y SKESA, y anotados con Bakta. La identificación bacteriana se realizó con JSpeciesWS y fastANI. Las betalactamasas fueron identificadas usando la base de datos BLDB, y se aplicaron análisis NMDS y PERMANOVA.

Resultados: Todas las cepas presentaron halos de inhibición ≤ 14 mm para al menos dos antibióticos. El 90% (18/20) de las cepas presentaron halos ≤ 14 mm frente a ampicilina y/o cefalotina, con CMI > 160 $\mu\text{g/ml}$ en el 72% de ellas. Se detectó actividad de betalactamasas en todas las cepas y se identificaron 8 géneros: *Pseudomonas*, *Serratia*, *Aeromonas*, *Rahnella*, *Yersinia*, *Erwinia*, *Lelliottia* y *Carnobacterium*. Se detectaron betalactamasas de clases A, B, C y/o D. Los análisis estadísticos demostraron diferencias significativas según géneros bacterianos ($p=0,000999$), pero no entre especie de peces ($p=0,985$).

Conclusión: Las cepas analizadas presentan baja susceptibilidad a antibióticos



betalactámicos, que podría estar asociada a la producción de betalactamasas. La diversidad de estas enzimas depende del género bacteriano y no de la especie hospedera, lo que sugiere una baja presión de selección ambiental en este ecosistema extremo.

Keywords: lago altoandino, peces, microbiota intestinal, resistencia a antibióticos, betalactamasas

Financing: ANID - Programa Iniciativa Científica Milenio - NCN2021-056



ADVANCING MASTITIS TREATMENT: PHOTODYNAMIC INACTIVATION OF MULTIDRUG-RESISTANT BACTERIA

Guilherme Rocha Lino Souza¹, Luiz Henrique Barbosa Pires², Taise Maria dos Anjos Oliveira², Jaqueline Cristine Desordi³, Eli Silveira Alves Ducas⁴, Lucas Soares Sousa³, Edynara Cruz de Moraes³, Ana Carolina Borsanelli⁵, Alzir Azevedo Batista⁶, Pablo José Gonçalves³

(1) Institute of Biological Sciences – ICB, Biochemistry and Molecular Biology, Federal University of Goiás, Avenida Esperança s/n, Câmpus Samambaia, ZIP Code 74690–900, Goiânia – GO, Brazil

(2) Universidade Federal de Goiás (UFG), Programa de Pós-graduação em Ciência Animal (PPGCA), Escola de Veterinária e Zootecnia, UFG, Goiânia –GO, Brazil

(3) Universidade Federal de Goiás (UFG), Instituto de Física, UFG, Goiânia – GO, Brazil

(4) Universidade Federal de Goiás, Instituto de Química, Programa de Pós-Graduação em Química, Goiânia–GO, Brazil

(5) Universidade Federal de Goiás (UFG), Escola de Veterinária e Zootecnia (EVZ/UFG), EVZ/UFG, EVZ/UFG, Goiânia, GO, Brazil

(6) Universidade Federal de São Carlos, Departamento de Química, Química, Ufscar, São Carlos (SP), Brazil

Bovine mastitis remains a significant infectious disease affecting dairy herds globally, with the rising prevalence of multidrug-resistant (MDR) pathogens compromising the effectiveness of conventional antibiotic treatments. In this study, we investigate antimicrobial photodynamic inactivation (PDI) as an innovative and sustainable strategy for targeting mastitis-associated bacteria. Specifically, we assessed the photoinactivation potential of two palladium(II)/diphosphine-coordinated meso-tetrapyrrolyl porphyrin photosensitizers – Porf@DPPE and Porf@DPPF – against three MDR bacterial strains isolated from clinical cases of bovine mastitis. Photophysical analysis revealed high quantum yields for both triplet state formation (Φ_T) and singlet oxygen generation (Φ_Δ) in most complexes. Both photosensitizers exhibited potent photoinactivation activity against Gram-positive *Staphylococcus aureus* and *Streptococcus agalactiae*, as well as the Gram-negative *Escherichia coli*. Notably, the combined application of Porf@DPPE or Porf@DPPF with sulfonamides restored antibiotic susceptibility in MDR *E. coli*, indicating a synergistic effect. These findings highlight the therapeutic potential of metalloporphyrin-based photosensitizers in the management of bovine mastitis and support the integration of PDI with conventional antibiotics as a promising approach against antimicrobial resistance in veterinary medicine.

Keywords: Porphyrins; PDI; MDR Bacteria, Bovine Mastitis

Financing: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)

Acknowledgments: Universidade Federal de Goiás (UFG) Instituto de Ciências Biológicas (DBBM/ICB/UFG) Instituto de Física (IF/UFG)



Dos cepas Oscillatoriales (Cyanobacteria) con alta producción de ficocianinas del Caribe colombiano.

Juan David Guevara Castillo¹, Fredy Augusto Duque Duque¹, Maria Jose Suarez Monroy¹, Mohamed Toufic Darwich Cedeño¹, Luis Carlos Montenegro Ruiz¹, Isla Merari Méndez Morales¹, Jhon Edward Cano Arango¹

(1) Universidad Nacional de Colombia, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Ave Cra 30 #45-3, Bogotá, Colombia.

Una de las características principales de las cianobacterias es la presencia de una estructura llamada ficobilisoma conformado por ficobiliproteínas. Las ficocianinas son ficobiliproteínas de gran interés biotecnológico por su potencial uso en la industria alimenticia. Por ello en este proyecto se buscó evaluar la producción de ficocianinas de las cepas LAUN 037 y LAUN 041 de la Colección de Algas y Cianobacterias de la Universidad Nacional de Colombia (LAUN). Estas cepas, pertenecen al orden Oscillatoriales, posibles nuevas especies, colectadas en el Caribe de Colombia.

Ambas cepas fueron cultivadas en botellas de 250 mL con medio líquido marino ASNIII en montaje tipo Batch en fotobiorreactor bajo las siguientes condiciones: fotoperiodo 12 h -12 h luz/oscuridad, temperatura 25 °C +/- 2 °C y agitación por burbujeo con aire ambiental ultrafiltrado. La cosecha se realizó después de un mes y la biomasa colectada se liofilizó con el fin de evitar la degradación de las proteínas. La biomasa seca fue pesada y sometida a tres ciclos de congelamiento-descongelamiento (-20 °C/17 °C) (una hora en cada temperatura). Finalmente, para la extracción de las ficocianinas se utilizó buffer fosfato de potasio 100 mM y las lecturas fueron efectuadas en espectrofotómetro a 620 y 652 nm.

Utilizando la fórmula de Bennett & Bogorad (1973) con ajuste de la absorbancia utilizada a 620 nm de Lawrenz et al. (2011) se obtuvo una concentración de ficocianinas en la cepa LAUN 041 de 0,020 mg/1 mg de biomasa seca y para la cepa LAUN 037 se obtuvo 0,015 mg/1 mg de biomasa seca.

Adicionalmente, se realizaron pruebas de PCR para detectar la presencia de los genes responsables de la síntesis de cilindrospermopsina, anatoxina y microcistina, obteniendo negativo para la presencia de estas toxinas.

Los resultados sugieren que ambas cepas tienen un alto potencial como fuentes naturales de ficocianinas y, al no poseer las toxinas previamente evaluadas, resultan especialmente relevantes al tratarse de posibles nuevas especies del Caribe colombiano.

Keywords: Biotecnología, Cyanobacteria, Ficocianinas, Pigmentos naturales, Caribe colombiano



Diversidad bacteriana en restos arqueológicos de dos cavidades subterráneas en La Aguada, Santander (Colombia)

Ana María Rodríguez Bustos^{1,2,3}, Virginia Roa Angulo^{1,2,3}, Juan Sebastián López Caro^{1,4}, Samuel Alexander Espinosa Téllez¹, Juanita Pico Reyes¹, Andrea Valentina De Castro Murrugarra¹, César Mauricio Andrade Ñustes¹, María Camila Peña Millán¹, Fernando Montejo Gaitán⁵

(1) Universidad El Bosque, Ciencias, Biología, Semillero de Investigación en Microbiología y Ciencias Biomédicas Esther Lederberg, Ak 9 #131a-2, Bogotá, Colombia

(2) Universidad El Bosque, Ciencias, Biología, Grupo de Investigación en Biología (GRIB), Ak 9 #131a-2, Bogotá, Colombia

(3) Universidad El Bosque, Vicerrectoría de Investigaciones, Instituto de Salud y Ambiente, CII 131 No. 7A-68, Bogotá, Colombia

(4) Asociación Espeleológica Colombiana (ESPELEOCOL), Bogotá, Colombia

(5) Instituto Colombiano de Antropología e Historia (ICANH), Grupo Patrimonio, Calle 12 # 2-41, Bogotá, Colombia

Las cavidades subterráneas ofrecen condiciones ambientales particulares como oscuridad permanente, alta humedad relativa y baja circulación de aire, lo que da lugar a ecosistemas únicos con comunidades microbianas especializadas. A lo largo del tiempo, estas cuevas también han servido como espacios de relevancia cultural y ritual para grupos humanos antiguos, lo cual ha propiciado la acumulación de evidencias materiales como restos óseos, cerámicas y manifestaciones rupestres. No obstante, la exposición prolongada de estos objetos al ambiente cavernícola favorece la colonización bacteriana, un fenómeno que puede acelerar procesos de deterioro físico y químico en el registro arqueológico.

El presente estudio constituye un primer esfuerzo orientado a la caracterización de comunidades bacterianas asociadas a contextos arqueológicos subterráneos en La Aguada (Santander, Colombia). Para ello, se recolectaron muestras mediante hisopado en restos óseos humanos, fragmentos de cerámica y arte rupestre pertenecientes a contextos vinculados con la comunidad indígena Yariguí. Las muestras fueron sembradas en medios de cultivo selectivos y diferenciales como Agar MacConkey y Agar Sangre, y posteriormente analizadas a través de técnicas morfológicas, microscópicas y moleculares. Se identificaron preliminarmente 3 filos, 3 clases, 7 órdenes, 7 familias y 8 géneros bacterianos, con una diversidad estimada de 11 especies o morfoespecies.

Los resultados contribuyen a una comprensión más precisa del papel de las bacterias en los procesos de colonización de materiales arqueológicos conservados en ambientes cavernosos. Además, permiten fundamentar el diseño de protocolos de conservación preventiva y medidas de bioseguridad para el manejo de restos culturales en condiciones similares. Esta investigación refuerza la importancia de integrar saberes desde la bacteriología, la arqueología y la gestión patrimonial, abriendo nuevas rutas para la protección del patrimonio arqueológico colombiano desde una perspectiva microbiológica.



Keywords: Restos arqueológicos, Diversidad bacteriana, Conservación preventiva, Patrimonio arqueológico

Financing: Esta investigación se realizó gracias al financiamiento del Grupo de Investigación en Biología, GRIB de la Universidad El Bosque, Bogotá-Colombia.

Acknowledgments: Agradecemos a Carlos Lasso Alcalá (Instituto Humboldt) por su valiosa información, y a Gonzalo Valdivieso Bohórquez (ESPELEOCOL) por su apoyo en la elaboración de mapas y en la descripción geológica de las cavidades incluidas en este proyecto.



Estudio de susceptibilidad antibiótica en bacterias subantárticas y detección de multirresistencia

Nicolás Augusto Fernández¹, Nancy Calisto², Alex González^{3,4}, Roberto Uribe-Paredes⁵, Bárbara Seguel⁴, Nicolás Riiveros⁴

(1) Universidad de Magallanes, Programa de Magíster de Bioinformática, Punta Arenas, Chile

(2) Universidad de Magallanes, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Punta Arenas, Chile

(3) Universidad de Los Lagos, Departamento de Salud, Osorno, Chile

(4) Universidad de los Lagos, Departamento de Salud, Programa de Investigación en Biomedicina y Biotecnología, Osorno, Chile

(5) Universidad de Magallanes, Departamento de Ingeniería en Computación, Punta Arenas, Chile

La resistencia a los antibióticos (RAM) es una amenaza para la salud global. Aunque se asocia comúnmente con el uso indiscriminado en medicina humana y veterinaria, estudios recientes sugieren orígenes más antiguos. Por ejemplo, en ambientes prístinos como la Antártica se han descrito bacterias resistentes y multiresistentes. El objetivo fue caracterizar la susceptibilidad a antibióticos en bacterias aisladas de muestras de lagos subantárticos con mínima perturbación antropogénica, para posteriormente realizar secuenciación de genoma completo y detección de genes de resistencia. Se seleccionaron 51 cepas de tres lagos cercanos al Parque Nacional Torres del Paine. Las cepas se sometieron a pruebas de susceptibilidad frente a 18 antibióticos mediante la técnica de difusión en disco, siguiendo las recomendaciones del CLSI pero adecuadas a bacterias ambientales. Posteriormente, fueron seleccionadas bacterias categorizadas con perfil de multirresistencia (MDR). Finalmente, se realizó la extracción de ADN de las cepas MDR para su eventual secuenciación de genoma completo mediante tecnología Oxford Nanopore. De las 51 cepas estudiadas, 20 cepas (39,2%) mostraron un fenotipo de multirresistencia, de las cuales 13 cepas fueron categorizadas como Gram positivas y 7 cepas como Gram negativas. Por otro lado, se destacan los antibióticos de amplio espectro que presentaron un mayor número de resistencias, donde 14 cepas mostraron resistencia a Amoxicilina, Cefotaxima y Ácido Nalidíxico y 12 cepas ante Ampicilina y Cefalotina. La detección de multirresistencia en ecosistemas subantárticos sienta las bases para futuras investigaciones que podrían revelar aspectos aún desconocidos sobre la evolución de los mecanismos de resistencia en la naturaleza. Observamos que la mayoría de resistencias se centran en antibióticos de primera generación o de mayor antigüedad. Esto sugiere que la resistencia podría estar relacionada con mecanismos intrínsecos desarrollados en respuesta a compuestos antimicrobianos disponibles naturalmente. Nuestros hallazgos, junto con otros estudios, refuerzan la idea de que la resistencia a los antibióticos es un fenómeno generalizado y complejo, que requiere una mayor investigación a nivel celular, genómico y de estructuras tróficas.

Keywords: Resistencia a antibióticos; Bacterias; Subantártico; Multirresistencia; Oxford nanopore; Patagonia

Financing: Centro de Investigación y Monitoreo Ambiental (CIMAA) Integrando enfoques interdisciplinarios para el fortalecimiento de las líneas del Desarrollo Social y Humano en la región de Magallanes (MAG2495)



Iron-Reducing Biofilm-Forming Consortium from Lacustrine Systems for Canga Ecosystem Restoration

Douglas Barros^{1,4}, Patrick Romano¹, Rayara Silva², José Bitencourt³, Markus Gastauer³

(1) Vale Technological Institute, Rua Boaventura da Silva, 955, Belém, Pará, Brazil

(2) SENAI Institute of Innovation in Mineral Technologies, Tv. Doutor Moraes, 78, Belém, Pará, Brazil

(3) VALE S.A, Parauapebas, Pará, Brasil

(4) Federal University of Pará, Post-graduation Program in Geology and Geochemistry, Rua Augusto Corrêa, Belém, Pará, Brasil

Iron reduction metabolism is a ubiquitous biochemical process across diverse habitats. This process contributes to multiple natural biological cycles, particularly the formation and stabilization of iron-rich duricrusts (known as canga), found in tropical regions rich in iron ores. This geo-environment is widespread in the Carajás Forest (Pará, Brazil), which sustains diverse and endemic fauna, exhibiting high biodiversity importance. To restore mined canga areas and promote environmental recovery, we evaluated the Fe(III)-reducing potential and biofilm-forming capacity of microbial consortia isolated from lacustrine sediments. Sediment samples were incubated in modified DSMZ 579 medium containing Fe(III) oxide (12.5 mM) and glucose (1 g/L) as electron acceptor and donor, respectively, with monitoring over 21 days. An aliquot of the consortium exhibiting the highest Fe(III)-reducing potential (SS-63) was further cultivated in DSMZ 579 medium supplemented with ferric citrate to stimulate biofilm formation. Surface-associated biofilms developed as pellicles at the liquid-air interface. Biofilm samples were collected, fixed with 2.5% glutaraldehyde in phosphate-buffered saline (PBS), rinsed, and dehydrated through a graded ethanol series prior to imaging by scanning electron microscopy coupled with energy-dispersive X-ray spectroscopy (SEM-EDS). The average values of the maximum iron (III) reduction rates obtained from microbial consortia from lake sediment samples ranged from 2.24 to 39.88 mM ($n = 11$), with the 39.88 mM sample identified as an ideal consortium demonstrating optimized Fe(III) reduction metabolism. When cultivated in DSMZ 579 medium, this consortium achieved Fe(II) production of 46.17 ± 1.56 mM and formed robust surface biofilms. These biofilms consisted of dense microbial aggregates composed of rod-shaped bacterial cells (~ 0.5 μm in diameter) interwoven with fungal hyphae. Elemental mapping by SEM-EDS indicated that surfaces without cells were dominated by Fe (66.74%), O (26.19%), and C (9.71%), whereas microbial aggregates were enriched in C (48.41%), Fe (36.68%), and O (11.24%), along with trace amounts of P, K, Si, and Mo, consistent with microbially mediated Fe(III) reduction and biomineralization processes. The SS-63 consortium's high Fe(III) reduction capacity and biofilm formation ability suggest its potential as a bioinoculant for stabilizing iron in degraded canga ecosystems. Future studies should test its efficacy in field-scale restoration trials.

Keywords: iron-reducing bacteria, canga, iron cycle, biofilm

Financing: Vale S.A., Vale Technological Institute, SENAI Innovation Institute for Mineral



Technologies, Fundação de Amparo e Desenvolvimento de Pesquisa (FAPESP)

Acknowledgments: The authors thank Vale S.A. for grants to PRM and DSB and travel support, ITV and ISI-TM for analytical facilities, and Museu Paraense Emílio Goeldi (MPEG) for access to the SEM/EDS laboratory where part of the analyses were conducted.



Tratamiento de suelos contaminados a partir de diferentes cepas del género *Bacillus*

Ariatna Melgarejo^{1,3}, Martha Benavides^{1,3}, Juan Rubio^{2,3}, William Sosa^{2,3}, Jonathan Gómez^{1,3}

(1) Universidad Santo Tomás, Facultad de Bioingeniería, Av. Universitaria No. 45 - 202, Tunja, Colombia

(2) Universidad Santo Tomás, Dirección de Ciencias Básicas, Av. Universitaria No. 45 - 202, Tunja, Colombia

(3) Universidad Santo Tomás, Grupo de Educación y Ciencia Aplicada, Tunja, Colombia

Los hidrocarburos siendo algunos de los recursos más explotados en América latina, también se convirtieron en una de las principales fuentes contaminantes de nuestros ecosistemas. Este estudio evalúa el potencial de biorremediación de suelos contaminados con hidrocarburos, usando cuatro especies de *Bacillus*: *B. subtilis*, *B. megaterium*, *B. licheniformis* y *B. pumilus*. Para tal fin, se realizaron soluciones de cada cepa, con concentraciones de 1.5×10^8 UFC/mL. Se construyó una estructura con seis compartimentos, la cual fue esterilizada mediante luz UV. A cada sección se adicionaron 500 g de suelo previamente esterilizado, al cual se adicionó aceite de motor en concentraciones de 3% (p/v) y 10 mL de la solución bacteriana. Se incubaron a $29 \pm 1^\circ\text{C}$ por 20 días

La disminución del contaminante y estudio del crecimiento de los microorganismos se realizó tomando muestras cada 24 horas. La cuantificación del contaminante se hizo mediante extracción Soxhlet. Para determinar el crecimiento bacteriano se tomaron 90 g de suelo, se realizaron diluciones seriadas hasta 10^{-4} . Posteriormente, se tomaron 0.1 mL de cada una de las diluciones y se sembraron en placas que contenían agar nutritivo, para luego ser llevadas a incubación a $35 \pm 1^\circ\text{C}$ por 24 horas. Finalizado el tiempo de incubación se realizó el conteo de colonias.

Se observaron patrones variables de crecimiento bacteriano durante 96 horas, destacándose *B. subtilis* por su notable adaptación a condiciones contaminadas. Los consorcios bacterianos mixtos presentaron dinámicas de crecimiento diferentes en comparación con cepas individuales. El grupo control, sin bacterias, mostró cambios mínimos y no generó una disminución significativa en la concentración de hidrocarburos.

Además, observando el comportamiento del crecimiento bacteriano, se construyó un modelo matemático para describir la dinámica poblacional bacteriana en biorremediación. El modelo captura varios escenarios, como degradación exitosa con colapso posterior (tras un pico de actividad degradativa, la población declina por agotamiento del contaminante), resurgencia (una cepa resistente o mejor adaptada emerge tras el colapso inicial) y extinción por toxicidad retardada.

Keywords: Biorremediación, Hidrocarburos, Contaminación de suelos, *Bacillus*



Financing: El proyecto fue financiado por la Universidad Santo Tomás Tunja, quien brindo apoyo económico, nos facilitó espacios de laboratorio, equipos, reactivos e instrumentos necesarios, permitiendo la correcta ejecución, análisis de datos y finalización de los procesos planteados en la investigación.

Acknowledgments: Agradezco profundamente a la docente Martha Benavides, a Juan Rubio y William Sosa por su apoyo fundamental, a las laboratoristas por su disposición, y a mis padres por su ayuda significativa en la construcción y ejecución de la idea.



Eficacia comparativa de la detección molecular y citológica en el diagnóstico de infecciones herpéticas.

Fernando Arévalos¹, Amiliana Pineda¹, Melisa Florentin¹, Monserrat Aldama¹, Idalina Franco¹, Olga Aldama¹, José Pereira Brunelli¹

(1) Centro de Especialidades Dermatológicas, Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, San Lorenzo, Paraguay

Las infecciones por virus herpes simplex tipo 1 y 2 (HSV-1, HSV-2) y varicela-zóster (VZV) son altamente prevalentes y clínicamente relevantes debido a su capacidad de establecer latencia y reactivarse, especialmente en contextos de inmunosupresión. HSV-1 se asocia principalmente con infecciones orales y HSV-2 con el herpes genital, mientras que VZV causa varicela en la infección primaria y herpes zóster en su reactivación.

Este estudio tuvo como objetivo comparar la eficacia de la PCR en tiempo real multiplex con el frotis del test Tzanck para la detección de HSV-1/2 y VZV.

Metodología

Se realizó un estudio observacional, retrospectivo, con muestras procesadas entre agosto de 2024 y marzo de 2025, utilizando el kit Viasure Herpes 1/2 & VZV Real Time PCR (CerTest Biotec, España).

Resultados

Se obtuvieron 16 resultados positivos, con predominio de VZV (47%), seguido de HSV-2 (29%). La mayoría de los pacientes eran hombres (53%) y el grupo etario más frecuente fue el de 18-35 años (47%).

Se compararon dos tipos de muestras: hisopado de lesión (HL) y suero. En una subserie de ocho pacientes, HL mostró una sensibilidad del 100%, frente al 65,2% en sangre, por lo que se continuó con muestras de HL. En cuanto a la comparación con el frotis de Tzanck, de 10 muestras positivas por PCR, solo 6 presentaron hallazgos citológicos compatibles (sensibilidad del 60%).

Además, se presentó un caso de esofagitis herpética diagnosticado exclusivamente mediante PCR a partir de biopsia esofágica, destacando su valor en muestras no convencionales.

Conclusión

A pesar de que el test de Tzanck es una técnica mucho más sencilla y rápida que la PCR en tiempo real multiplex demostró ser significativamente más sensible para el diagnóstico de infecciones herpéticas, siendo también más eficaz el hisopado de lesión frente a la muestra de sangre. Estos resultados refuerzan la utilidad clínica de la PCR como método diagnóstico de elección para HSV-1/2 y VZV, especialmente en pacientes inmunocomprometidos o con manifestaciones atípicas.

Keywords: PCR, Herpes, Varicela, Biología molecular



Cambios en la microbiota intestinal y la plasticidad neuronal relacionado con el envejecimiento en ratones C57BL/6

Kelly Vanessa García-Mérida¹, Charlen Guzman Ortiz-Flores¹, Hiram Tedilla-Beltrán², Gonzalo Flores-Álvarez², Ricardo Carreño-López¹, Rosa del Carmen Rocha-Gracia¹, Margarita María de la Paz Arenas-Hernández¹, Claudia Fabiola Martínez-de la Peña¹

(1) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Centro de Investigación en Ciencias Microbiológicas, 22 Sur, Av San Claudio, Cd Universitaria, 72592 Heroica Puebla de Zaragoza, Pue., Puebla, México

(2) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Laboratorio de Neuropsiquiatría, Instituto de Fisiología, Prol. de la 14 Sur 6301, Cd Universitaria, Cdad. Universitaria, 72592 Heroica Puebla de Zaragoza, Pue., Puebla, México

El intestino humano posee un ecosistema de hongos, arqueas, bacterias y virus que forman una comunidad microbiana compleja, llamada microbiota intestinal. La microbiota intestinal desempeña un papel clave en procesos metabólicos, inmunológicos e incluso llega a regular al sistema nervioso central (SNC) a través del eje microbiota-intestino-cerebro. La diversidad y riqueza de la microbiota intestinal cambia a lo largo de la vida hasta la mediana edad donde existe un periodo de relativa estabilidad. Sin embargo, durante el envejecimiento la estabilidad en la microbiota intestinal se pierde conduciendo a un estado disbiótico, que impacta negativamente en la neuroplasticidad, como en el aprendizaje y memoria. El objetivo de este estudio es determinar los cambios en la microbiota intestinal y la plasticidad neuronal en ratones envejecidos de la cepa C57BL/6. Se utilizaron 24 ratones de ambos sexos envejecidos (9-12 meses de edad) y se dividieron en dos grupos control y experimentales. Al grupo experimental se le realizó un trasplante de microbiota fecal (TMF) de ratones jóvenes (3-4 meses de edad) y el grupo control solo recibió solución salina. Se hizo el análisis metagenómico de las secuencias 16s rRNA antes y después del trasplante observando cambios en ciertos grupos taxonómicos, además se realizaron pruebas de comportamiento en campo abierto para determinar la locomoción, memoria y aprendizaje a corto y largo plazo. Los resultados preliminares muestran que el TMF no generó cambios significativos en la actividad locomotora ni en la retención a corto plazo. Sin embargo, en la retención a largo plazo se observó una mejora en el índice de discriminación en ratones envejecidos con TMF de roedores jóvenes. Las diferencias sexadas fueron relevantes, las hembras parecen tener un deterioro cognitivo más lento en comparación con los machos. Se concluye que el TMF podría modular aspectos específicos en la neuroplasticidad durante el envejecimiento, particularmente en la memoria a largo plazo. Estos hallazgos abren posibilidades terapéuticas a futuro.

Keywords: envejecimiento, neuroplasticidad, trasplante de microbiota fecal, microbiota intestinal

Financing: A la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, por los recursos brindados y a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada en la duración de este posgrado.

Acknowledgments: Agradezco profundamente a la DC. Claudia, DC. Gonzalo y DC. Hiram, por todos sus conocimientos brindados y su apoyo incondicional



Impact of Non-Synonymous SNVs on Gene Expression and Immune System Evasion in Orthohantavirus andesense (ANDV)

Hade Andrea Ramos Acevedo^{1,2}, Eugenia Fuentes-Luppichini², Andreas Schüller^{1,3}, Jorge Vera-Otarola⁴, Catalina Rogers Alcalde², Javiera Pradenas Mateluna², Marcela Ferrés², Jenniffer Angulo Troncoso^{1,2}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Alameda 340, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Laboratorio de Infectología y Virología Molecular,, Escuela de Medicina, Marcoleta 391, Santiago,, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Instituto de Ingeniería Biológica y Médica, Facultad de Ingeniería, Facultad de Ciencias Biológicas y Escuela de Medicina, Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Unidad de Virología Aplicada, Escuela de Medicina, Marcoleta 391, Santiago, Chile

Introduction: The Andes virus (ANDV), a rodent-borne Hantavirus, causes hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS) in Chile and Argentina. The ANDV genome comprises three single-stranded negative-polarity RNA segments: large (L), medium (M), and small (S). The Small mRNA (SmRNA) encodes the nucleocapsid (N) and NSs proteins. The N protein is crucial in several stages of viral replication, including SmRNA translation. The NSs protein has been reported to contribute to pathogenesis by acting as an antagonist of the type I interferon pathway. Previous findings had suggested that non-synonymous single nucleotide variations (SNVs) in different viral isolates can have an impact on infection outcomes, highlighting the need to understand ANDV's genetic diversity. This study evaluated the impact of non-synonymous SNVs found in the N and NSs protein's ORFs from complete genome sequencing of ANDV variants collected from infected humans in Chile.

Methods: The complete S segments of 61 ANDV genomes were sequenced using Illumina technology. Sequences were analysed using the Galaxy web server. Comparative in silico analysis revealed that the NSs protein is less conserved than the N protein across ANDV isolates. In silico modeling and $\Delta\Delta G$ -based stability predictions were used to assess the structural impact of selected mutations. Three mutations per protein were introduced by site-directed mutagenesis into the plasmids ANDV-His-N or ANDV-HA-NSs, followed by Sanger sequencing confirmation. The impact of mutant N proteins on gene expression was evaluated using a capped SmRNA viral-like reporter in HEK293T cells. The impact of mutant NSs proteins was assessed through functional assays using a reporter construct with the IFN- β promoter.

Results: The sequence analysis revealed a total of 28 non-synonymous SNVs across both proteins, with 61% located in the NSs protein. The N46S mutation on the N protein disrupted the ability to stimulate SmRNA translation. In NSs, the S32L mutation increased its ability to inhibit the IFN- β pathway; this SNV was found only in one patient with severe disease. Structural modeling suggested that some mutations destabilize protein



conformation or alter potential interaction surfaces.

Conclusion: These findings suggest that specific non-synonymous SNVs may differentially affect viral protein function and could influence the clinical outcome of ANDV infection.

Keywords: Andes orthohantavirus, Genomic diversity, Hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS), Single nucleotide variants (SNVs)

Financing: FUNDING: FONDECYT N°1230718, N°1211825, N°1161167, NIH ID14110084



Evaluation of the β -D-Fructofuranosidase production and expression of the SomA, MedA and fructofuranosidase genes using *Aspergillus niger* biofilm process

Luis Henrique Souza Guimarães¹, Thiago da Silva Depintor²

(1) University of São Paulo, Biology, Faculty of Philosophy, Science and Letters of Ribeirão Preto, Avenida Bandeirantes 3900, Ribeirão Preto, Brasil

(2) University of São Paulo, Genetic, Ribeirão Preto Medical School, Avenida Bandeirantes, 3900, Ribeirão Preto, Brasil

Enzymes are molecules with biotechnological interest, which can be applied in different industrial sectors as food and beverage, pharmaceuticals, cellulose and paper, cleaning, among others. Filamentous fungi are important microbial sources of enzymes, producing hydrolases as β -D-fructofuranosidases under different culture conditions as submerged, solid-state and biofilm processes. The fungal morphology also impacts on enzyme production and secretion. According to this, the aim was to evaluate the expression of fructofuranosidase (Fruc), SomA and MedA genes in the *A. niger* biofilm, developed on inert support. Considering the carbon sources, the best expression of the Fruc and MedA gene was in presence of fructose, while for SomA it was observed the reduced expression level. Glucose and lactose stimulated the expression of SomA. The best enzyme production for the intracellular form was obtained using fructose (1.2 Total U) as carbon source, but for the extracellular, the best result was in the absence of carbon source (2.8 Total U). The influence of the period of cultivation, using sucrose as carbon source, was evaluated. The high expression level of the Fruc gene was obtained with 48 h, while for MedA with 96 h in presence of sucrose, differing from that observed for the SomA gene, with better expression in absence of sucrose for 48 h. The expression of the Fruc gene is in agreement with the enzyme activity, with maximal values for 48–72 h. In presence of sucrose, any significant difference was found in the expression of the Fruc gene for both submerged and biofilm processes. However, using glucose and fructose, the expression was higher for biofilm than for the free mycelia. For the MedA gene, there is no difference using glucose, but it was higher in presence of fructose for biofilm than that for free mycelia. In the presence of sucrose, it was inverse. The expression of SomA was most favored in presence of glucose and fructose for the free mycelia, while in presence of sucrose, significant difference was not reported. In conclusion, the expression of Fruc, MedA and SomA genes was affected by the cultivation method and by the carbon source used.

Keywords: Fungal Biofilm, RT-qPCR, Fructofuranosidase, Gene Expression, *Aspergillus*

Financing: FAPESP 2022/04372–9

Acknowledgments: We thanks FAPESP and CNPq



Mecanismos genéticos de resistencia bacteriana en tres hospitales de El Salvador (Chalchuapa, Ahuachapán, Santa Ana): detección por PCR de genes NDM, OXA, CTX-M, TEM y relevancia epidemiológica

Adan Alexis Acosta¹, Marcos Fabricio Quintana², Mildred Amparo Sandoval¹

(1) Universidad Autonoma de Santa Ana, Escuela de Medicina, Ciencias de la Salud, South West Highway Km 63 ½, Santa Ana, Santa Ana, El Salvador

(2) Universidad Autonoma de San Ana, Investigacion, Ciencias de la Salud, South West Highway Km 63 ½, Santa Ana, Santa Ana, El Salvador

Este estudio integró hallazgos de tres hospitales nacionales de El Salvador Hospital Nacional de Chalchuapa, Hospital Nacional Francisco Menéndez de Ahuachapán y Hospital Nacional San Juan de Dios de Santa Ana con el objetivo de caracterizar mecanismos genéticos de resistencia bacteriana mediante técnicas de biología molecular. En cada centro se recolectaron aislamientos clínicos significativos (muestras urinarias, hemocultivos y secreciones) e identificaron las especies bacterianas y sus perfiles fenotípicos de resistencia mediante antibiogramas. Posteriormente, se aplicó PCR convencional para la detección de genes asociados a β -lactamasas de espectro extendido (BLEE), carbapenemasas y elementos genéticos móviles.

En Chalchuapa (2023), *Escherichia coli* fue la especie predominante productora de BLEE, con detección de CTX-M como gen principal, además de TEM y OXA-1. Se identificó el integrón de clase I en 65% de los aislamientos, reflejando capacidad de transferencia horizontal. En Ahuachapán (2024), *E. coli* y *Klebsiella pneumoniae* presentaron CTX-M de forma casi universal, con TEM en la mayoría y SHV en un tercio de las cepas, además de un aislamiento con NDM. En Santa Ana (2019), se estudiaron 82 cepas de *Acinetobacter baumannii* resistentes a carbapenémicos: todas portaban OXA-24, mientras que cuatro presentaron simultáneamente NDM, constituyendo el primer reporte nacional de *A. baumannii* con este gen. En los tres hospitales no se identificaron genes KPC, lo cual coincide con su baja prevalencia en la región.

Los resultados muestran un patrón consistente: CTX-M es el determinante predominante de BLEE en enterobacterias de la zona occidental, mientras que OXA-24 define la resistencia en *A. baumannii*. La detección de NDM en ambos grupos bacterianos, aunque en baja proporción, representa un hallazgo de gran preocupación epidemiológica por el riesgo de diseminación interhospitalaria de carbapenemasas de alta prioridad. La presencia de integrones confirma la circulación de mecanismos móviles capaces de facilitar la transferencia de resistencia entre especies.

En conclusión, la integración de datos de tres hospitales salvadoreños aporta evidencia crítica sobre la dinámica local de resistencia, subrayando la urgencia de fortalecer la vigilancia molecular multicéntrica y promover el uso racional de antibióticos como estrategias centrales para contener la diseminación de bacterias multirresistentes.

Keywords: Resistencia bacteriana; CTX-M; NDM; OXA-24; β -lactamasas; vigilancia



epidemiológica; El Salvador

Financing: Esta investigación no contó con financiamiento externo, todos los fondos son del fondo de investigación de la Universidad Autónoma de Santa

Acknowledgments: A la Universidad Autónoma de Santa Ana (UNASA) y a los equipos de laboratorio e investigación de los hospitales participantes por su colaboración técnica y científica.



Producción de una enzima endoxilanasas en una cepa de *Pichia pastoris* recombinante a nivel biorreactor de laboratorio

Javiera Báez^{1,2}, Carolina González^{1,2}, Oriana Salazar^{1,2}, Irene Martínez^{1,2}

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ingeniería Química, Biotecnología y Materiales, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas Universidad de Chile, Beauchef 851, Santiago, Chile

(2) Centro de Biotecnología y Bioingeniería, Departamento de Ingeniería Química, Biotecnología y Materiales, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Beauchef 851, Santiago, Chile

Komagataella phaffii (anteriormente *Pichia pastoris*) es un sistema huésped ampliamente utilizado en biotecnología para la producción de proteínas recombinantes, gracias a su capacidad de crecer en medios simples, alcanzar alta densidad celular y metabolizar metanol como fuente de carbono. En este estudio, se empleó la cepa KM71 para la expresión de la xilanasas GtXyn10A proveniente del hongo *Gloeophyllum trabeum*, una enzima con potencial aplicación en la producción de xilooligosacáridos (XOS) de interés prebiótico.

El proceso de fermentación se diseñó en cuatro fases: etapa batch (crecimiento inicial), etapa de crecimiento (alimentación con glicerol), etapa de adaptación (alimentación con glicerol-metanol) y etapa de inducción (alimentación con metanol). El objetivo fue evaluar el efecto de la temperatura de inducción (20, 25 y 30 °C) sobre la producción de proteína recombinante y su actividad enzimática. También se realizaron ensayos preliminares con variación de pH (5.0 y 5.5) y suplementación con solución traza PTM1.

Los resultados mostraron que aunque a 20 °C y 25 °C el metanol fue completamente consumido, la expresión de xilanasas fue significativamente mayor a 30 °C, con un aumento de 2,3 y 2,2 veces respecto a las otras temperaturas. Esta condición también provocó una acumulación de metanol de hasta 15 g/L.

En conclusión, la inducción a 30 °C permitió la mayor la producción de xilanasas. A la vez que ofrece ventajas operacionales al reducir los requerimientos de enfriamiento. Este resultado representa un equilibrio favorable entre eficiencia biológica y factibilidad industrial, lo que posiciona esta condición como prometedora para futuros procesos de escalado en bioprocesos enfocados a la producción de enzimas funcionales en sistemas recombinantes.

Keywords: Xilanasas, *Pichia pastoris*, Bioprocesos, Metanol, Proteínas recombinantes

Financing: Este trabajo fue financiado por FONDEF N°24110247 y el Centro de Biotecnología y Bioingeniería (CeBiB), proyectos FB0001 y AFB240001 (Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo, ANID)



Evaluación de la papa china (*Colocasia esculenta*) como materia prima para la producción de bioetanol mediante hidrólisis enzimática asistida por ultrasonido

Reinier Abreu Naranjo³, Jadira Elizabeth Yupangui Lucero¹, Jannys Lizeth Rivera Barreto², Amaury Pérez Martínez², Estela Guardado Yordí², Laura Scalvenci², Matteo Radice²

(1) Universidad Estatal Amazónica, Carrera de Biología, Facultad de Ciencias de la Vida, Vía Tena km 2½, Puyo, Ecuador.

(2) Universidad Estatal Amazónica, Facultad de Ciencias de la Tierra, Vía Tena km 2½, Puyo, Ecuador.

(3) Universidad Estatal Amazónica, Facultad de Ciencias de la Vida, Vía Tena km 2½, Puyo, Ecuador.

El bioetanol producido a partir de la fermentación de biomasa se caracteriza por ser de naturaleza renovable expresada en su ciclo de vida. La papa china amazónica con 72% de almidón puede ser una alternativa a materias primas tradicionales como el maíz y la caña de azúcar. El objetivo de este estudio fue evaluar la papa china (*Colocasia esculenta*) como materia prima para la producción de bioetanol mediante hidrólisis enzimática asistida por ultrasonido. La caracterización química de la papa china se determinó mediante las normas AOAC, mientras los azúcares reductores se determinaron por el método Fehling. En el proceso de hidrólisis enzimática se emplearon las enzimas α -amilasa y gluco-amilasa. Para la fermentación se usó levadura seca activa *Saccharomyces cerevisiae*. El análisis de caracterización química de la harina con cáscara (CC) reveló altos niveles en proteína (8,71%), fibra cruda (4,21%) y cenizas totales (5,56%), sin embargo, la harina de papa china sin cáscara (SC) obtuvo mayores resultados de almidón (27,5%). La evaluación de los azúcares reductores durante la hidrólisis enzimática arrojó mejores resultados en las muestras con pretratamiento ultrasónico, específicamente en la muestra con cáscara (CC+US) (1017,8 mg/L). Las muestras tratadas con ultrasonido (SC+US y CC+US) alcanzaron valores más bajos de °Brix en comparación con las que no fue aplicado el ultrasonido, sugiriendo un progreso más rápido hacia la finalización del proceso de fermentación en las muestras tratadas. El rendimiento de etanol absoluto fue significativamente mayor en las muestras tratadas con ultrasonido, alcanzando un incremento de aproximadamente 35% en el rendimiento de etanol, tanto para las muestras con cáscara como sin ella, en comparación con las muestras no tratadas. Los hallazgos presentados abren nuevas perspectivas para la valorización de este tubérculo en la industria de biocombustibles y la importancia de continuar investigando y optimizando los procesos de conversión de biomasa en energía renovable.

Keywords: Bioetanol, ultrasonido, hidrólisis enzimática, *Colocasia esculenta*, fermentación.

Financing: Universidad Estatal Amazónica



Prevalencia de *Escherichia coli* pks⁺ en muestras de infecciones urinarias y gastrointestinales como un factor de predisposición a desarrollar cáncer en población de Jalisco, México.

Claudia Vargas López¹, Rafael Cortés-Zárate¹, Susan Andrea Gutierrez-Rubio², Araceli Castillo-Romero¹

(1) Universidad de Guadalajara, Departamento de Microbiología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud (CUCS), Sierra Mojada #950, Colonia Independencia C.P. 44340, Guadalajara, Jalisco., México

(2) Universidad de Guadalajara, Departamento de Fisiología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, Guadalajara 44340, Guadalajara, Jalisco., Mexico

El cáncer es de las principales causas de muerte en el mundo. En los últimos años, se ha visto que ciertas bacterias están asociadas con cánceres humanos. Entre éstas, *Escherichia coli* portadora de la isla de patogenicidad pks y por ende productora de la toxina colibactina, se ha visto que favorece la transformación maligna de las células del colon, al provocar rupturas de doble cadena en el ADN de las células epiteliales. Diversos estudios han demostrado la presencia de *E. coli* pks⁺ en biopsias de tejido tumoral en pacientes con cáncer colorrectal (CCR). Por otro lado, *E. coli* es la causa más común de infecciones del tracto urinario y colibactina también se ha asociado con infecciones del tracto urinario. Aunque su principal implicación ha sido con CCR, trabajos recientes muestran que esta genotoxina induce daño al ADN en las células de la vejiga. Sugiriendo su implicación también en cáncer de vejiga.

Considerando que *E. coli* es uno de los anaerobios facultativos más abundantes en el tracto gastrointestinal humano. Son muy pocos los trabajos que han buscado la presencia de *E. coli* pks⁺ en individuos sanos o sin antecedentes de CCR. El presente estudio tuvo como objetivo desarrollar un PCR específico para detectar los genes clbB, clbH y clbP, implicados en la biosíntesis de colibactina a partir de muestras fecales de personas sanas y con infección gastrointestinal, así como en muestras de orina de pacientes con infección urinaria. Los resultados de PCR muestran la presencia de los genes que codifican para colibactina en más del 40% de las muestras analizadas, sugiriendo la presencia de *E. coli* pks⁺. La detección de esta bacteria podría ser utilizada como marcador temprano de predisposición al desarrollo de un cáncer.

Keywords: Cáncer, Microbiota, *Escherichia coli*, Colibactina

Financing: Por el momento, el proyecto se ha estado trabajando con apoyo institucional. Se aplicará en convocatorias para la búsqueda de recursos externos a la Universidad de Guadalajara.

Acknowledgments: Agradezco a la Universidad de Guadalajara por su respaldo académico, a mi directora y codirector de tesis por su valiosa orientación, y al CONAHCYT por la beca otorgada.



Symbiotic microparticle platforms based on retrograded starch for microbiota-centered therapy in ulcerative colitis

Andréia Meneguini¹, Maria Fernanda Ortolani Pollini¹, Sílvia André lopes¹

(1) São Paulo State University (UNESP), Drugs and Medicines, School of Pharmaceutical Sciences, Araraquara-Jaú Road, km 01, Araraquara, Brazil

The interplay between inflammation and microbial dysbiosis in ulcerative colitis (UC) calls for advanced delivery strategies that address both immune modulation and microbiota restoration. Probiotics such as *Lactobacillus rhamnosus* help rebalance the gut microbiome but require protection to survive gastrointestinal transit. Mesalazine (5-ASA), a first-line anti-inflammatory drug, often shows limited efficacy due to premature absorption. To overcome these barriers, two complementary microparticle (MP) systems were developed using retrograded starch (RS) and pectin (P): one produced by spray-drying for co-encapsulation of viable probiotics and 5-ASA, and another via ionotropic and covalent crosslinking for pH- and ROS-responsive release. This symbiotic platform combines a probiotic strain with fermentable polysaccharides (RS and P), which act as natural prebiotics, enabling synergistic modulation of the gut microbiota and the inflammatory environment. Additionally, the feasibility of a hierarchical system was explored, where spray-dried cores could be embedded within gelled MPs. Spray-dried MPs containing RS/P, cellulose nanofibers (CNF), 0.5% 5-ASA, and *L. rhamnosus* GG (2×10^8 CFU/mL) were optimized under 18 drying conditions. In parallel, RS/P/dextran sulfate (DS) MPs were crosslinked with Al^{3+} and 1,4-phenylenediboronic acid (PDA). Characterization included SEM, FTIR, XRD, DSC, encapsulation efficiency (EE), probiotic viability, mucoadhesion, antioxidant activity, and drug release in simulated gastrointestinal and inflamed conditions. Kinetic models were applied to investigate release mechanisms. Spray-dried MPs showed high EE (up to 81.5%) and maintained probiotic viability (5.74 ± 0.01 log CFU/g after 30 days at 25 °C). Mucoadhesion increased with CNF, and 5-ASA release was suppressed at low pH, favoring colonic availability. Crosslinked MPs adhered selectively to colonic mucosa, exhibited ~80% antioxidant activity, and degraded under oxidative stress, enabling responsive drug release. Combined systems demonstrated compatibility and structural integrity. Together, these RS-based platforms offer distinct yet complementary functions. Spray-dried MPs protect and deliver viable probiotics, while gelled MPs provide site-specific, stimuli-responsive release of 5-ASA. Their integration into a hierarchical system represents a promising symbiotic strategy for microbiota-centered therapy in UC.

Keywords: Probiotics, Symbiotics, Dysbiosis, drug delivery, retrograded starch

Financing: FAPESP (2023/04633-0), CNPq (402105/2023-0)



Actividad antibacteriana in vitro del extracto etanólico y aceite esencial de Matricaria Chamomilla, frente a Staphylococcus aureus y Staphylococcus epidermidis

Ana Maria Gallego Chica^{1,2}, Nelsy Loango Chamorro^{1,2}, Fabiana María Lora Suarez^{1,2}

(1) Universidad del Quindío, Programa de Medicina. Grupo de Investigación GECAVYME, Ciencias de la Salud, Cra 15 Clle 12N Avenida Bolivar, Armenia, Quindío, Colombia

(2) Universidad del Quindío, Biología. Grupo de Investigación GICBE, Ciencias Básicas y Tecnologías, Armenia, Quindío, Colombia

Un buen estado de salud es sinónimo de vida plena, larga y feliz; esto involucra una serie de aristas de diferente tipo; por ende, el ser humano, en su naturaleza investigadora, ha indagado sobre distintas alternativas para mejorar la calidad de esta. Entre una variedad de opciones se encuentra la fitoterapia, conocida por emplear plantas con fines curativos; dentro de este campo, tanto los aceites esenciales (A.E.) como los extractos etanólicos (E.E.) son recursos cada vez más apreciados debido a las cualidades que ostentan. Es por ello que en la presente investigación se evaluó la reacción de Staphylococcus aureus y Staphylococcus epidermidis, microorganismos conocidos por ser causantes del acné vulgar, frente al A.E. y E.E. de Matricaria chamomilla. Inicialmente, fue obtenido el A.E. a través de destilación por arrastre de vapor y el E.E. por medio de lixiviación. Posteriormente, se ejecutó una cuantificación de los metabolitos secundarios presentes en el E.E., como fenoles, polisacáridos, flavonoides, alcaloides y taninos, en adición a un análisis de la actividad antioxidante. Seguidamente, fue determinada la CMI mediante "microdilución en placa". Para llevar a cabo este procedimiento, inicialmente se diluyeron tanto el A.E. como el E.E. en DMSO 1% y agua destilada, en concentraciones de 300; 600; 1500; 3000 y 6000 µg/ml, cada una de estas fue probada en las dos cepas bacterianas mencionadas anteriormente, obteniendo como resultado una inhibición en el crecimiento bacteriano de S.aureus con E.E. en concentración de 6000 µg/ml, y S.epidermidis con A.E. y E.E. en la misma concentración. Concluyendo que, con estudios adicionales, ambos productos vegetales podrían ser una alternativa viable para el tratamiento de lesiones acneicas causadas por microorganismos patógenos.

Keywords: Matricaria Chamomilla, Actividad Antibacteriana, Aceite esencial, Extracto etanólico, S.epidermidis

Financing: Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y Educación (GICBE) – Universidad del Quindío



α 7 Nicotinic Receptor Stimulation Prevents Sepsis-Induced Coagulopathy in a Preclinical Endotoxemia Model

Diego Aravena^{1,2,3}, Cristóbal Aravena¹, Yolanda Prado^{1,2,3}, Pablo González³, Felipe Simon^{1,2,3}

(1) Universidad Andrés Bello, Laboratory of Integrative Pathophysiology, Faculty of Life Sciences, República 330, Santiago, Chile

(2) Center for Research on Pandemic Resilience, Universidad Andrés Bello, Faculty of Life Sciences, Santiago, Chile

(3) Millenium Institute on Immunology and Immunotherapy, Santiago, Chile

Sepsis is a life-threatening condition resulting from a dysregulated host response to infection and remains a major global health challenge due to its high incidence and high mortality rates. It is primarily triggered by microbial pathogens, with gram-negative bacteria being the most common causative agents. These bacteria release lipopolysaccharide (LPS), which initiate strong pathophysiological response, leading to widespread injury. Among the most frequent and severe complications arising from this dysregulated response is sepsis-induced coagulopathy (SIC), a condition affecting up to 80% of septic patients and closely linked to poor outcomes. Clinically, SIC is diagnosed using a scoring system based on readily available biomarkers, including coagulation parameters (international normalized ratio [INR] and platelet count) and components of the Sepsis-related Organ Failure Assessment (SOFA) score ($\text{PaO}_2/\text{FiO}_2$ ratio, plasma creatinine, and bilirubin levels). A SIC score ≥ 4 indicates the presence of coagulopathy. Various therapies have been tested to improve sepsis outcomes, including cholinergic stimulation through the $\alpha 7$ nicotinic receptor ($\alpha 7\text{nAChR}$), which has shown to improve survival in sepsis models and, despite this effect has been attributed to its anti-inflammatory effects, its impact on coagulation during sepsis has not yet been explored. This study aims to evaluate the effect of $\alpha 7\text{nAChR}$ stimulation in a preclinical model of SIC. To achieve this, male Sprague-Dawley rats (230–260g) were pre-treated with $\alpha 7\text{nAChR}$ agonist GTS-21 (5 mg/kg, i.v.) or vehicle 15 minutes prior to the induction of endotoxemia via lipopolysaccharide (LPS) infusion (30 mg/kg, i.v. over 1 hour). Three hours post-infusion, blood samples were collected to assess SOFA and coagulation parameters, allowing for the calculation of a rat-adapted SIC score previously developed in our laboratory. Saline-treated animals served as the healthy control group. All animals in the control group exhibited SIC scores < 4 , whereas 80% of the endotoxemic group met the criteria for SIC (SIC score ≥ 4). In contrast, none of the GTS-21 pre-treated endotoxemic animals reached the SIC threshold ($n=6$ each group). Additionally, animals receiving GTS-21 without LPS exposure showed no signs of SIC. These findings suggest that $\alpha 7\text{nAChR}$ stimulation with GTS-21 exert a protective effect against sepsis-induced coagulopathy, as assessed using clinically relevant parameters.

Keywords: Sepsis, Coagulopathy, LPS, Nicotinic receptor, GTS-21

Financing: Proyecto FONDECYT Regular 1241072; Beca Doctorado Nacional ANID 21240134, Beca de Iniciación a la Investigación UNAB 2024 and Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy (ICN09_016 / ICN2021_045; former P09/016-F).



Evaluation of the antibacterial activity of *Cannabis sativa* oil

Anne Caroline Dias Oliveira¹, Yasmin Menandro de Freitas¹, Edson de Figueiredo Gaudêncio Barbosa¹, Rayane Balsamo¹, Gizele Monsueth Melo¹, Bruna Christynna Santana Clemente¹, Lucas Cardoso Pereira¹

(1) Centro Universitário ICESP, Microbiologia, Faculdade de Medicina Veterinária, Brasília, Brazil

Bacterial resistance to antibiotics is a serious global public health problem. To combat it, many substances have been investigated for their potential to inhibit microbial activity, both in vivo and in vitro. Cannabidiol (CBD), one of the cannabinoids isolated from *Cannabis sativa*, is one of the most abundant active ingredients in the plant and has been associated with multiple biological activities. It stands out for its great therapeutic potential in behavioral and physiological disorders in both humans and animals.

Despite the wide range of allopathic medicines, medicine is still seeking greater drug efficiency with new compounds and formulations from natural substances, especially those with inhibitory action against pathogenic microorganisms. CBD has shown applications in disorders such as fear, anxiety, depression, chronic pain, insomnia, loss of appetite and diseases such as cancer and epilepsy.

This study aimed to investigate the antibacterial activity of CBD essential oil 3000mg (Abrapango-DF) against gram-negative bacteria, including *Pseudomonas aeruginosa*. and *E. coli* colonies isolated in Petri dishes. The efficacy was verified by analyzing the effect of the essential oil on the bacterial myriad of *E. coli*.

In the present study, Petri dishes with Mueller Hinton agar and strains of *E. coli* and *Pseudomonas aeruginosa*. were used, employing the well diffusion technique. Two holes were made in the agar to form cylinders, to which 25 µl of CBD essential oil were added in three plates with *E. coli* and in three with *Pseudomonas aeruginosa*. For control, 25 µl of Enrofloxacin 10% and 25 µl of Amoxicillin 1g were used. After 24 hours, comparisons and measurements of the inhibitory halos on the *E. coli* plates were performed, while considerable bacterial growth was observed on the *Pseudomonas aeruginosa*. plates.

The results indicate that CBD essential oil has potential antibacterial activity against *E. coli*, suggesting its viability as an antimicrobial agent at this concentration in the fight against bacterial resistance.

Keywords: cannabis, antimicrobial, cannabidiol, the

Financing: Abrapango-DF, Centro Universitário ICESP

Acknowledgments: Abrapango-DF, Centro Universitário ICESP



Antimicrobial Evaluation of THC Delta 9 Oil Against *Pseudomonas aeruginosa*

Yasmin Menandro de Freitas¹, Edson Figueiredo Gaudêncio Barbosa¹, Brunna Christynna Santana Clemente¹, Anne Caroline Dias Oliveira¹, Gizele Monsueth Melo¹, Lucas Cardoso Pereira¹

(1) Centro Universitário Icesp, Microbiologia, Medicina Veterinária, Qs 05 Rua 300 Lot 1, Brasília, Brazil

Bacterial resistance to antibiotics poses a serious challenge to public health worldwide. To address this issue, various substances are being studied for their ability to inhibit microbial activity, both in controlled environments (in vitro) and in living organisms (in vivo). Delta 9 THC, one of the most abundant cannabinoids extracted from the *Cannabis Sativa* plant, has demonstrated a variety of biological activities. It is particularly recognized for its therapeutic potential in treating behavioral and physiological disorders in humans and animals.

Although there are many allopathic medications available, medicine continues to seek more effective alternatives by exploring new compounds and formulations derived from natural substances, especially those that act as inhibitors of pathogenic microorganisms. Delta 9 THC has shown promising applications in conditions such as anxiety, depression, chronic pain, insomnia, lack of appetite, as well as diseases like cancer and epilepsy.

The objective of this study was to evaluate the antibacterial activity of essential oil of Delta 9 THC (1500 mg, Abapango-DF) against gram-negative bacteria, including *Pseudomonas aeruginosa*, isolated on Petri dishes. The efficacy of the oil was analyzed by observing its effect on the colonies of *Pseudomonas aeruginosa*.

To conduct the research, Petri dishes containing Mueller Hinton agar and strains of *Pseudomonas aeruginosa* were used, employing the well diffusion technique. Two wells were made in the agar, where 25 µl of the essential oil of Delta 9 THC (1500 mg) was added to three plates containing *Pseudomonas*. As a control, 25 µl of 10% Enrofloxacin was applied. After a period of 24 hours, comparisons and measurements of the inhibition halos on the plates of *Pseudomonas aeruginosa* were performed.

The results suggest that the essential oil of Delta 9 THC exhibits promising antibacterial activity against *Pseudomonas aeruginosa*, indicating its potential and application as a phytocannabinoid antimicrobial agent at this concentration in the fight against bacterial resistance.

Keywords: tetrahydrocannabinol, pseudomonas, bacterial

Financing: Abapango-DF

Acknowledgments: Abapango-DF, Centro Universitário ICESP



Levaduras oleaginosas nativas como alternativa sostenible y su potencial uso en nutrición de peces

Paola Díaz Navarrete¹, PATRICIO DANTAGNAN², DANIELA HENRIQUEZ¹, NICOL PARRA¹

(1) UNIVERSIDAD CATOLICA DE TEMUCO, DEPARTAMENTO DE CIENCIAS VETERINARIAS Y SALUD PUBLICA, FACULTAD DE RECURSOS NATURALES, RUDECINDO ORTEGA 02950, TEMUCO, CHILE

(2) UNIVERSIDAD CATÓLICA DE TEMUCO, DEPARTAMENTO DE CIENCIAS AGROPECUARIAS Y ACUICOLAS, FACULTAD DE RECURSOS NATURALES, RUDECINDO ORTEGA 02950, TEMUCO, CHILE

El presente proyecto tuvo como finalidad evaluar la capacidad de producción de ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga (AGPI-CL), por parte de dos cepas nativas de levaduras oleaginosas: *Rhodotorula mucilaginosa* y *Solococcozyma aeria*. Estos lípidos son esenciales en la nutrición de organismos acuáticos, especialmente en peces y mariscos cultivados en acuicultura, donde actúan como reguladores del sistema inmune, del desarrollo neurológico y de la reproducción. Las levaduras estudiadas fueron seleccionadas por su potencial biotecnológico como fuentes sostenibles de lípidos de alto valor añadido, y se cultivaron bajo condiciones de estrés específicas diseñadas para inducir la lipogénesis: bajas temperaturas (entre 5 y 18 °C) y elevadas relaciones carbono/nitrógeno (R C/N). Durante la primera etapa del estudio, se evaluaron las condiciones de cultivo más favorables para cada cepa mediante un diseño experimental que permitió analizar el efecto individual y combinado de las variables de estrés sobre el crecimiento celular y la acumulación de lípidos totales y AGPI-CL. Una vez identificadas las condiciones óptimas, se llevó a cabo un análisis cinético del bioproceso a escala de laboratorio en un reactor de 2 L utilizando la estrategia de cultivo por lote alimentado. Se determinaron parámetros clave como la tasa máxima de crecimiento ($\mu_{\text{máx.}}$), la constante de saturación (K_s), los rendimientos respecto al sustrato ($Y_{X/S}$) y al producto ($Y_{X/P}$), la productividad volumétrica y la cantidad de AGPI acumulados por gramo de biomasa seca. Estos datos permitieron seleccionar la cepa con mejor comportamiento productivo bajo las condiciones ensayadas. Finalmente, se realizó un análisis transcriptómico del metabolismo lipídico, lo que permitió identificar perfiles diferenciales de expresión génica en rutas clave de biosíntesis de lípidos. Estos resultados fueron decisivos para identificar genes reguladores de la síntesis de EPA y DHA, sentando las bases para estrategias de ingeniería metabólica y optimización de cepas. Su aplicación en acuicultura representa una alternativa sostenible frente a fuentes tradicionales como los aceites de pescado.

Keywords: OLEAGINOUS YEAST, LIPIDS, FISH NUTRITION

Financing: FONDECYT INICIACION 112403313

Acknowledgments: LABORATORIO DE NUTRICION Y FISIOLOGIA DE LA UNIVERSIDAD CATÓLICA DE TEMUCO, AUSTRAL OMICS-VALDIVIA



“Inducción de anticuerpos murinos mediante la proteína recombinante SH del Virus Sincitial Respiratorio”

Eva María Medina Camacho¹, Abel Gutierrez Ortega², Jorge Gaona Bernal¹

(1) Universidad de Guadalajara, Centro de Investigación de Enfermedades Infecciosas, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Calle Sierra Mojada 950, 44340, Guadalajara, México

(2) CIATEJ (Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco), Unidad de Biotecnología Médica y Farmacéutica, Sede Guadalajara, A.C. Av. Normalistas 800. Colinas de la Normal. 44270 Guadalajara, Jalisco. México., Guadalajara, México

El Virus Sincitial Respiratorio (VSR) es el principal causante de infecciones del tracto respiratorio inferior en lactantes y adultos mayores. Su genoma codifica once proteínas, entre ellas la proteína SH (Small Hydrophobic), ubicada en la membrana viral. Aunque se ha implicado en funciones relacionadas con la patogénesis y evasión inmune, su función específica aún no ha sido claramente determinada. Actualmente no existen anticuerpos comerciales ni proteína recombinante disponible para su estudio, lo que limita el avance en la investigación de esta proteína.

El objetivo de este proyecto es generar anticuerpos específicos contra las variantes SH-A y SH-B del VSR humano, mediante su expresión recombinante y posterior inmunización en modelo murino. Para ello, se diseñaron y construyeron cuatro vectores de expresión utilizando los plásmidos pET-28a(+) y pET-32a(+), que incluyen etiquetas de purificación His-tag y tioredoxina. Las construcciones fueron clonadas en *E. coli* TOP10 y posteriormente transformadas en *E. coli* BL21(DE3) para la expresión proteica.

Se optimizaron las condiciones de expresión con IPTG, evaluando diferentes temperaturas y tiempos de inducción. La verificación de la expresión se realizó por SDS-PAGE, y se confirmó la presencia de la proteína recombinante mediante Western blot utilizando un anticuerpo anti-His. Finalmente, se purificó la proteína SH por cromatografía de afinidad. Estos resultados representan un avance significativo hacia la obtención de anticuerpos específicos contra una proteína viral poco caracterizada, aportando una herramienta clave para estudios futuros sobre la biología del VSR y posibles aplicaciones para inmunotécnicas, de diagnóstico o incluso tratamiento.

Keywords: proteína recombinante, Virus Sincitial Respiratorio, Anticuerpos, SH viroporina

Acknowledgments: Agradezco al CIATEJ (Centro de Investigación, Asistencia en Tecnología, Diseño de Jalisco) y a la Universidad de Guadalajara por su apoyo académico, técnico en el desarrollo del proyecto, también a todas las personas que contribuyen al desarrollo de esta investigación.



AUMENTO DEL TIEMPO DE DESHIDRATACIÓN RELATIVO EN HIDROGELES A BASE DE GOMA DE XANTAN UTILIZANDO TRICHODERMA HARZIANUM EN EL CULTIVO DE SOLANUM LYCOPERSICUM (TOMATE).

Yair Abraham Garcia Matamoros¹, Jorge Antonio Salinas², Rene Pablo Manzano³, Ricardo Munguia Perez⁴

(1) Benemertia Universidad Autonoma de Puebla, Centro de Investigación de Ciencias Microbiológicas, Avenida Central y andador de las albercas, Cd Universitaria, Cdad. Universitaria, 72592 Heroica Puebla de Zaragoza, Pue., Puebla, Puebla

(2) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Ciencias Biologicas, Avenida Central y andador de las albercas, Cd Universitaria, Cdad. Universitaria, 72592 Heroica Puebla de Zaragoza, Pue., Puebla, Puebla

(3) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Ciencias Biologicas, Avenida Central y andador de las albercas, Cd Universitaria, Cdad. Universitaria, 72592 Heroica Puebla de Zaragoza, Pue., Puebla, México

(4) Benemertia Universidad Autonoma de Puebla, Centro de Investigación de Ciencias Microbiológicas, IC-11. Av San Claudio esq 24 sur. Ciudad Universitaria., Col. San Manuel, CP 72570. ., Puebla, Mexico

El cambio climático intensifica la sequía, impactando la agricultura, incluso en sistemas controlados como invernaderos, lo que justifica la búsqueda de estrategias para optimizar el uso del agua y proteger los cultivos. Esta investigación evaluó un consorcio de hidrogel basado en goma xantana y *Trichoderma harzianum* para mejorar la retención hídrica y controlar infecciones fúngicas en el cultivo de *Solanum lycopersicum* (tomate) en sustrato de fibra de coco. La relevancia radica en su potencial para aumentar la eficiencia hídrica y la seguridad alimentaria frente a los desafíos climáticos, promoviendo una agricultura sostenible. Se incorporaron 5, 10 y 15 g de hidrogel deshidratado por kg de sustrato, y se aplicó una solución de conidios de *T. harzianum* (10^8 estándar McFarland). Se controlaron riegos a intervalos de 8, 24 y 48 horas durante 30 días, midiendo la humedad con un higrómetro en un invernadero con condiciones estandarizadas (temperatura y nutrición). El consorcio con 5 g de hidrogel por kg de sustrato mostró los mejores resultados, incrementando el tiempo de deshidratación en un 15% y eliminando casi totalmente las infecciones fúngicas, mientras que el hidrogel proporcionó la humedad necesaria para el desarrollo de *T. harzianum* en el sistema radicular. Estos hallazgos destacan la sinergia entre biopolímeros y microorganismos como una solución innovadora. En conclusión, esta estrategia no solo optimiza el uso del agua, sino que también protege los cultivos de patógenos, ofreciendo una herramienta prometedora para enfrentar los retos del cambio climático en la producción de alimentos.

Keywords: Biocontrol, Cambio climático, Hidrogel, *Trichoderma Harzianum*, Uso hídrico.

Financing: ICUAP

Acknowledgments: Dr. Ricardo Munguía Pérez



Baja proporción de *Neisseria gonorrhoeae* en orofaringe y ano-recto versus elevada frecuencia de *Neisseria meningitidis* en hombres que tienen sexo con hombres y transgéneros femeninas en un sitio PrEP, La Habana, Cuba

Rafael Llanes¹, Oderay Gutiérrez¹, Tatiana Almaguer¹, Yangel Rodríguez¹, Delmis Álvarez¹, Lino Ramírez², Maybelys Vinent², Vicky Cuylaerts³, Irith de Baetselier³

(1) Instituto de Medicina Tropical Pedro Kourí (IPK), Bacteriología-Micología, Autopista Novia Mediodía Km 6, e/ Ctra Central y Autopista Nacional, La Lisa, La Habana, Cuba

(2) Policlínico Antonio Guiterras, PrEP y Laboratorio Clínico, Avenida de Bélgica SN, La Habana Vieja, La Habana, Cuba

(3) Institute of Tropical Medicine of Antwerp, Clinical Sciences, Nationalestraat 155, B-2000, Antwerp, Antwerp, Belgium

Introducción: la prevalencia de infecciones de transmisión sexual (ITS) en poblaciones clave como los hombres que tienen sexo con hombres y transgéneros femeninas (HSHT) es elevada, en especial las producidas por *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae* (NG) y *Treponema pallidum*. **Objetivos y materiales:** como parte del estudio Prestivana, que investiga la prevalencia de diversos agentes de ITS por pruebas convencionales, moleculares y los mecanismos de resistencia antimicrobiana, en HSHT que acudieron a un sitio PrEP en La Habana, Cuba, entre enero de 2024 y mayo de 2025, se realizó el cultivo de NG de la orofaringe y región anorectal a 206 y 210 individuos, respectivamente. **Resultados:** se detectó una baja prevalencia de NG en la población de HSHT investigada (14 muestras positivas, 6 de orofaringe, 5 de anorecto, una de ambos sitios y una de exudado uretral), mediante cultivo, en cambio la frecuencia de infección por *Neisseria meningitidis* (NM) fue elevada (19 muestras positivas, una de faringe y una de anorecto). **Conclusiones:** la baja prevalencia de NG detectada en HSHT (6,67%, 14/210) coincide con otros estudios desarrollados en Cuba, recientemente. El hallazgo de una elevada proporción de meningococo (9%, 19/210), debe interpretarse con cuidado, pues la mayoría fue detectada de la faringe, sitio que puede estar colonizado por NM, sin embargo, se describe en HSHT una mayor frecuencia de casos y brotes de enfermedad meningocócica invasiva.

Keywords: *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, HSHT, Prevalencia, PrEP

Financing: DGD, Bélgica al proyecto FA5 (IMT)

Acknowledgments: MINSAP (Cuba) y al IMT de Bélgica por apoyo logístico



Nanopartículas de quitosano como sistema de liberación de ciprofloxacino contra *Escherichia coli* enterotoxigénica multirresistente

Mauro Donaldo Saucedo-Plascencia¹, Santiago José Guevara-Martínez², Gilberto Velazquez-Juarez³, Susan Andrea Gutierrez-Rubio¹, Teresa Arcelia Garcia-Cobian¹, Adalberto Zamudio-Ojeda⁴, Araceli Castillo-Romero⁵

(1) Universidad de Guadalajara, Departamento de Fisiología, Sierra Mojada 950, Col. Independencia, C.P. 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(2) Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingeniería, Departamento de Farmacobiología, Blvd. Gral. Marcelino García Barragán 1421, Olímpica, 44430, Guadalajara, Jalisco, México

(3) Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingeniería, Departamento de Química, Blvd. Gral. Marcelino García Barragán 1421, Olímpica, 44430, Guadalajara, Jalisco, México

(4) Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingeniería, Departamento de Física, Laboratorio de Investigación de síntesis de materiales, Blvd. Gral. Marcelino García Barragán 1421, Olímpica, 44430, Guadalajara, Jalisco, México

(5) Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Departamento de Microbiología y Patología, Centro de Investigación de Enfermedades Infectocontagiosas, Sierra Mojada 950, Col. Independencia, C.P. 44340, Guadalajara, Jalisco, México

Las enfermedades diarreicas son una de las principales causas de morbilidad mundial sobre todo en niños menores de 5 años que viven en países en vías de desarrollo. En los últimos años, los patotipos diarrogénicos de *Escherichia coli* (*E. coli*) han cobrado mayor relevancia debido a su incremento como agentes causales de estas enfermedades, incluida la diarrea del viajero, y su resistencia a antibacterianos. Alrededor del mundo, *E. coli* enterotoxigénica (ECET) se ha asociado con más de 200 millones de casos de diarrea, y en sitios de alta prevalencia, más del 20% de las cepas aisladas son resistentes a betalactámicos, macrólidos y fluoroquinolonas. Los sistemas de nanopartículas de quitosano (NPQ) han mostrado ser una estrategia prometedora contra bacterias Gram negativas resistentes, sin embargo, aún no han sido evaluadas contra ECET. En este estudio evaluamos la actividad antibacteriana de las NPQ, y NPQ cargadas con ciprofloxacino contra una cepa de ECET multirresistente. Nuestros resultados muestran que nuestra cepa de estudio es resistente a ampicilina, ceftazidima, ceftriaxona, cefotaxima, cefepime, aztreonam y ciprofloxacino. Dosis de 2 mg/mL, 4 mg/mL y 8 mg/mL de NPQ inhibieron de manera significativa el crecimiento de ECET, mostrando una reducción en el conteo de colonias del 75%, 85% y 100%, respectivamente. El cálculo de la concentración mínima inhibitoria (CMI) de ciprofloxacino fue de 40 µg/mL. Tras la exposición de ECET a NPQ cargadas con 21 µg/mL de ciprofloxacino se observó una mayor inhibición del crecimiento, con respecto a las terapias aisladas. Estos resultados sugieren que la combinación de ciprofloxacino con NPQ pudiera servir como una nueva alternativa terapéutica para combatir las infecciones por ECET multirresistente.

Keywords: Nanopartículas de quitosano, Ciprofloxacino, *E. coli* enterotoxigénica, Resistencia a antibióticos



Bioremediation-Valorization of Tequila Vinasses: Cultivation of *Komagataeibacter xylinus* for Nanocellulose Production and Simultaneous Contaminant Removal

Miguel Ángel Carrillo Hernández¹, Yolanda González-García¹, Juan Carlos Meza Contreras¹

(1) Universidad de Guadalajara, Departamento de Madera Celulosa y Papel, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Blvd. Marcelino García Barragán #1421, esq Calzada Olímpica, Guadalajara, México

Water pollution from industries such as textiles, paper, and tequila production poses a major environmental concern. In particular, tequila vinasse—a byproduct with high organic load, dark color, and phenolic compounds—contributes significantly to aquatic pollution. These phenolic compounds reduce light penetration, impairing photosynthesis in aquatic plants, and are toxic to various organisms. Given the large volume of vinasse generated by the tequila industry, sustainable treatment alternatives are essential.

This study explores a biotechnological approach combining bioremediation and valorization of vinasse through the cultivation of *Komagataeibacter xylinus* for bacterial nanocellulose (BNC) production, while simultaneously removing phenolic contaminants. Static batch fermentations were conducted under controlled laboratory conditions using five vinasse concentrations: 0% (Hestrin–Schramm medium as control), 25%, 50%, 75%, and 100% (v/v). Because undiluted vinasse contains approximately 10 g/L of fructose, diluted treatments were supplemented with analytical-grade fructose to standardize the carbon source across all conditions.

Fifteen sterile 50 mL glass flasks were used (five conditions in triplicate), each containing 25 mL of medium and inoculated with 100 μ L of a pre-activated *K. xylinus* culture. Incubation was carried out statically at 30 °C and pH 6.0 for 12 days. Samples were collected at time 0 and at the end of fermentation. Reducing sugars were quantified using the DNS method, while phenolic content was measured with the Folin–Ciocalteu assay.

At the end of the fermentation period, bacterial cellulose pellicles formed at the air–liquid interface were harvested, purified with 0.1 M NaOH at 80 °C for 2 hours, rinsed to neutral pH, and freeze-dried for 24 hours. Dry weight was recorded to evaluate BNC yield.

The highest cellulose production reached 1.6 g/L (dry weight), with 45% removal of phenolic compounds under 100% vinasse conditions. These results demonstrate the feasibility of using *K. xylinus* for simultaneous bioremediation and nanocellulose production, offering a sustainable solution for managing tequila industry wastewater.

Keywords: Vinasses, Bacterial Cellulose, Phenolics, Removal

Financing: Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (Secihti)

Acknowledgments: Universidad de Guadalajara y a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (Secihti)



Caracterización microbiológica de hongos en restos arqueológicos de dos cavidades subterráneas en La Aguada, Santander (Colombia)

Juan Sebastián López Caro^{1,4}, Ana María Rodríguez Bustos^{1,4}, Samuel Alexander Espinosa Téllez¹, Juanita Pico Reyes¹, Andrea Valentina De Castro Murrugarra¹, César Mauricio Andrade Ñustes¹, María Camila Peña Millán¹, Virginia Roa Angulo^{1,2,3}, Fernando Montejó Gaitán⁵

(1) Universidad El Bosque, Ciencias, Biología, Semillero de Investigación en Microbiología y Ciencias Biomédicas Esther Lederberg, Ak 9 #131a-2, Bogotá, Colombia

(2) Universidad El Bosque, Ciencias, Biología, Grupo de Investigación en Biología (GRIB), Ak 9 #131a-2, Bogotá, Colombia

(3) Universidad El Bosque, Instituto de Salud y Ambiente, Ak 9 #131a-2, Bogotá, Colombia

(4) Asociación Espeleológica Colombiana (ESPELEOCOL), Bogotá, Colombia

(5) Instituto Colombiano de Antropología e Historia (ICANH), Grupo Patrimonio, Calle 12 # 2-41, Bogotá, Colombia

Los restos arqueológicos localizados en cavidades subterráneas, como las encontradas en La Aguada (Santander, Colombia), constituyen una valiosa fuente de información sobre los rituales funerarios, cosmovisiones y prácticas culturales de comunidades indígenas como los Yariguíes. No obstante, la elevada humedad, la escasa ventilación y la ausencia de luz solar en estos entornos favorecen especialmente la colonización por hongos, organismos que han demostrado una notable capacidad de adaptación a condiciones extremas y una alta actividad biodeteriorante sobre materiales orgánicos e inorgánicos.

Este estudio representa el primer esfuerzo sistemático en Colombia orientado a la caracterización microbiológica de los restos arqueológicos presentes en cavidades subterráneas. Se realizó un muestreo por hisopado superficial en restos óseos humanos, fragmentos de cerámica y arte rupestre pertenecientes a la comunidad indígena Yariguíes en dos cavidades de La Aguada. Las muestras fueron cultivadas en medios como Agar Rosa de Bengala y Agar Patata Dextrosa, y se analizaron mediante técnicas macroscópicas, microscópicas y moleculares. Como resultado, se identificaron preliminarmente 3 filos, 5 clases, 6 órdenes, 7 familias y 7 géneros, con un potencial estimado de 10 especies o morfoespecies de hongos.

Los hallazgos obtenidos permiten comprender mejor el papel de los hongos asociados a contextos arqueológicos subterráneos, sino que también ofrecen una base científica sólida para el diseño de estrategias de conservación preventiva, mitigación del deterioro biológico y establecimiento de medidas de bioseguridad en futuras excavaciones o análisis de materiales en condiciones similares. Esta investigación sienta un precedente en el estudio interdisciplinario entre microbiología, arqueología y conservación patrimonial en Colombia.

Keywords: Arqueología, Colonización fúngica, Espeleología, Patrimonio



Financing: Esta investigación se realizó gracias al financiamiento del Grupo de Investigación en Biología, GRIB de la Universidad El Bosque, Bogotá-Colombia

Acknowledgments: Agradecemos a Carlos Lasso Alcalá (Instituto Humboldt) por su valiosa información, y a Gonzalo Valdivieso Bohórquez (ESPELEOCOL) por su apoyo en la elaboración de mapas y en la descripción geológica de las cavidades incluidas en este proyecto.



Caracterización de Metabolitos del Extracto de las Hojas de Encino y su Actividad Antibacteriana contra *Pseudomonas fluorescens*

Elsa Daniela Othon Diaz¹, Cristobal Joel González Pérez¹, Gustavo Adolfo González Aguilar¹, Karina Dalila García Orozco¹, Jhordan Ojeda González², Aldo Moreno Ulloa², Jesus Fernando Ayala Zavala¹

(1) Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C. (CIAD), Carretera Gustavo Enrique Astiazarán Rosas, N° 46, 83304, Hermosillo, México

(2) Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California (CICESE), Departamento de Innovación Biomédica, Laboratorio MS2, Zona Playitas No. 3918, 22860, Ensenada, México

Introducción: *Pseudomonas fluorescens* deteriora alimentos refrigerados mediante lipasas termorresistentes y biopelículas que protegen estas enzimas frente a desinfectantes, regulándose por quorum sensing (QS). El encino es considerado una fuente de diversas clases de metabolitos, los cuales podrían inhibir la formación de biopelículas y la actividad lipolítica de *P. fluorescens*, ofreciendo una alternativa natural al problema del deterioro alimentario. **Objetivo:** Identificar las clases químicas de metabolitos presentes en el extracto de encino, analizar sus interacciones con el receptor del QS PcoR y la lipasa LipB in silico y evaluar su capacidad antibacteriana contra *P. fluorescens*. **Métodos:** El extracto se caracterizó por LC-MS y se analizaron sus clases químicas con GNPS y SIRIUS. Se realizaron anclajes moleculares entre los compuestos de interés y las proteínas PcoR (UniProt Q6ITT9) y LipB (UniProt P41773) de *P. fluorescens* mediante Chimera/AutoDock Vina y Discovery Studio. Además, se determinaron las concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) y bactericidas (CMB) del extracto y sus fenoles mayoritarios frente a *P. fluorescens*. **Resultados:** Se identificaron 25 clases químicas de metabolitos, destacando los lípidos prenoles (21.1%), acilos grasos (16.1%), bencenos (6.01%) y flavonoides (4.26%). Subredes moleculares destacaron al ácido p-cumárico, vanílico y quercetina como metabolitos de interés. Estos compuestos presentaron energías de afinidad mayores que los ligandos naturales de PcoR y LipB, interaccionando con aminoácidos del sitio activo de ambas proteínas. La CMI y CMB del extracto fue de 5 y 22 mg/mL, mientras que del ácido p-cumárico fue de 1.25 y 10 mg/mL, del ácido vanílico fue de 1.25 y >10 mg/mL y de la quercetina no se encontró la CMI y CMB en el rango explorado (>1 mg/mL). **Conclusión:** El encino presentó una rica composición de metabolitos, destacando al grupo fenólico del cual se ha reportado su gran capacidad antimicrobiana. Su afinidad por PcoR y LipB les confiere alto potencial para inhibir biopelículas y lipasas de *P. fluorescens*. **Impacto:** Se revela el potencial del encino para desarrollar desinfectantes naturales que prevengan el deterioro alimentario por *P. fluorescens*.

Keywords: Encino, Quorum sensing, Lipasas, Rancidez

Acknowledgments: Se agradece a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada para los estudios de doctorado de Elsa Daniela Othon Diaz.



Synthetic microbial communities and their metabolic potential against phytopathogenic fungi

J. Andrés Tinajero-Arteaga¹, Laila P. Partida-Martínez¹, Luis Ruiz-Ríos¹, J. Francisco Cabrera-Rangel¹

(1) Center for Research and Advanced Studies of the National Polytechnic Institute (CINVESTAV), Genetic Engineering, Irapuato Unit, Irapuato, Guanajuato, México

Phytopathogens in the Agave tequilana phyllosphere are associated with clonal uniformity, abiotic stress, and reduced taxonomic and functional diversity in the leaf microbiome. Adopting an ecological approach, we used previously designed and tested synthetic communities (SynComs) from co-occurrence networks generated using 16S rRNA (V4) and ITS2 metabarcoding in *A. tequilana* and *A. salmiana*. We evaluated 12 strains from these Agave-phylospheric SynComs in dual-culture assays against the opportunistic fungal phytopathogen *Kellermania agaves* (*K. agaves*), with three biological replicates, quantifying radial growth inhibition (%). The yeast *Aureobasidium* sp. AT3.8 was selected since it induced the greatest inhibition.

To explain this phenotype, we prioritized biosynthetic gene clusters (BGCs) by integrating in vitro evidence with genomic predictions. We performed comparative genomic mining across the genus *Aureobasidium* to identify and compare BGCs. Candidates were ranked using four criteria: homology with described antifungal pathways; concordance with strain taxonomy; similarity to antifungal BGCs in closely related taxa; and biochemical compatibility of predicted products.

This reproducible workflow reduces the search space to a justifiable set of candidate BGCs. We report BGC-phenotype associations as putative, as these hypotheses require metabolite identification and genetic validation. This approach guides the experimental confirmation of SynCom-based biocontrol of Agave phytopathogens, such as *K. agaves*.

Keywords: Phyllosphere, SynComs, Biocontrol, BGCs, Phytopathogen

Financing: Support was received from SECIHTI Grant CBF2023-2024-2642; National Scholarship 2024-2 – CVU 750086, Support No. 4038777, Program 000197.

Acknowledgments: Thanks to Dr. rer. nat. Laila P. Partida Martínez, the Microbial Interactions Laboratory, CINVESTAV, and SECIHTI.



“Evaluación de la contaminación microbiológica de las Líneas de Agua de las Unidades Dentales en la zona norte de la provincia de Santiago, Región Metropolitana, Chile”

Patricia Palma-Fluxá¹, Daniel Machuca-Saavedra¹, Matías Pinchetti-Veas¹, Isidora Taucán-Alarcón¹

(1) Universidad de Chile, Patología y Medicina Oral, Facultad de Odontología, Olivos 943, Santiago, Chile

Las líneas de agua de las unidades dentales (LAUD) son esenciales para el funcionamiento clínico en procedimientos odontológicos. Sin embargo, debido a su diámetro estrecho, bajo flujo de agua, posibilidad de estancamiento y falla en las válvulas anti-retracción del instrumental rotatorio, constituyen potenciales reservorios de microorganismos que forman biopelículas pudiendo albergar patógenos como *Pseudomonas aeruginosa*. Esto representa un riesgo de transmisión durante la atención odontológica. Se ha reportado que los niveles de contaminación superan los límites recomendados por organizaciones internacionales, que sugieren un máximo de 500 UFC (unidades formadoras de colonias)/mL en el agua.

Objetivo: Evaluar la presencia de contaminación microbiana heterótrofa en las LAUD de una clínica del sector norte de Santiago.

Metodología: Se recolectaron muestras de spray de agua provenientes de la jeringa triple de 140 unidades dentales ubicadas en el sector norte de Santiago. Para la evaluación cualitativa, se expusieron placas de agar nutritivo al spray emitido durante un pulso, incubándose posteriormente en aerobiosis a 37°C por 36-48h. El crecimiento bacteriano obtenido se clasificó en tres categorías según el número de colonias observadas: (i) escaso (0-30), (ii) regular (31-300) y (iii) abundante (>300). Adicionalmente, para el análisis cuantitativo, se recolectó 50 mL de agua de la jeringa triple en un tubo centrífuga estéril utilizando punta estéril. La muestra fue transportada al laboratorio a 4°C. Se sembró 100 µL en medio de cultivo y luego de 48h de incubación, se realizó el recuento de colonias para determinar la carga bacteriana (UFC/mL).

Resultados: Fueron evaluadas 130/140 unidades dentales. Todas las LAUD evidenciaron algún nivel de contaminación con presencia de bacterias heterótrofas Gram positivo y negativo. Un 87,7% de las LAUD presentó abundante contaminación, 6,92% moderada y 5,38% escasa. Los datos obtenidos, debido a su distribución no normal, se analizaron mediante test no paramétricos evidenciando en los recuentos una mediana de 0,43x10⁴ UFC/mL de agua.

Conclusión: Existen altos niveles de contaminación microbiana en las LAUD, los cuales pueden suponer un riesgo para la salud de pacientes y personal de salud asociado. Se sugiere desarrollar más investigaciones que caractericen muestras y puedan orientar a la implementación de protocolos de desinfección de los reservorios.

Keywords: Microbial contamination, dental unit waterlines, biofilm



Evaluación de Fertilizantes Agrícolas como medios alternativos para *Chlorella* sp.

Sandra Rodríguez¹, Ximena Rodríguez¹, Julio Vega¹

(1) Universidad Popular del Cesar, Cesar, Facultad de Ciencias Básicas y Facultad de Ingenierías y Tecnologías, Diagonal 21 #29-56 sabanas, Valledupar, Colombia

Antecedentes: La producción de microalgas como *Chlorella vulgaris* ha atraído en los últimos años la atención, por tratarse de una fuente potencial de lípidos, biomasa y proteína unicelular. Sin embargo, la producción de este microorganismo se ve limitada frecuentemente por los altos costos que implica, sobre todo por el costo elevado de los medios de cultivo empleados. **Objetivo:** Se evaluaron 5 fertilizantes agrícolas como medio de cultivo alternativo para *Chlorella* sp. **Métodos:** Se identificó molecularmente a *Chlorella* sp, los fertilizantes fueron Nutrimon tripe 15 (T1), Triple hoja (T2), Solufoliar (T3), Nutrifoliar (t4) y Ziper 5 (T5); 5 tratamientos con tres repeticiones y el control con el medio Bold Basal, siendo un diseño de bloques completamente al azar; estos cultivos se mantuvieron con fotoperiodos 12:12 (12h luz y 12h oscuridad); una intensidad de luz 3700 lux, temperatura de 25+/-2°C y aireación constante; monitoreando turbidez a 530 nm densidad celular y biomasa por peso seco; se determinó la producción de pigmentos (clorofila a y carotenoides), proteínas, lípidos y carbohidratos; se realizó un anova de un factor comparando media por la prueba de Scheffe a nivel de significancia 0.05, utilizando el software Statgraphics®. **Resultados:** se identificó a *Chlorella vulgaris* con Chlorellaceae brunthaler código genbank: MF070534 1600pb; el tratamiento T1 obtuvo en el intervalo del día 9 al 12 una densidad celular de $2,89 \times 10^{11}$ cel/mL-1, clorofila a y carotenoides de 2,14 µg/mL y 0,63 µg/mL respectivamente en el día 6; al comparar con control observamos lo siguiente $3,23 \times 10^{11}$ cel/mL-1, 2,33 µg/mL y 0,68 µg/mL $p < 0,05$ no hay diferencia significativa, para proteínas, lípidos y carbohidratos fue de 0,59mg. mL, 0,021 µg/mL y 0,54g respectivamente comparado con el control $p < 0,05$ no hay diferencia significativa. **Conclusión:** Se concluye que el medio de cultivo a base de Nutrimon tripe 15 (T1) es una alternativa para la producción de *Chlorella vulgaris* para la obtención de productos de valor agregado.

Keywords: microalgas, medio de cultivo, fertilizante.

Financing: Grupo de Investigación en Biotecnología, Ingeniería y Salud Adscrito a la Universidad popular del Cesar

Acknowledgments: Agradecemos al Programa de Microbiología e Ingeniería Ambiental por el apoyo para el desarrollo de este proyecto. Asimismo a la Universidad Popular del Cesar.



Caracterización genómica de aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a Ceftazidime/avibactam: reporte de la circulación de blaKPC-71 en el continente americano.

Rafael Leal^{1,2}, Deisy Abril¹, Oscar Martínez³, Mildred Torres³, Paola Solorzano^{1,3}, Carolina Perdomo³, Aura Lucía Leal^{3,4}, Javier Escobar Pérez¹

(1) Universidad el Bosque, Bacterial Molecular Genetics Laboratory, Ciencias, Av. Cra. 9 No. 131A - 02, Bogotá DC, Colombia

(2) Universidad Nacional de Colombia, Programa Interfacultades, Maestría en ciencias-microbiología, Ciencias, Carrera45#26-85, Bogotá DC, Colombia

(3) Fundación Santa Fe de Bogotá, Departamento de Patología y Laboratorios, Calle119#7-80, Bogotá DC, Colombia

(4) Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Medicina y Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Carrera45#26-85, Bogotá D.C, Colombia

Ceftazidime/avibactam (CZA) es una de las últimas opciones terapéuticas contra los aislamientos que albergan serin-carbapenemasas. Aunque Colombia aprobó su comercialización en 2018, en Bogotá la resistencia a CZA en 2023 fue de 39,8%; por lo cual el objetivo de este estudio fue caracterizar los mecanismos de resistencia a CZA en aislamientos de enterobacteriales y *P. aeruginosa* mediante herramientas de secuenciación de tercera generación. Se incluyeron 77 aislamientos, los cuales fueron identificados en el periodo de 2021 a 2023 en una institución de salud de tercer nivel de complejidad de Bogotá, Colombia. La resistencia a CZA se confirmó mediante de E-test, la detección de metalo- β -lactamasas por medio de sinergia con EDTA y la caracterización de genes de las principales carbapenemasas (KPC, GES, VIM, NDM e IMP) mediante PCR. El genoma de tres aislamientos representativos de *Pseudomonas aeruginosa*, fueron secuenciados en MinION (Oxford Nanopore®), los marcos abiertos de lectura fueron anotados con Prokka 1.14.6, los genes de resistencia mediante ResFinder y los elementos genéticos móviles en PlasmidFinder e ISFinder. Entre los hallazgos más destacados se encuentra la detección de blaKPC-71, por primera vez en América, movilizado en un NTEKPC-IIIg en el aislamiento 37Pae19. Adicionalmente, se identificaron en los tres aislamientos mutaciones en nalC (G34D, G71E, E153Q, S209R) y mexR (V126E), reguladores transcripcionales negativos de la bomba de eflujo mexAB-oprM. Nuestros hallazgos sugieren que la resistencia a CZA en *P. aeruginosa* puede estar mediada por una combinación de mecanismos intrínsecos y adquiridos, resaltando la importancia a la vigilancia genómica para identificar y promover medidas de control de su diseminación.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, ceftazidime/avibactam, resistencia antimicrobiana, β -lactamasas



Influence of Cell Viability on the Biosorption of Congo Red Dye by *Bacillus subtilis* and *Pseudomonas aeruginosa*

Caio Eduardo Trevizan¹, Renato Montagnolli¹

(1) Universidade Federal de São Carlos, Departamento de Ciências da Natureza, Matemática e Educação, Centro de Ciências Agrárias, Rodovia Anhanguera, km 174 - SP-330, Araras, Brazil

The use of synthetic dyes and their improper disposal by the textile industry pose a significant threat not only to aquatic ecosystems but also to human health, as these compounds are resistant to both biotic and abiotic factors. Biosorption has emerged as a promising strategy for the removal of synthetic dyes, particularly due to its efficiency and low operational cost using microorganisms as adsorbing agents. In this context, the present study aimed to evaluate the influence of cell viability on the biosorption of the azo dye Congo Red by *Pseudomonas aeruginosa* and *Bacillus subtilis*. The isolates were separately cultured in Tryptic Soy Broth (TSB) until reaching an absorbance of 0.9 (OD_{600}), approximately 10^7 CFU/mL, centrifuged, and resuspended in fresh TSB medium containing 100 mg/L of Congo Red. Cultures were incubated at 30 °C and 120 rpm. After 24 hours, samples were centrifuged and the pellets washed with distilled water containing Tween 80 at 1 mL/L. The absorbance values of the supernatant and the wash solution, both measured at 495 nm, indicated whether dye removal occurred via biosorption or transformation. *B. subtilis* showed the highest biosorption efficiency (28.68%), followed by the bacterial consortium (24.57%) and *P. aeruginosa* (9.81%). For the viability comparison assay, the strains were grown in TSB to $OD_{600} = 1.5$. Viable cell suspensions were kept at 4 °C, while the non-viable groups were autoclaved for 20 minutes at 121 °C. Viable cells of *P. aeruginosa* removed approximately 80.3% of the dye, while *B. subtilis* achieved 94.5% removal. The viable consortium reached around 74.6%. In contrast, non-viable cells showed lower removal rates: *P. aeruginosa* (~37.6%), *B. subtilis* (~49.2%), and the consortium (~48%), indicating that although passive biosorption occurs, cell viability significantly enhances dye removal. These results suggest that in addition to metabolic activity, structural components of the bacterial cell wall also play a relevant role in the biosorption process.

Keywords: azo dyes, bacterial cell wall, bioremediation, microbial decolorization

Financing: Diretoria do Centro de Ciências Agrárias da UFSCar, campus Araras

Acknowledgments: UFSCar, CCA, and Laboratório de Microbiologia Agrícola e Molecular (LAMAM)



Evaluación in vitro de la eficacia y el impacto en la expresión génica de blaADC, blaOXA-51, CarO, AdeB y Omp33-36 de combinaciones de meropenem, sulbactam y colistina contra A. baumannii multirresistente.

Jose Moreno^{1,3}, Armando Durant A.¹, Jordi Querol-Audi²

(1) UTP, Biociencias y Biotecnología, Ciencias y Tecnología, Ave. Ricardo J. Alfaro, edificio 3, Panamá, Panamá

(2) Universidad de Panamá, Bioquímica clínica y Nutricional, Medicina, Panamá, Bella Vista, Panamá, Panama City, Panamá

(3) Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Laboratorio Central de Referencia en Salud Pública, Avenida Justo Arosemena, entre calle 33 y 35, Panamá, Panamá

La creciente resistencia a antibióticos, especialmente en *A. baumannii*, representa una grave amenaza para la salud pública global, limitando las opciones terapéuticas para infecciones nosocomiales. Los carbapenémicos, una clase crucial de antibióticos se ven frecuentemente comprometidos por la expresión de genes de resistencia como blaADC y blaOXA-51 en *A. baumannii*. En este estudio, investigamos in vitro como la combinación de colistina, meropenem y sulbactam reducen la expresión de blaADC, blaOXA-51, CarO, Omp33-36 y AdeB en cepas clínicas de *A. baumannii* aisladas de procesos infecciosos. Utilizando ensayos de susceptibilidad, checkboard, PCR, curvas de muerte y análisis de expresión génica por qPCR para evaluar el impacto de las combinaciones de antibióticos en la susceptibilidad, supervivencia y expresión génica. El estudio analizó la eficacia in vitro de combinaciones antibióticas contra cepas multirresistentes (MDR) de *Acinetobacter baumannii*, obtenidas de infecciones humanas graves. Se enfocó en dos aspectos clave: el impacto de estas combinaciones en el crecimiento bacteriano y en la expresión génica vinculada a la resistencia. Las cepas evaluadas mostraron perfiles similares de resistencia, con sensibilidad apenas a 3 de 11 antibióticos estándar y alta resistencia a beta-lactámicos y sus inhibidores.

Tigeciclina fue descartada por su pobre farmacocinética y baja eficacia sinérgica. Meropenem, aunque con alta resistencia, mostró potencial cuando se combinó con sulbactam o colistina. Esta última, a pesar de su efectividad, presenta serios efectos nefrotóxicos, limitando su uso individual. Sin embargo, la combinación sulbactam-colistina demostró una sinergia potente, incluso cuando otras pruebas no lo detectaron inicialmente.

Un hallazgo crucial fue la modulación genética: estas combinaciones redujeron significativamente la expresión de genes de resistencia como blaADC, blaOXA-51like y AdeB, implicados en la evasión antibiótica. Además, se observó que combinaciones como sulbactam-colistina o colistina-meropenem afectaron proteínas de membrana importantes, aumentando temporalmente la sensibilidad bacteriana.

En suma, la evidencia indica que combinaciones específicas pueden no solo potenciar el efecto bactericida, sino también alterar la regulación génica de resistencia, marcando



un avance prometedor en el tratamiento de infecciones por *A. baumannii* MDR. La sinergia entre sulbactam y colistina, en particular, surge como una estrategia terapéutica eficaz y menos tóxica

Keywords: Acinetobacter, qPCR, gene expression, antibiotic resistant, kill curve assay

Financing: Programa de Doctorado en Biociencias y Biotecnología, Universidad Tecnológica de Panamá

Acknowledgments: Dr Durant PhD Tutor Dr Jordi Querol Asesor



Utilización de Agentes Poliméricos para la Inmovilización de Microorganismos potencialmente degradadores de Cr(VI)

Jorge Cuellar¹, Nelsy Loango-Chamorro², Fabiana María Lora-Suarez², Edwin David Morales-Álvarez^{3,4}

(1) Universidad Autónoma de Manizales, Ciencias Básicas Biológicas, Ciencias Básicas Biológicas, Antigua Estación del Ferrocarril, Manizales-Caldas, Colombia

(2) Universidad del Quindío, Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y tecnologías, Cra. 15 # 12N, Armenia-Quindío, Colombia

(3) Universidad de Caldas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Calle 65 No 26-10, Manizales-Caldas, Colombia

(4) Centro de Bioinformática y Biología Computacional de Colombia - BIOS., Ecoparque los Yarumos, Manizales-Caldas, Colombia

La contaminación por metales pesados en aguas residuales es un problema ambiental prioritario, especialmente por la presencia de cromo hexavalente [Cr(VI)], altamente tóxico, carcinogénico y persistente en el ambiente. En este estudio, se evaluó la encapsulación de dos bacterias con potencial biorremediador, *Bacillus subtilis* y *Enterobacter hormaechei*, utilizando matrices poliméricas compuestas por alginato de sodio (ALG-Na) y alcohol polivinílico (APV), con el objetivo de desarrollar una estrategia efectiva y sostenible para la inmovilización microbiana y posterior aplicación en biorremediación de aguas contaminadas.

Las bioperlas se elaboraron mediante la técnica de extrusión y gelificación iónica con cloruro de calcio, obteniéndose estructuras esféricas de 1,9 a 2 mm de diámetro. Su estabilidad se monitoreó durante 43 días, evidenciando resistencia estructural en condiciones simuladas. Se realizó un marcaje diferencial con fluoróforos (Rodamina B para *B. subtilis* y DAPI para *E. hormaechei*) y posterior análisis por microscopía de fluorescencia, donde se confirmó la distribución homogénea de ambas bacterias en el interior de las bioperlas, desde el centro hasta los bordes.

El análisis por microscopía electrónica de barrido (SEM) permitió observar la porosidad de las perlas, con diámetros de poro entre 0,15 y 12 μm , facilitando la transferencia de masa y el contacto con el contaminante. Además, se realizó una prueba de sinergismo modificada de Kirby-Bauer, evidenciando una relación bacteriostática sin efectos antagonistas, lo que valida la co-inmovilización de ambos microorganismos. En bioperlas con encapsulación individual se observó formación de biopelículas, mientras que en encapsulación conjunta, la ausencia de biopelículas sugiere equilibrio microbiano.

Este trabajo demuestra que la inmovilización mediante ALG-Na y APV es una técnica eficiente, económica y replicable para la encapsulación de microorganismos con capacidad reductora de Cr(VI). La combinación de herramientas microbiológicas, fluorescentes y de análisis estructural permitió validar una estrategia prometedora para su aplicación futura en sistemas de tratamiento de aguas contaminadas con el metal.



Keywords: Cromo, Encapsulación, Bacterias, Microscopía, Biorremediación

Financing: Apoyo financiación al doctorado en Ciencias de la Universidad del Quindío (Colombia), por parte de la Universidad Autónoma de Manizales – Caldas (Colombia)

Acknowledgments: Se agradece a los grupos de investigación BIMSA, GICBE, GECAVYME y QTB, a las doctoras Soto y Landazury por su valioso apoyo en el aislamiento microbiano y a los estudiantes Revelo y Valencia por el apoyo experimental de esta investigación.



Evaluación microbiológica de remedios herbolarios comercializados en Culiacán, Sinaloa, México.

Maria Guadalupe Zamudio Sainz¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnostico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Av. de las Américas y Josefa Ortiz, CU, Culiacán, México

Los remedios herbolarios (RH) son elaborados a partir de plantas, hierbas o extractos y usados para tratar enfermedades. No obstante, la calidad requiere ser evaluada. El objetivo del estudio fue la evaluación microbiológica, etiquetado y perfil de consumo de los remedios herbolarios comercializados en Sinaloa, México. Brevemente, se recolectaron 20 muestras de RH: tópicos ($n = 5$), jarabes ($n = 5$), colirios ($n = 5$) y té ($n = 5$). La cuantificación de *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* y mesófilos aerobios se realizó según la Farmacopea de los Estados Unidos Mexicanos. Adicionalmente, se cotejó el cumplimiento del etiquetado del RH con la norma oficial mexicana "NOM-072-SSA1-2012". Para determinar el perfil del consumidor, se elaboró una encuesta sobre datos sociodemográficos y preferencias del consumidor. De las 20 muestras analizadas, los mesófilos aerobios, *S. aureus* y *E. coli* estuvieron presentes en el 100 %, 20 % y 20 % de las muestras, respectivamente. Los niveles de contaminación de *S. aureus* (3.8 – 6.4 Log UFC/mL o g) se asociaron significativamente con la categoría de RH ($p \leq 0.05$), siendo el té el más contaminado. Mientras que, la concentración de *E. coli* (3.4 – 6.4 Log UFC/mL o g) y de mesófilos aerobios (3.9 – 7.3 Log UFC/mL o g) fueron descartados ($p > 0.05$). En cuanto al etiquetado, solo el 10 % (2/20) de los RH cumplieron con todas las especificaciones, las cuales correspondían a las muestras de jarabes. El resto de las muestras incumplió en al menos un criterio, siendo el no. lote (75 %) y la leyenda "Remedio herbolario" (75 %) las especificaciones incumplidas. La población consumidora ($n = 125$) ha utilizado mayoritariamente los RH para el tratamiento de enfermedades (54.4%) mediante el consumo de té (74.4 %) teniendo conocimiento nulo o bajo sobre uso (43.6 %). Estos resultados advierten sobre la insalubridad e incumplimiento de etiquetado de RH, y el desconocimiento del consumidor, lo cual representa un riesgo potencial para la salud pública y la necesidad de un monitoreo más riguroso en la fabricación y venta de estos productos.

Keywords: Contaminación, Fitoterapia, Inocuidad, Seguridad

Financing: No se obtuvo financiación para este estudio.



A Versatile Microbial Chassis for the Bioproduction of new Precursors to Bioplastics

Amanda Santos¹, Eric Andre Velasco Yepez², Raoní Kempfer Pantoja¹, Matheus Marques Torres¹, José Gregório Cabrera Gomez¹, Igor Cesarino², Luiziana Ferreira da Silva¹

(1) Laboratory of Bioproducts/Institute of Biomedical Sciences/University of São Paulo, 05508-000, São Paulo, Brazil.

(2) LigninLab/Biosciences Institute/University of São Paulo, 05508-090, São Paulo, Brazil

The development of sustainable microbial platforms for the biosynthesis of high-value phenolic compounds represents a promising alternative to petrochemical routes for the production of monomers used in bioplastics. *Burkholderia sacchari* has emerged as a novel microbial chassis due to its metabolic versatility and ability to utilize diverse carbon sources for the synthesis of biodegradable polymers. In this study, we applied synthetic biology and metabolic pathway engineering to redesign *B. sacchari* routes for the biosynthesis of 2-pyrone-4,6-dicarboxylic acid (PDC), a key intermediate in the production of polymers, with a structure similar to terephthalic acid (TPA), with the advantage of being biodegradable. To support rational metabolic engineering, we conducted a comparative genomic analysis to identify the presence of protocatechuate (PCA) cleavage pathways—namely, 3,4-ortho, 4,5-meta, and 2,3-meta cleavage routes—given PCA's central role in PDC biosynthesis. Our analysis revealed the presence of the complete 3,4-cleavage and partial 4,5-cleavage pathways in *B. sacchari*. Since the 3,4 pathway diverts PCA towards β -ketoadipate production, its activity may contribute to reducing the flux toward PDC. To enhance PDC yields, we aimed to knock out the 3,4-cleavage pathway to prevent PCA degradation into undesired byproducts. For this, a suicide plasmid was constructed to delete key genes in the ortho pathway, increasing intracellular PCA availability. Additionally, we designed an expression plasmid to complement the incomplete 4,5-cleavage pathway by heterologous expression of the *pmdC* gene, reported as more efficient route for PDC biosynthesis. Preliminary results confirm the successful construction of the deletion plasmid, as well as the effective deletion of the β -ketoadipate-producing 2,3 pathway, paving the way for enhanced microbial production of PDC. The impact of deletion and heterologous expression on PDC biosynthesis is currently in progress.

Keywords: *Burkholderia sacchari*, metabolic engineering, protocatechuate (PCA), 2-pyrone-4, 6-dicarboxylic acid

Financing: CAPES Foundation.

Acknowledgments: Authors acknowledge CAPES Foundation. CNPq productivity fellowships 302821/2022-8 to LFS, 308714/2019-9 and 311932/2022-3 to JGCG are also acknowledged.



Evaluación del potencial biorremediador de *Pseudomonas* spp. en suelos agrícolas contaminados por zinc

Enrique Eduardo Franco Puente^{1,2}, Juan Carlos Ramos Gorbeña^{1,2}

(1) Universidad Ricardo Palma, Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

(2) Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma, Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

La toxicidad del zinc en suelos agrícolas, salud animal, humana y ambiental es un problema creciente debido a su acumulación e inadecuada gestión. En suelos, puede afectar la fertilidad; en animales y humanos, genera efectos adversos, mientras que en el medio ambiente, contamina ecosistemas acuáticos y terrestres. El estudio tuvo como finalidad evaluar el potencial biorremediador de *Pseudomonas* spp. en suelos agrícolas impactados por la contaminación minera, enfocándose en la tolerancia al metal pesado zinc, como potencial agente de biorremediación. Se recolectaron 10 muestras de suelo en distintos puntos de la zona de estudio, a partir de las cuales se aislaron e identificaron 144 cepas de *Pseudomonas* spp. Se identificaron usando agar King B y el agar selectivo Cromogénico para *Pseudomonas* spp. Se preparó el cloruro de zinc en diferentes concentraciones 1600 mg/mL, 800 mg/mL, 400mg/mL, 200mg/mL, 100 mg/mL y se añadió 1.5 mL de solución de zinc a 15 mL de medio de recuento en placa de agar plate count, después de realizar la homogeneización. La evaluación de la tolerancia metabólica frente al zinc reveló que, si bien este metal presentó una toxicidad moderada en 1600 mg/mL, 800 mg/mL y 400mg/mL, varias cepas demostraron una resistencia significativa en 200mg/mL y 100mg/mL, evidenciando su adaptabilidad a condiciones de contaminación por este metal. En conclusión, se destaca el potencial de *Pseudomonas* spp. aisladas como candidatas a estrategias de biorremediación en suelos impactados por zinc.

Keywords: Biorremediación, *Pseudomonas* spp., Zinc, Tolerancia, Contaminación

Financing: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)

Acknowledgments: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP) Universidad Ricardo Palma



Asociación entre la variabilidad de *Helicobacter pylori*, factores geográficos y ancestría genética con el riesgo de cáncer gástrico en la región de Nariño, Colombia

Lizeth Vanessa Pabón Figueroa^{1,2}, Arsenio Hidalgo^{2,4}, Alvaro Jairo Pazos Moncayo^{2,3}, Kevin Guzman²

(1) Servicio Nacional de Aprendizaje – SENA, Tecnoacademia Fija de Túquerres, Centro Sur Colombiano de Logística Internacional, Túquerres, Colombia

(2) Universidad de Nariño, Centro de Estudios en Salud – CESUN, Grupo Salud Pública, Pasto, Colombia

(3) Universidad de Nariño, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Pasto, Colombia

(4) Universidad de Nariño, Departamento de Matemáticas y estadística, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Pasto, Colombia

Introducción. *Helicobacter pylori* infecta aproximadamente al 50% de la población mundial y se asocia con el desarrollo de cáncer gástrico. Sin embargo, solo entre el 1% y el 3% de los individuos infectados desarrollan esta enfermedad. En Colombia, la incidencia de cáncer gástrico es significativamente mayor en la región Andina (150 casos por cada 100,000 habitantes) en comparación con la costa Pacífica (6 por cada 100,000), a pesar de presentar tasas de infección similares (90%).

Metodología. Se recopilaron datos sobre mortalidad, población y altitud en el departamento de Nariño a partir de fuentes oficiales como Departamento Administrativo Nacional de Estadística e Instituto Departamental de Salud de Nariño. En el análisis se incluyeron los perfiles de ancestría humana en ambas regiones. Se elaboraron mapas de tasas de mortalidad y análisis filogenómicos de los genomas de *Helicobacter pylori* alineados con la cepa de referencia J99. Los árboles filogenéticos se construyeron en MEGA XI y se visualizaron con FigTree. Se hicieron correlaciones de Spearman entre mortalidad y altitud utilizando R 3.3.1.

Resultados. Entre 2011 y 2020, las tasas de mortalidad acumuladas por cáncer gástrico en Nariño mostraron una variación significativa entre los municipios. Las tasas más altas se observaron en la región Andina (La Cruz: 44.8; Iles: 41.5; Belén: 40.8 por cada 100,000 habitantes), mientras que las más bajas se registraron en la costa Pacífica (Mosquera: 0.8; Magüí Payán: 0.4; La Tola: 1.3 por cada 100,000 habitantes). La mortalidad se correlacionó significativamente con la altitud ($p < 0.05$). En la región Andina, la alta mortalidad se asoció con ancestría amerindia-europea y cepas recientes de *Helicobacter pylori* (hspColombia_Andes). En contraste, la costa Pacífica, con predominio de ancestría africana y cepas hspColombia_PacificCoast, mostró una mortalidad significativamente menor.

Conclusión. Las diferencias en la mortalidad por cáncer gástrico entre la región Andina y la costa Pacífica de Nariño están asociadas con factores geográficos, genéticos y bacterianos. Los municipios de alta altitud, con ancestría amerindia-europea,



presentan cepas de *Helicobacter pylori* (hspColombia_Andes) vinculadas a un mayor riesgo, mientras que la costa Pacífica, con ancestría africana y cepas hspColombia_PacificCoast, muestra una mortalidad considerablemente menor.

Keywords: *Helicobacter pylori*, Cáncer gástrico, Ancestría, Altitud, Epidemiología genómica



Análisis genotípico de toxinas y de resistencia antimicrobiana en cepas de *Clostridioides difficile* mediante técnicas moleculares y bioinformáticas

Fatima Mendoza Torres¹, Arely Velazquez Silva¹, Claudia Fabiola Martinez de la Peña¹

(1) Benemerita Universidad Autonoma de Puebla, Centro de investigaciones en Ciencias microbianas, Medicina, Av San Claudio s/n, Cd Universitaria, La Hacienda, 72592., Puebla, Mexico

Clostridioides difficile es una bacteria anaerobia esporulada asociada a infecciones nosocomiales severas, cuya patogenidad está relacionada tanto con la producción de toxinas como con su creciente resistencia a antibióticos. El objetivo de este estudio fue caracterizar cepas clínicas de *C. difficile* aisladas en Mexico a través del análisis genotípico de sus toxinas y la identificación de genes de resistencia antimicrobiana mediante técnicas moleculares y bioinformáticas. Para ello, se analizaron diez secuencias FASTA derivadas de aislamientos clínicos mediante la base de datos CARD (Comprehensive Antibiotic Resistance Database) para la detección de genes de resistencia. Además, se realizó una búsqueda específica del gen *hsmA*, asociado a tolerancia al estrés oxidativo y regulador de respuesta celular, utilizando BLAST. Paralelamente, se reactivaron cepas conservadas bajo condiciones controladas para la extracción de ADN genómico y la amplificación por PCR de los genes de las toxinas *tcdA*, *tcdB* (Toxinas A y B) y *cdtA/B* (Toxina Binaria), con el fin de identificar cepas toxigénicas. Los resultados revelaron la presencia del gen *hsmA* en el 100 % de las secuencias analizadas, lo cual sugiere su papel central en la adaptación de *C. difficile* a condiciones adversas. Además, se identificaron los genes *nimB*, que codifica una nitroreductasa involucrada en la resistencia a nitroimidazoles; *cplR*, que regula la expresión de bombas de eflujo frente a cloranfenicol; *CDD-2*, que codifica una enzima ribosiltransferasa que inactiva fidaxomicina; y *cdeA*, una bomba de eflujo asociada a resistencia a clindamicina. Todos estos genes participan en mecanismos de inactivación o expulsión de antibióticos, confirmando un perfil de multiresistencia. Estos hallazgos resaltan la importancia de integrar enfoques moleculares y bioinformáticos para comprender mejor la resistencia y virulencia de *C. difficile*, y con ello apoyar en el diseño de estrategias terapéuticas más efectivas.

Licenciatura en Biomedicina, Centro de investigaciones en Ciencias microbianas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla

Keywords: *Clostridioides difficile*, Resistencia antimicrobiana, Genes de toxinas, Análisis bioinformático, Multiresistencia bacteriana



CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS TOLERANTES A YODO EN DOS FINCAS CULTIVADORAS DE PLÁTANO EN EL DEPARTAMENTO DEL QUINDÍO

Valentina Sepulveda Galeano¹, Geraldine Gordillo Rodas^{1,2}, Fabiana María Lora Suarez¹, Nelsy Loango Chamorro¹

(1) Universidad del Quindío, Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Carrera 15 Calle 12 Norte, Armenia, Colombia

(2) Universidad del Quindío, Doctorado en Ciencias Biomédicas, Carrera 15 Calle 12 Norte, Armenia, Colombia

El yodo, un bioelemento esencial para los seres vivos, se encuentra principalmente como yoduro (I^-) y yodato (IO_3^-) siendo el océano su principal reservorio (Hou et al., 2009). En suelos y aguas dulces su concentración varía entre 0,5–5 mg/L (Cox et al., 1999). En Colombia-Quindío, los cultivos de plátano han elevado los niveles de yodo en suelos (25,7–67 $\mu\text{g/L}$) y aguas (31–74 $\mu\text{g/L}$) (Ramírez Torres, 2016) por uso intensivo de agroquímicos yodados, lo que implica riesgos ambientales y sanitarios. Este estudio buscó caracterizar bacterias tolerantes a yodo presentes en suelos y aguas de fincas plataneras en el departamento.

La recolección de muestras se realizó en dos fincas del municipio de Buenavista, Quindío. Las muestras de suelo se obtuvieron a 15 cm de profundidad siguiendo un transecto de 50 m, mientras que el agua se recolectó en frascos estériles de 2 L. Posteriormente, el suelo se tamizó y se diluyó en agua peptonada (1:9). Las muestras de agua fueron igualmente diluidas en la misma proporción. Ambas se incubaron a 37 °C y se sometieron a diluciones seriadas hasta 10^{-3} . Finalmente, las suspensiones se sembraron en medios selectivos, y las bacterias aisladas se identificaron mediante tinción de Gram y pruebas de actividad bioquímica. La tolerancia a yodato de potasio (125 $\mu\text{g/mL}$) se evaluó con curvas de crecimiento (OD cada hora por 12 h) en microplacas (Epoch, BioTek), usando como control cultivos sin yodato. El porcentaje de tolerancia se calculó dividiendo la OD a 12 h del ensayo sobre la del control y multiplicando por 100 (Chin., et al, 2013).

Se aislaron 25 bacterias, destacando *Pandoraea* sp. (1,08) veces superior al crecimiento del control), *Yersinia* sp. (1,00), *Pseudomonas* sp. (0,99) y *Advenella* sp. (0,98). Solo *Pseudomonas mosselii* tiene evidencia directa de biorremediación de compuestos de yodo, oxidando I^- a I_2 (Robinson., et al, 2023). *Pandoraea* sp, *Citrobacter* sp. y *Klebsiella* sp. degradan hidrocarburos, pesticidas o metales pesados (Pan., et al, 2025). El 53,5% de los aislados superó el 95% de tolerancia, sugiriendo adaptación a ambientes contaminados con yodo y potencial en biorremediación ambiental.

Keywords: Bacterias, Biorremediación, Suelos, Ensayos de Tolerancia, Yodo

Financing: Esta investigación fue financiada por la Universidad del Quindío, a través del Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y Educación (GICBE), Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías.

Acknowledgments: Agradecemos al Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y Educación del programa de biología de la Universidad del Quindío y a la Colección de Microorganismos de la Universidad del Quindío.



Evaluación in vitro del potencial prebiótico de una harina vegetal rica en fibra sobre un consorcio probiótico multicepa

Jaime Alonso Rosales-León¹, Gloria Marisol Castañeda-Ruelas¹, Emmanuel Beltrán-Lupercio¹, Maribel Jiménez-Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Calz. de las Américas Nte. 2771, Cd. Universitaria, Burócrata, cp 80030, Culiacán Sinaloa, México

Introducción: El interés por los alimentos funcionales con efectos benéficos sobre la salud intestinal ha incrementado la investigación en ingredientes con potencial prebiótico. En este contexto, las harinas de origen vegetal ricas en fibra dietética pueden desempeñar un papel importante en la modulación positiva de la microbiota intestinal.

Objetivo: Evaluar el potencial prebiótico de una harina comercial compuesta por amaranto (*Amaranthus* spp.), chía (*Salvia hispanica*), linaza (*Linum usitatissimum*), avena (*Avena sativa*), levaduras y cacao (*Theobroma cacao*).

Metodología: Se prepararon tres lotes experimentales (H1, H2 y H3) con 10 g de la harina, 90 mL de agua purificada estéril y 1 g de un probiótico comercial multicepa (*Lactobacillus acidophilus*, *L. casei*, *L. rhamnosus*, *L. plantarum*, *L. infantis*, *Bifidobacterium infantis* y *Streptococcus thermophilus*). Los lotes fueron incubados durante 24 horas bajo distintas condiciones: H1 (37 °C, anaerobiosis), H2 (4 °C, aerobiosis) y H3 (42 °C, anaerobiosis). La viabilidad bacteriana se evaluó mediante recuento en agar selectivo a las 0, 1, 2 y 24 horas y la actividad fermentativa se determinó mediante acidez titulable, expresada como porcentaje de ácido láctico.

Resultados: La harina favoreció el crecimiento de las bacterias probióticas, con incrementos significativos en el conteo bacteriano. En el lote H1 se alcanzaron 72 UFC/mL a las 24 horas, mientras que en H2 y H3 los conteos fueron incontables, lo que sugiere una proliferación intensa, aunque con variabilidad inicial en H3. Asimismo, la producción de ácido láctico alcanzó hasta un 2.5 % en los tratamientos incubados a 37 °C y 42 °C, indicando una fermentación activa. En contraste, la baja temperatura (4 °C) limitó tanto el crecimiento como la actividad metabólica del consorcio bacteriano.

Conclusión: La harina evaluada mostró un alto potencial prebiótico al promover la viabilidad y actividad fermentativa de bacterias benéficas bajo condiciones óptimas de temperatura. Estos hallazgos respaldan su posible aplicación en el desarrollo de alimentos funcionales dirigidos al mantenimiento de una microbiota intestinal saludable.

Keywords: Prebióticos, Salud intestinal, Microbiota, Amaranto

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, además a la Facultad de Ciencias Químico Biológicas de la Universidad Autónoma de Sinaloa por sus instalaciones.



Evaluación de la adición de jengibre como agente antimicrobiano en carne cruda de res molida

Herminio López López¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Ana Patricia Castro Díaz¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Josefa Ortiz De Domínguez, Cd Universitaria, Universitaria, 80040 Culiacán Rosales, Sinaloa., Culiacán, México

Introducción: El consumo de carne de res es una fuente importante de proteínas en la dieta humana. Sin embargo, el manejo higiénico y el tipo de consumo puede conllevar a riesgos asociados a la presencia de patógenos responsables de enfermedades transmitidas por los alimentos. La adición del jengibre se considera un método de conservación promisorio de los alimentos.

Objetivo: El objetivo del estudio fue evaluar la adición del jengibre como agente antioxidante y conservador para asegurar la calidad microbiológica en carne cruda de res molida durante el almacenamiento ($5 \pm 1^\circ\text{C}$).

Materiales y métodos: Se recolectaron 1.2 kg de carne cruda de res molida y se distribuyeron en tres lotes adicionados con o sin jengibre: tradicional (0 %), antioxidante (0.05 %) y conservador (0.1 %). Cada lote se conformó por 12 muestras de carne de 25 g, y fueron almacenadas a $5 \pm 1^\circ\text{C}$ durante una semana. Los días 0, 1, 3, 5 y 7 se tomaron muestras para la cuantificación de mesófilos aerobios (MA), coliformes totales (CT), hongos y levaduras (Hyl), y bacterias ácido-lácticas (BAL) por la técnica de cultivo tradicional en agares selectivos y tiempo de incubación específicos. Las muestras fueron procesadas por duplicado y sembradas por extensión.

Resultados: La adición de jengibre al 0.05 % se mostró como una estrategia efectiva para preservar la calidad de la carne de res molida almacenada durante siete días. Esta dosis redujo significativamente la población de MA ($P < 0.05$), y mostró un ligero incremento sobre el crecimiento de Hyl ($P < 0.05$), sin alterar la estabilidad de las BAL y CT ($P > 0.05$). Sin embargo, concentraciones superiores de jengibre no mejoraron el efecto inhibitorio de los indicadores, y perjudicaron la población de BAAL ($P < 0.05$) durante la refrigeración.

Conclusiones: Nuestros resultados permitieron determinar el efecto del jengibre como un agente conservador que se puede añadir a la carne cruda para favorecer su calidad e inocuidad durante el almacenamiento en la industria y los hogares.

Keywords: patógenos, calidad microbiológica, inocuidad, antioxidante, productos cárnicos



VIGILANCIA DE SARS-COV-2 EN AGUAS RESIDUALES DE LA PLANTA DE TRATAMIENTO RÍO FRÍO Y EN AGUAS RESIDUALES DE UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD DE BUCARAMANGA, COLOMBIA

María Andrea Quijano Orejarena^{1,2}, María Juliana Rolón Rojas², María Cristina Vásquez de Díaz^{2,3}, Ana María Mantilla Moreno⁴, Alba Rocío Orduz Amezcuita⁵, Jorge Alexander Silva Sayago^{2,3}

(1) Universidad de Santander UDES, Maestría en Investigación en Enfermedades Infecciosas, Salud, Calle 70 #55-210, Bucaramanga, Colombia

(2) Universidad de Santander UDES, Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Salud, Calle 70 #55-210, Bucaramanga, Colombia

(3) Universidad de Santander UDES, Grupo de investigación CliniUDES, Salud, Calle 70 #55-210, Bucaramanga, Colombia

(4) Universidad de Santander UDES, Grupo ambiental de investigación aplicada GAIA, Ingenierías, Calle 70 #55-210, Bucaramanga, Colombia

(5) Laboratorio Departamental de Salud Pública de Santander, Grupo de Investigación Laboratorio Departamental de Salud Pública de Santander, Calle 56 # 2W-68, Bucaramanga, Colombia

En Colombia, la pandemia por COVID-19 ocasionó más de 6 millones de casos y 143.000 muertes hasta agosto de 2025, dejando secuelas que afectan la salud. La epidemiología basada en aguas residuales (Wastewater-Based Epidemiology, WBE) ha demostrado en diversos países su utilidad para anticipar brotes y complementar la vigilancia clínica, al detectar excreción viral en individuos sintomáticos y asintomáticos, superando limitaciones como el subregistro y los retrasos diagnósticos. No obstante, en Colombia la estrategia WBE aún no ha sido implementada de manera sistemática. El objetivo de este estudio fue cuantificar las cargas virales de SARS-CoV-2 en aguas residuales de la planta de tratamiento Río Frío y de un hospital de alta complejidad en Bucaramanga, Colombia y explorar su correlación con datos epidemiológicos oficiales reportados en el Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública de Colombia. Se recolectaron muestras compuestas durante 16 semanas entre abril y agosto de 2025, siguiendo las recomendaciones del Centro para el Control y Prevención de Enfermedades. Las muestras fueron procesadas mediante concentración viral por adsorción-precipitación con policloruro de aluminio y extracción de ARN con perlas magnéticas. La cuantificación se realizó por RT-qPCR utilizando el gen E del SARS-CoV-2 del protocolo Charité-Berlín y un ARN sintético comercial como patrón, mientras que la presencia de inhibidores fue descartada con el gen humano RNasa P como control interno. Todas las muestras resultaron negativas para el gen E, lo cual es consistente con la baja incidencia de casos de COVID-19 reportados en Bucaramanga durante el periodo de estudio, en el cual se notificaron 77 casos en una población de 623,881 habitantes, según el último censo del Departamento Administrativo Nacional de Estadística de Colombia. Aunque no se detectó circulación viral de SARS-CoV-2, los resultados obtenidos señalan que la WBE puede ser implementada en Bucaramanga como una estrategia complementaria de monitoreo epidemiológico en Colombia, con proyección a un seguimiento ampliado durante 18 meses e inclusión de otros virus de interés en salud pública.



Keywords: Aguas residuales, COVID-19, Epidemiología Basada en Aguas Residuales, RT-qPCR, SARS-COV-2

Financing: El proyecto contó con financiación de convocatoria interna de proyectos de investigación, desarrollo tecnológico e innovación 2022-2023 - Ejecución 2023 Código: CIF 0301-23- Universidad de Santander UDES

Acknowledgments: Agradecimientos al Doctor Luis Guillermo Uribe Rodríguez por sus aportes académicos al proyecto. A la planta de tratamiento Río Frío y al hospital por facilitar la toma de las muestras.



Vía SREBP en *Phaffia rhodozyma*: Ampliando el Rol de la Proteasa Stp1

Marcelo Baeza¹, Salvador Barahona¹, Gabriela Apariz¹, Jennifer Alcaíno Gorman¹

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

La levadura basidiomicete *Phaffia rhodozyma* produce astaxantina, un pigmento de gran interés biotecnológico por sus propiedades antioxidantes y su aplicación como colorante natural en la industria alimentaria. La vía SREBP (Sterol Regulatory Element-Binding Protein) regula la homeostasis lipídica en *P. rhodozyma* a través del factor de transcripción Sre1 (gen SRE1), que a su vez es procesado y activado por la proteasa Stp1 (gen STP1). Dentro de los genes regulados por Sre1 se encuentran genes de la biosíntesis de ergosterol y de astaxantina (*crtE* y *crtR*), y de la vía del mevalonato, que produce precursores para ambas vías. No obstante se ha descrito que el homólogo de Stp1 de mamíferos (S2P) tiene funciones regulatorias frente a estrés más allá de SREBP. Por ello, el objetivo de este trabajo fue evaluar si Stp1 regula factores de transcripción distintos de Sre1 en *P. rhodozyma*. Para ello se construyeron mutantes en la cepa silvestre y la mutante *cyp61-* que no produce ergosterol y sobreproduce carotenoides debido a la activación de Sre1, y se compararon su perfiles transcriptómicos. En la comparación de la doble mutante *sre1-stp1-* con la mutante *sre1-* se encontró 166 secuencias codificantes (CDS) diferencialmente expresadas de un total de 18.169 CDS predichas. La comparación entre la cepa triple mutante *cyp61-sre1-stp1-* y la cepa *cyp61-sre1-* reveló 195 CDS con expresión diferencial. Dentro de los CDS detectados algunos fueron asociados con las vías de biodegradación y metabolismo de xenobióticos, biosíntesis de metabolitos secundarios, metabolismo lipídico, entre otras. La detección de CDS diferencialmente expresados debido a la mutación de STP1 en ausencia de Sre1 en ambas comparaciones, sugiere que la proteasa Stp1 tiene blancos adicionales a Sre1. Estos hallazgos aportan nuevos antecedentes para explorar el alcance regulador de Stp1 en *P. rhodozyma*.

Keywords: *Phaffia rhodozyma*, vía SREBP

Financing: FONDECYT 1220384



Evaluación teórica de la interacción del Cs-137 con canales de potasio conservados en bacterias, algas y hongos

Andri Jesús Binet Álvarez¹

(1) Universidad Autónoma de Santo Domingo, Biología, Facultad de Ciencias

Se emplearon simulaciones de dinámica molecular para caracterizar la interacción del ion Cs⁺, derivado del radionúclido cesio-137, con canales de potasio conservados en microorganismos: KcsA (bacterias), Kv1/Shaker (algas) y TOK1 (hongos). El análisis incluyó parámetros estructurales (RMSD, RMSF), trayectorias iónicas y energías de interacción proteína-ion. Los resultados muestran que Cs⁺ presenta alta afinidad por el filtro selectivo TVGYG, induciendo distorsiones conformacionales y actuando como bloqueador del poro, especialmente en KcsA y Kv1, donde inhibe la conductancia de K⁺. En contraste, TOK1 permitió permeación parcial de Cs⁺, atribuida a su arquitectura de doble poro y rectificación hacia el exterior. Estos hallazgos revelan una sensibilidad diferencial al Cs-137 según la topología del canal.

Keywords: Canales de potasio, Dinámica molecular, Radiocesio

Financing: N/A

Acknowledgments: N/A



CARACTERIZACIÓN DE FACTORES DE VIRULENCIA E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE ESPECIES CRÍPTICAS DE CANDIDA CAUSANTES DE CANDIDEMIA EN HONDURAS

Bryan Ortiz¹, Fernando Chávez¹, Roque Lopez², Carlos Muñoz², Kateryn Aguilar¹, Isis Lainez-Arteaga³, Celeste Galindo⁴, Luis Rivera¹, Manuel G. Ballesteros-Monreal⁶, Kati Montes⁵, Mauricio Hernandez^{1,7}, Asly Villeda Barahona¹, Gustavo Fontecha¹

(1) Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Instituto de Investigaciones en Microbiología, Facultad de Ciencias, Boulevard Suyapa, Tegucigalpa, Honduras

(2) Secretaría de Salud de Honduras, Laboratorio Nacional de Vigilancia, Boulevard Suyapa, Tegucigalpa, Honduras

(3) Hospital Mario Catarino Rivas, Laboratorio de Bacteriología, Blv. José Antonio Peraza, San Pedro Sula, Honduras

(4) Instituto Hondureño de Seguridad Social-Tegucigalpa, Departamento de Microbiología, Edificio Administrativo IHSS, Barrio Abajo, Tegucigalpa, Honduras

(5) Instituto Hondureño de Seguridad Social-San Pedro Sula, Departamento de Microbiología, Blv. del Norte, San Pedro Sula, Honduras

(6) Universidad de Sonora, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas y Agropecuarias, Campus Caborca, Avenida K SN, Eleazar Ortiz, 83600, Heroica Caborca, Sonora, México

(7) Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Ciencias, Boulevard Suyapa, Tegucigalpa, Honduras

Las infecciones por levaduras agrupadas en el género *Candida* son de las causas más comunes de infecciones fúngicas en el mundo y se asocian a altos índices de mortalidad. Recientemente, la taxonomía de este género ha tenido cambios importantes debido a la descripción de nuevas especies, como el patógeno multirresistentes *Candida auris*. La rápida y correcta identificación a nivel de especie de las infecciones por levaduras es importante para proporcionar una terapia adecuada, reducir la mortalidad y controlar los brotes. Las especies de *Candida* causantes de enfermedad fúngica invasora (EFI) en Honduras han sido poco exploradas como también sus características de virulencia. En este sentido, producto de un programa de vigilancia epidemiológica, este estudio tuvo por objetivo caracterizar los factores de virulencia e identificar especies crípticas de *Candida* spp aisladas de sitios estériles en Honduras. Se evaluaron 80 aislamientos de levaduras, provenientes de 4 hospitales públicos ubicados en el norte y centro del país. La identificación de las especies de *Candida* se realizaron por métodos moleculares basados en PCR-RFLP, PCR específicas y secuenciación. Por otro lado, se evaluaron algunas propiedades asociadas con la virulencia (producción de exoenzimas, formación de biopelículas, adhesión celular e invasión). *C. albicans* 31.2% (n=25), *C. tropicalis* 30% (n=24), fueron las principales especies asociadas a EFI, *C. krusei* 2.5% (n=2) y *C. dubliniensis* 1.2% (n=1) fueron las especies menos frecuentes, en conjunto las especies no *albicans* se aislaron en un 68.7% (n=55). *C. albicans* fue la especie con mayor actividad hemolítica, fosfolipasa y proteasa. *C. glabrata* fue la única especie sin actividad fosfolipasa, sin embargo, fue la segunda con mayor actividad proteasa. Este estudio contribuye a mejorar la comprensión de las características biológicas y



de patogenicidad de *Candida* spp. en el país, permitiendo a su vez, explorar nuevas estrategias para el manejo de infecciones fúngicas. Hasta donde sabemos este el el primer estudio que explora la epidemiología de las especies de *Candida* asociadas a candidemia como sus principales factores de virulencia en Honduras.

Keywords: *Candida* spp Identificación molecular Honduras Virulencia



Isolation and Characterization of Bacteria Associated with the Rhizosphere of *Vellozia* spp. with Potential for Biological Nitrogen Fixation

Jonnathan Whiny Moraes Dos Santos¹, Ubiraci Gomes de Paula Lana², Chainheny Gomes de Carvalho², Isabel Gerhardt^{1,3}, Ricardo Augusto Dante^{1,3}, Sylvia Moraes de Sousa Tinoco^{1,2}

(1) Genomics for Climate Change Research Center (GCCRC), Av. Cândido Rondon, 400, Cidade Universitária, Campinas, Brazil

(2) Embrapa Maize and Sorghum, Rodovia MG 424 - KM 65, Bairro Esmeraldas. Caixa Postal 151, Sete Lagoas, MG, Brazil

(3) Embrapa Digital Agriculture, Av. Dr. André Toselli, 209, Campinas, SP, Brazil

Biological Nitrogen Fixation (BNF) represents a sustainable alternative to the use of chemical inputs in agriculture, offering economic, environmental, and social benefits by reducing reliance on synthetic fertilizers and their associated impacts. Native plants from extreme environments, such as *Vellozia* spp. from rupestrian grasslands, exhibit unique adaptations and are potential hosts of promising microorganisms. This study aims to characterize bacterial strains isolated from the rhizosphere of *Vellozia* spp., maintained in the culture collection of the Center for Research in Genomics for Climate Change (GCCRC), focusing on their potential for BNF. A total of 80 isolates were obtained using YMA medium, semi-selective for nitrogen-fixing bacteria. The isolates were morphologically characterized, and in vitro assays are being conducted to assess acetylene reduction activity, siderophore and exopolysaccharide production, biofilm formation, and phosphate solubilization. Genomic DNA was extracted and used for molecular identification based on the 16S rRNA gene. Preliminary results revealed the presence of isolates from the genera *Rhizobium*, *Herbaspirillum*, and *Enterobacter*, all known to be associated with BNF. Genetic diversity among the isolates was assessed using ERIC-PCR, revealing high genetic variability, which underscores the biotechnological potential of the collection. In addition, controlled-condition assays are underway using maize and soybean seedlings to evaluate the plant growth-promoting effects of the isolated strains. The analyses in progress will support the selection of promising strains for potential use in the development of bioinputs, thereby promoting more sustainable agriculture.

Keywords: bioinput, genetic diversity, rhizobacteria, rupestrian grassland

Financing: Financial support: Embrapa, Fapesp, Finep, CNPq.



“Evaluación in vitro de un nuevo compuesto contra trofozoítos de *Entamoeba histolytica*”

Guadalupe Velázquez-Martínez¹, Maritza Velásquez-Torres^{1,2}, Aldo Arturo Reséndiz-Albor³, Ivonne Maciel Arciniega-Martínez⁴, Alvaro Anzueto-Ríos⁵, Rafael Santiago-Godoy⁵, Judith Pacheco-Yépez¹

(1) Instituto Politécnico Nacional, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

(2) Centro de Investigación y Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Biología Celular, Ciudad de México, México

(3) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Inmunidad de Mucosas, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

(4) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Inmunonutrición, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

(5) Instituto Politécnico Nacional, Unidad Profesional Interdisciplinaria en Ingeniería y Tecnologías Avanzadas UPIITA, CDMX, México

Introducción: La amibiasis es causada por el parásito protozooario *Entamoeba histolytica*; afecta a millones de personas en todo el mundo y a la población mas desfavorecida. El metronidazol es el tratamiento de elección mas utilizado para esta infección y a pesar de su alta efectividad produce efectos adversos en los humanos, presenta efectos neurotóxicos, mutagénicos y genotóxicos. Además, existe resistencia in vitro de cepas de *E. histolytica*. Estudios han demostrado que derivados de benzotiazoles poseen una potente actividad antiparasitaria. Debido a ello es necesario investigar el efecto amebicida de nuevos compuestos como tratamiento alternativo seguro, inocuo y no tóxico para el humano. **Objetivo:** Evaluación in vitro de un derivado de benzotiazol contra trofozoítos de *Entamoeba histolytica*. **Metodología:** Los trofozoítos se trataron con diferentes concentraciones de BT3 (ácido 4-[5-(trifluorometil)-1,3-benzotiazol-2-il] benzoico) durante 5 h. Se determinó la viabilidad utilizando el reactivo WST-1 y la concentración inhibitoria del 50% (CI50) se obtuvo por regresión lineal entre la concentración del compuesto y el porcentaje de inhibición y se analizaron los cambios ultraestructurales en los trofozoítos de *E. histolytica* tratados con la CI50 del BT3 mediante microscopía electrónica de transmisión. Además se evaluó la citotoxicidad del compuesto sobre las células epiteliales de mono verde africano (Vero). **Resultados:** El BT3 mostro una actividad antiamebiana in vitro contra trofozoítos de *E. histolytica* disminuyendo significativamente la viabilidad de manera dosis dependiente e indujo cambios ultraestructurales en el citoplasma y alteraciones en la membrana celular y los núcleos de la amiba. La CI50 fue 117.5 μ M. El BT3 no mostró citotóxicidad sobre las células VERO. **Conclusión:** Nuestros resultados demostraron que BT3 presenta un efecto antiamebiano in vitro contra trofozoítos de *Entamoeba histolytica* lo cual podría ser a futuro una posible alternativa en el tratamiento de la amibiasis.

Keywords: *E. histolytica*, Derivados de benzotiazoles, BT3, Anti-amebiano

Financing: Este trabajo fue apoyado por el Sistema de Administración de Programas y Proyectos de Investigación (SAPPI-IPN). Proyecto Transdisciplinario: 2341 20250870, 20250872, 20250786, 20250834.



E. coli productoras de biofilm con resistencia antimicrobiana y potencial patógeno humano en vegetales de consumo

Maria Guadalupe Balbuena-Alonso¹, Gerardo Cortés-Cortés^{1,2}, Manel Camps², Edwin Barrios-Villa³, Patricia Lozano-Zarain¹, Rosa del Carmen Rocha-Gracia¹

(1) Benémerita Universidad Autónoma de Puebla, Posgrado en Microbiología, Centro de Investigaciones Microbiológicas, Instituto de Ciencias, Avenida San Claudio S/N. Colonia San Manuel, Puebla, México

(2) Universidad de California en Santa Cruz, Departamento de Microbiología y Toxicología Ambiental, Santa Cruz, California, Estados Unidos de America

(3) Universidad de Sonora, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas y Agropecuarias, Campus Caborca, Carboca, Sonora, México

La presencia de *Escherichia coli* multirresistente en alimentos frescos representa una amenaza emergente para la salud pública, al actuar como reservorios y vectores de genes de resistencia y virulencia con potencial de transmisión al ser humano. En este estudio se analizaron genómica y fenotípicamente tres cepas de *E. coli* (A65EC, A134EC y A23EC) aisladas de vegetales de consumo directo (cilantro y espinaca). Todas las cepas mostraron fenotipos de resistencia múltiple (MDR), incluyendo producción de β -lactamasas tipo AmpC, mediada por el gen blaCMY-2 y betalactamasas de espectro extendido, blaCTX-M-15. Además, de la resistencia a múltiples clases antimicrobianas (aminoglucósidos, sulfonamidas, tetraciclinas, fenicoles y fosfonatos). A nivel genético, los genes de resistencia se localizaron en plásmidos conjugativos o movilizables, pertenecientes a los tipos IncII, p0III, IncF y ColI56, y en transposones cromosomales como TnMB1860. Este último, hallado en la cepa A23EC, contiene dos unidades translocables, con seis genes de resistencia, cuya combinación representa un riesgo significativo de evolución hacia resistencia a carbapenémicos. En cuanto a factores de virulencia, se identificaron hasta 19 genes distribuidos en islas de patogenicidad y plásmidos, incluyendo adhesinas (fimH, papGII, csgA, csgB), toxinas, sistemas de sideróforos y genes de evasión inmune. Particularmente, A23EC pertenece al linaje ST131 subclado C2, una variante de ExPEC con alta prevalencia en infecciones humanas graves, y aquí se reporta por primera vez en vegetales. Las otras dos cepas (ST746 y ST10) también mostraron perfiles complejos de resistencia y virulencia, destacando su capacidad para transferir determinantes genéticos. El hallazgo de estas cepas en vegetales listos para el consumo, sin procesamiento térmico previo, refuerza la necesidad urgente de implementar programas de vigilancia epidemiológica integrados bajo el enfoque One Health. Esto permitirá monitorear la circulación de cepas patógenas multirresistentes en la cadena alimentaria, prevenir brotes de origen alimentario y limitar la diseminación de genes de resistencia y virulencia entre nichos clínicos, animales y ambientales.

Keywords: Vegetales, Resistencia, *Escherichia*, virulencia, ST131

Financing: Este trabajo contó con el apoyo del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) [CB-2017-2018/A1-S-22136]. El CONACyT también otorgó una beca de doctorado y una Beca Postdoctoral UC MEXUS-CONACYT 2017-2019.



Acknowledgments: Los autores agradecen a Margarita María de la Paz Hernández Arenas, Candelario Vázquez Cruz y Miguel Castañeda Lucio del “Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias” de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, por su invaluable contribución.



Bacterial Exopolysaccharide-Stabilized Silver Nanoparticles for Photocatalytic Azo Dye Decolorization

SHRABANA SARKAR¹, Aparna Banerjee¹

(1) Universidad Autónoma de Chile, Facultad de Ingeniería, Instituto de Ciencias Aplicadas, Sede Talca, Campus Central 5 poniente 1670, Talca, Talca, Chile

Thermophilic *Bacillus licheniformis* strain Toll, isolated from the geothermal site Termas de Tolhuaca (La Araucanía Region, Chile), demonstrated the ability to tolerate and decolorize the mono-azo dye Disperse Red 1 (DR1) at concentrations up to 500 ppm. Optimal decolorization ($56.23 \pm 5.56\%$) was achieved at 200 ppm DR1 after 24 hours of incubation at 55 °C. Decolorization efficiency was further enhanced by supplementation with external carbon and nitrogen sources. Fourier-transform infrared (FTIR) spectroscopy of the treated dye solution confirmed structural degradation of DR1, indicating effective biodegradation. Given their superior stability, non-toxicity, and biodegradability compared to plant, algal, or fungal-derived polysaccharides, bacterial exopolysaccharides (EPS) were employed for green synthesis of silver nanoparticles (AgNPs). EPS derived from *B. licheniformis* Toll (EPS-Toll) facilitated single-step synthesis of AgNPs, which exhibited enhanced photocatalytic decolorization of DR1. Characterization of AgNPs via UV-Vis and FTIR spectroscopy confirmed their formation. Polydispersity index (PDI) was noted 0.43 with size of 53.65 ± 16.47 nm confirmed polydisperse nature of synthesised nanoparticle. Under sunlight and in the presence of H_2O_2 , EPS-Toll-stabilized AgNPs achieved $63.44 \pm 5.48\%$ decolorization within 5 hours at 500 ppm DR1, outperforming bacterial degradation alone. FTIR analysis of the treated samples indicated the absence of the azo bond and aromatic amines, confirming complete breakdown of the dye molecule. Phytotoxicity assays using *Phaseolus vulgaris* L. (common bean) seeds showed significantly improved germination and growth indices in treated samples compared to untreated DR1 solutions, validating the detoxification of the effluent. This approach offers a sustainable and eco-friendly strategy for the remediation of azo dye-contaminated wastewater.

Keywords: EPS stabilized nanoparticle, Biodegradation, Azo dye, Thermophilic *Bacillus licheniformis* strain Toll, Green synthesis

Financing: IUP24-12

Acknowledgments: Fondecyt Regular 1231917 ANID, IUP24-12, DIUA 321-2025, FOVI240049 Chile supported the work.



Caracterización molecular y perfil de resistencia antimicrobiana en cepas hipermucoides de *Klebsiella pneumoniae* aisladas en hospitales chilenos

Rocío Rivas-Carrasco^{1,3}, Maximiliano Matus-Köhler^{1,2}, Néstor Herrera-Chávez^{1,2,5}, Andrés Opazo-Capurro^{1,2}, Gerardo González-Rocha^{1,2}, Helia Bello-Toledo^{1,2}, Felipe Morales-León^{1,2,3,4}

(1) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

(2) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

(3) Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

(4) Departamento de Farmacia, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

(5) Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, sede Concepción, Universidad Andrés Bello, Chile.

Klebsiella pneumoniae es un patógeno bacteriano de importancia clínica, asociado principalmente a infecciones del tracto urinario y respiratorio. A nivel global, su fenotipo hipermucoide (hmKp) se ha utilizado como marcador fenotípico para la identificación de cepas hipervirulentas (hvKp). Las cepas hvKp se distinguen por su capacidad para causar infecciones invasivas en individuos previamente sanos y, en general, presentan susceptibilidad a múltiples antimicrobianos. Además, este fenotipo se encuentra relacionado con la presencia de un plásmido de virulencia que porta genes clave como iuc y rmpADC, siendo este último responsable de la sobreproducción capsular que confiere el característico fenotipo hmKp. Así, se buscó caracterizar molecularmente los determinantes de virulencia y el perfil de resistencia a antimicrobianos en cepas hipermucoides de *Klebsiella pneumoniae* aisladas en hospitales chilenos.

Se seleccionaron 12 cepas positivas al test de filancia de distintos productos patológicos aisladas entre los años 2012 a 2025 en distintas regiones del país. En estas cepas, se pesquisaron los genes de virulencia ybt, clb, iuc y rmpA2, así como los genes asociados a los serotipos capsulares K1 y K2, mediante PCR convencional. Adicionalmente, se evaluó la susceptibilidad antimicrobiana mediante el test de Kirby-Bauer frente a ceftriaxona, ceftazidima, cefotaxima, ertapenem, meropenem, amikacina, ciprofloxacino y sulfametoxazol/trimetoprima, según los criterios establecidos por la CLSI 2025.

El gen ybt fue el más frecuente entre las cepas con fenotipo hmKp (n=9), seguido por los genes clb e iuc (n=2) indicando una posible asociación con factores de virulencia relacionados con la captación de hierro. La ausencia del gen rmpA/A2 en la mayoría de las cepas (n=10), sugiere que la expresión del fenotipo hmKp podría estar regulada por otro mecanismo. Esto, sumado al bajo número de cepas con los serotipos K1 (n=2) y K2 (n=2) sugiere una diversidad genética dentro de las cepas hmKp y la coexistencia de perfiles de virulencia heterogéneos. Finalmente, se observó un alto nivel de resistencia antimicrobiana entre las cepas analizadas, incluyendo resistencia a carbapenémicos,



cefalosporinas de tercera generación y quinolonas, lo que evidencia la convergencia entre hipervirulencia y multirresistencia en cepas de *K. pneumoniae* circulantes en hospitales chilenos, un desafío relevante para la salud pública.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, hipervirulencia, resistencia, hipermucoide

Financing: Proyecto VRID asociativo N° 202200067IINT

Acknowledgments: Se agradece a los centros de salud H. Las Higueras, H.de Puerto Montt, H.Guillermo Grant Benavente, H.de Temuco, H.Clínico Universidad de Chile, Clínica Las Condes, Posta Central y H.Carlos Van Buren por proporcionar las cepas para la realización del trabajo.



Detección de *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* en mascarillas faciales cosméticas

Karla Michel Olea López¹, Melanie Paola Carrillo-Beltrán¹, Gloria Marisol Castañeda-Ruelas¹, Maribel Jiménez-Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de ciencias Químico-Biológicas, Calz de las Americas Nte 2771, cd universitaria, burócrata, 80030, Culiacan Rosales, Sin, México

Introducción: Las mascarillas faciales cosméticas son productos populares dentro del cuidado de la piel, ampliamente distribuidos y utilizados por sus ingredientes activos. Las mascarillas son productos de aplicación directa sobre la piel por lo que su seguridad representa un aspecto crítico para la salud dermatológica. *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* se han identificado como peligros de estos productos cuando existen deficiencias en la fabricación.

Objetivo: Evaluar la calidad microbiológica mediante la cuantificación de *S. aureus* y *E. coli*, y el etiquetado de las mascarillas faciales cosméticas, para advertir sobre posibles riesgos sanitarios derivados de su uso.

Metodología: Se adquirieron 20 mascarillas faciales cosméticas de diferentes marcas disponibles en el mercado. Las muestras fueron analizadas bajo los lineamientos de la norma NOM-089-SSA1-1994. La cuantificación se realizó mediante diluciones seriadas decimales y recuento total en agar selectivo para *S. aureus* y *E. coli*. Los datos se expresaron en Log UFC/mL. Adicionalmente, se verificó el cumplimiento de 15 criterios de etiquetado de productos cosméticos con la regulación nacional vigente (NOM-141-SSA1/SCFI-2012).

Resultados: *Staphylococcus aureus* se detectó en el 45 % (9/20) de las muestras analizadas, cuya concentración promedio en las muestras positivas fue de 2.5 ± 0.6 Log UFC/mL. La calidad microbiológica en terminos de *S. aureus* varió entre las marcas de las mascarillas faciales evaluadas ($P < 0.05$). *Escherichia coli* no fue detectada en ninguna de las muestras. Todas las mascarillas cumplen parcialmente con la información del etiquetado (63 al 95 %). El lote (0 %) y listado de ingredientes (56 %) son los principales criterios no cumplidos.

Conclusión: La contaminación de las mascarillas faciales cosméticas con *S. aureus* indica deficiencias en los procesos de fabricación y un riesgo para la salud dermatológica del consumidor. Así mismo, se sugiere una mayor regulación sanitaria para garantizar la inocuidad e identificación de estos productos cosméticos.

Keywords: control, inocuidad, *E.coli*, *S. aureus*

Financing: sin financiamiento

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal de Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico (LIDIM) de la Universidad Autónoma de Sinaloa



DETERMINACIÓN DE LA FRECUENCIA DE PATOTIPOS DIARREOGÉNICOS DE ESCHERICHIA COLI AISLADAS DE FUENTES DE AGUAS PROCEDENTES DE LA PARTE ALTA DE LA CUENCA DEL RÍO CHOLUTeca, HONDURAS

Bryan Ortiz¹, Daniela García Gonzales¹, Gladis Vásquez¹, Luis Rivera¹, Keylin Mendoza¹, Lourdes Enríquez¹, Manuel Ballesteros Monreal², Carlos Eslava³, Gustavo Fontecha¹

(1) Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Instituto de Investigaciones en Microbiología, Facultad de Ciencias, Tegucigalpa. Boulevard Suyapa, Tegucigalpa, M.D.C., Tegucigalpa, Honduras

(2) Universidad de Sonora, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas y Agropecuarias, Caborca, Sonora, Mexico, Heroica Caborca, Mexico

(3) Universidad Nacional Autónoma de México, Unidad Periférica de Investigación Básica y Clínica en Enfermedades Infecciosas, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Ciudad de México, Ciudad de México, México

Escherichia coli es una bacteria ampliamente utilizada como indicador de contaminación fecal, nos permite evaluar la calidad de fuentes de agua utilizadas para consumo humano. Según la OMS (2024), las enfermedades diarreicas son la tercera causa de mortalidad en niños menores de 5 años. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de los patotipos diarreogénicos de cepas de *E. coli* aisladas de fuentes de aguas superficiales y subterráneas procedentes de la cuenca alta del Río Choluteca, Honduras. Se evaluaron 131 cepas, de las cuales 81.7% (n=107) eran aguas subterráneas y 18.3% (n=24) aguas superficiales. Del total de cepas estudiadas, 74.8% (n=98) aislamientos tenían al menos un gen para algún patotipo diarreogénico. *E. coli* enterotoxigénica (ETEC) 60.3% (n=79) y *E. coli* enteropatógena (EPEC) 11.5% (n=15) fueron los principales patotipos diarreógenos identificados. *E. coli* enteroagregativa (EAEC) 1.5% (n=2) y enterohemorrágica (EHEC) 1.5% (n=2) fueron los menos frecuentes, mientras que, los patotipos *E. coli* enteroinvasiva (EIEC) y *E. coli* adherencia difusa (DAEC) no fueron encontrados. Además, 9.9% (n=13) del total de aislamientos resultaron ser patotipos heteropatógenicos, estos patotipos presentan genes de virulencia que son característicos de dos o más patotipos diarreogénicos simultáneamente, lo que resulta en cepas más virulentas y más difíciles de tratar. Nuestros resultados reflejan que las fuentes de agua del río Choluteca suponen una potencial fuente de infección ya que pueden servir como vehículo de transmisión de enfermedades diarreogénicas, causando importantes desafíos para la salud pública. Estos datos resaltan la necesidad del mejoramiento y gestión de desechos sólidos. Además, el agua de la cuenca del río Choluteca en Honduras debe ser tratada con métodos adecuados antes de su consumo, para reducir los riesgos potenciales de infecciones en humanos.

Keywords: *Escherichia coli* Aguas Honduras Patotipos diarreogénicos



Metagenomic Analysis of Bacterial Diversity and Abundance in the Surface Waters of the Isabela River, Dominican Republic.

Camila Celestino¹, Henry Petit², Luis Maroto¹, Oscar Cardenas³, Rommel Ramos³, Claudia Reyes Gutierrez^{2,3}, Edian Franco^{1,2}

(1) Santo Domingo Institute of Technology (INTEC), Ciencias Básicas, Biología, Avenida de Los Próceres #49, Los Jardines del Norte 10602, Santo Domingo, República Dominicana, Santo Domingo, Republica Dominicana

(2) Universidad Tecnológica De Santiago, Santiago University of Technology (UTESA), Research, Health Sciences, Avenida Máximo Gómez Esq. José Contreras, Santo Domingo, Santo Domingo, Republica Dominicana

(3) Federal University of Para, Brazil (UFPA), Institute of Biological Sciences, Biotechnology, Rua Augusto Corrêa, 1, Belém, PA, Brasil, Belen, Brazil

The Isabela River is one of the primary sources of water in the metropolitan area, covering a significant portion of the National District (Calderón et al., 2021). With a population exceeding 3.8 million residents (ONE, 2016) and its intensive use as a major source of daily water consumption (Calderón et al., 2021), the river plays a critical socioeconomic role in the community. This study aimed to characterize the microbial diversity in the surface waters of the Isabela River using metagenomic techniques. Four samples were collected in triplicate from densely populated and heavily polluted urban sections of the river. These samples were filtered, preserved, and frozen at -5°C . DNA was then extracted for sequencing, followed by bioinformatics processing for data cleaning and species identification. Taxonomic classification was performed using Kraken2, and statistical analysis and visualization were conducted using MicrobiomeAnalyst 2.0. The sequencing results revealed a predominance of bacteria, with the phylum Pseudomonadota prevailing in most sampling points, except at site 2, where Campylobacterota was more abundant. The most frequently detected species belonged to the genus *Aliarcobacter*, including *A. cryaerophilus*, *A. ellisii*, *A. butzleri*, and *A. cibarius*. Additionally, other species were found in lower abundance, some of which are known human pathogens, such as *Vibrio cholerae* and *Shigella flexneri*, both associated with potentially serious infections. Regarding species richness, high diversity was observed according to the Chao1 index, although evenness (Shannon index) was comparatively lower. The presence of bacteria with varying degrees of pathogenicity underscores the negative impact of anthropogenic activities on freshwater ecosystems and highlights the urgent need for improved water management strategies (Urrea et al., 2024).

Keywords: Isabela River, metagenomics, microbial diversity, surface water, bacterial communities

Financing: National Science and Technology Fund of the Ministry of Higher Education, Science and Technology of the Dominican Republic.

Acknowledgments: Santo Domingo Institute of Technology (INTEC), Santiago University of Technology (UTESA) Federal University of Para, Brazil (UFPA), and the National Science and Technology Fund of the Ministry of Higher Education, Science and Technology of the Dominican Republic.



EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE LA TETANOSPASMINA MEDIANTE EL MODELO CAENORHABDITIS ELEGANS

Eduardo Caturini^{1,2}, Florencia Battaglia³, Adriana Bentancor Bentancor³, Ximena Blanco Crivelli³

(1) Administración Nacional de Medicamentos, Alimentos y Tecnología Médica Argentina,, Instituto Nacional de Medicamentos, Laboratorio de Ciencias Veterinarias, Av Caseros 2161, CABA, Argentina

(2) Universidad de Buenos Aires, Bioterio Central, Facultad de Ciencias Veterinarias, Chorroarin 280, CABA, Argentina

(3) Universidad de Buenos Aires, Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Microbiología, Chorroarin 280, CABA, Argentina

Clostridium tetani es un microorganismo neurotóxico que se caracteriza por producir dos potentes toxinas: tetanolisina y tetanospasmina (TeNT). TeNT, metaloproteasa zinc dependiente, desencadena una enfermedad prevenible mediante la inmunización. Los estudios de potencia vacunales emplean animales de experimentación. El objetivo del presente trabajo fue establecer la susceptibilidad y la sensibilidad de *Caenorhabditis elegans* a TeNT con el fin de utilizarlo como modelo alternativo en ensayos de potencia.

Para evaluar la susceptibilidad del modelo se seleccionaron las cepas N2 y mutantes CF512, CF1844 (estériles a 25°C) y LC80 (de cutícula débil). Inicialmente los nematodos fueron sincronizados con NaClO (4%) 9 min. Se realizaron diluciones 1:10 de la solución madre de TeNT (Sigma-Adrich) en agua destilada estéril. La dilución 10⁻¹ fue utilizada para determinar la susceptibilidad de *C. elegans*. Los ensayos se realizaron por triplicado en placas de 24 pocillos con tapa: 30 gusanos L4 de cada cepa se colocaron con 140 µl de una suspensión de *E. coli* OP50 (0,5 MF), posteriormente se agregaron 140 µl de la dilución de TeNT. Las placas tapadas y se mantuvieron a 25°C en las cepas CF512 y CF1844, y a 19°C en las cepas N2 y LC80. La sensibilidad del modelo se realizó con N2 y diluciones de TeNT 10⁻²-10⁻⁴. Se incluyó como control 140 µl *E. coli* OP50 +140 µl de H₂O_d estéril. La evaluación se realizó durante 72 h. Se analizó la susceptibilidad mediante test de diferencia de proporciones y la sensibilidad con el test de Marascuilo. La susceptibilidad a TeNT varió en función de la cepa, siendo susceptibles N2, CF512 y CF1844 ($p < 0,05$). La sensibilidad mostró diferencias en el número de animales muertos, pero no fueron estadísticamente significativas entre las diluciones (10⁻²-10⁻⁴) y el control.

Detectamos limitaciones en la aplicabilidad del modelo, ya que *C. elegans* vía oral o percutánea fue susceptible a altas concentraciones de TeNT (25 µg/ml). Dada la susceptibilidad del modelo a la toxina, una vía alterna, como microinyecciones de TeNT a mayor dilución en *C. elegans*, podría ser una alternativa eficiente en la evaluación de la actividad biológica de la toxina en reemplazo de cobayos y ratones.

Keywords: *Clostridium tetani*, tetanospasmina, *Caenorhabditis elegans*, test de potencia, animales de laboratorio



Financing: Una salud: Detección de agentes infecciosos de alto impacto epidemiológico.
PICT BCIE Aplicados 2021 Categoría II-00139

Acknowledgments: Agradecemos al Dr Degregorio en los análisis estadísticos y la Mg Pereyra en el manejo del modelo. Algunas cepas fueron proporcionadas por el CGC, que está financiado por la Oficina de Programas de Infraestructura de Investigación del NIH (P40 OD010440).



Optimización de un protocolo para la obtención de vesículas extracelulares bacterianas desde *Limosilactobacillus fermentum* y *Helicobacter pylori*.

José Cancino¹, Hector Contreras², Felipe Zúñiga², Apolinaria García¹

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Bioquímica Clínica e inmunología, Farmacia, Concepción, Chile

Las vesículas extracelulares (EVs) bacterianas son estructuras nanoestructuradas implicadas en procesos de comunicación intercelular, modulación inmune y patogénesis. Su estudio ha cobrado relevancia en bacterias Gram-positivas como *Limosilactobacillus fermentum* por su rol equiparable a probióticos completos como beneficiosos para la salud humana y también en bacterias Gram-negativas como *Helicobacter pylori*, que infecta el revestimiento epitelial del estómago, y que es la principal causa de gastritis crónica y el principal factor de riesgo para el desarrollo del cáncer gástrico. En esta investigación se evaluó un protocolo optimizado para la obtención de EVs desde cultivos de ambas especies, empleando una estrategia combinada de ultrafiltración (UF) y cromatografía de exclusión por tamaño (SEC). Los cultivos bacterianos fueron procesados bajo condiciones controladas y estandarizadas para favorecer el rendimiento de partículas entre 30–200 nm. Las fracciones obtenidas se caracterizaron mediante técnicas de cuantificación proteica, análisis de tamaño por DLS, NTA y observación por microscopía electrónica de transmisión (TEM), lo cual permitió confirmar la presencia de EVs con morfología y distribución compatible con lo reportado para vesículas bacterianas. Los resultados preliminares muestran una adecuada separación de las EVs respecto a contaminantes solubles, y sugieren que la metodología SEC-UF constituye una alternativa reproducible, de bajo costo y eficaz para el aislamiento de EVs desde distintas bacterias de interés biomédico. Estos hallazgos contribuyen a estandarizar procesos de obtención de EVs bacterianas para su posterior aplicación en estudios funcionales y terapéuticos.

Keywords: Vesículas extracelulares, *Helicobacter pylori*, *Limosilactobacillus fermentum*, SEC, Ultrafiltración



Improving quality and functionality of plant-based cheese analogues made with pistachio, lupin and almond using a LAB co-culture fermentation

Inés M. Ramos Monge¹, M^a de los Llanos Palop Herreros², Justa M. Poveda Colado¹

(1) Universidad de Castilla-La Mancha, Departamento de Química Analítica y Tecnología de los Alimentos, Instituto Regional de Investigación Científica Aplicada (IRICA). Facultad de Ciencias y Tecnologías Químicas, Avda. Camilo José Cela, s/n, 13071 Ciudad Real, España

(2) Universidad de Castilla-La Mancha, Departamento de Química Analítica y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica, Avda. Carlos III s/n, 45071 Toledo, España

Growing concerns about health, environmental sustainability, and animal welfare are driving consumer demand for plant-based alternatives to traditional dairy products. Among these, cheese analogues represent a promising category, especially when formulated to offer both nutritional value and desirable sensory attributes. Fermentation with lactic acid bacteria (LAB) presents a promising approach, as LAB not only improve food safety and shelf life but also enhance texture, flavor development, and the generation of bioactive compounds such as postbiotics. LAB contribute to the production of compounds like gamma-aminobutyric acid (GABA), ornithine, and tryptophan, which are associated with physiological benefits including antihypertensive, antioxidant, and neuroprotective effects. Furthermore, the metabolic activity of LAB during fermentation can enrich the product's nutritional profile and modulate its organoleptic properties, making them essential tools in the development of functional, plant-based fermented foods.

This study aimed to evaluate the impact of a co-culture composed of *Levilactobacillus brevis* UCLM47, *Lactocaseibacillus paracasei* UCLM56, and *Leuconostoc mesenteroides* UCLM_Ln2—previously selected for their postbiotic and technological properties—on the quality and bioactivity of plant-based cheese analogues made from pistachio, lupin, and almond, in comparison with a commercial starter culture. Physicochemical parameters (water activity, dry extract, protein content, pH, and color), free amino acid (FAA) profiles by RP-HPLC, and descriptive sensory analysis were assessed over ripening time (90 days). Both formulations showed high protein content and similar dry matter and color values. Water activity decreased during storage, with a more notable reduction in co-culture samples. The co-culture cheese analogue also exhibited a superior FAA profile, with higher concentrations of bioactive (GABA, Orn and Trp) and essential (Lys, Leu and Trp) FAA. Sensory analysis highlighted more intense cheese and nut flavors in co-culture samples, with overall better acceptability.

In conclusion, the developed cheese analogues exhibited organoleptic characteristics comparable to traditional cheeses. The use of bacterial co-cultures significantly enhanced both nutritional and sensory properties, representing a sustainable and health-conscious strategy for producing high-quality plant-based cheese alternatives.



Keywords: Plant-based cheese analogues, Lactic acid bacteria, GABA, Postbiotic compounds, Sensory analysis.

Financing: This work is part of the research project SBPLY/23/180225/000026, funded by the European Union through the European Regional Development Fund (FEDER) and the Junta de Comunidades de Castilla-La Mancha, JCCM) under the INNOCAM initiative.



Selection of Lactic Acid Bacteria with probiotic potential to use in the manufacture of functional foods

Sara Rodríguez Sánchez¹, Cristina de los Reyes Ramos¹, Emma Burgos Ramos², Susana Seseña Prieto¹, M^a de los Llanos Palop Herreros¹

(1) University of Castilla – La Mancha, Analytical Chemistry and Food Technology Department, Environmental Science and Biochemistry, Campus Tecnológico de la Fábrica de Armas. Avda. Carlos III s/n, 45071 Toledo, Spain

(2) University of Castilla – La Mancha, Inorganic and Organic Chemistry and Biochemistry Department, Environmental Science and Biochemistry, Campus Tecnológico de la Fábrica de Armas. Avda. Carlos III s/n, 45071 Toledo, Spain

Current lifestyle changes, including improper nutrition, physical inactivity, and other unhealthy habits, are promoting an increase in the prevalence of non-infectious chronic diseases, such as diabetes, obesity and cardiovascular diseases, which are the leading causes of death worldwide [1, 2].

In order to address and reverse this critical situation, international health organisations have recommended implementing changes to dietary habits, including the incorporation of functional foods into the diet. These foods are defined as natural or processed foods that contain biologically active compounds, which have been shown to provide documented health benefits and/or may reduce the risk of non-infectious diseases by providing benefits in addition to the nutritional properties of the food itself [3].

The use of lactic acid bacteria (LAB) in the production of functional foods has gained popularity because of their beneficial properties. This study aimed to evaluate 12 LAB strains, belonging to *Lactiplantibacillus* (Lp.) *plantarum*, *Levilactobacillus* (Lv.) *brevis*, *Lactobacillus* (Lact.) *acidophilus*, *Lact. delbrueckii* and *Lacticaseibacillus* (Lc.) *paracasei* species, to determine their health-promoting properties and select the most suitable candidate to produce a synbiotic yogurt. The strains underwent assessment for their resistance to phenol, the capacity to remove cholesterol, the phenolic content, and the antioxidant, α -glucosidase inhibitory, and in vitro angiotensin-I-converting enzyme (ACE) inhibitory activities. Finally, the strains showing the best properties were assayed for their immunomodulatory properties, because it represents a promising approach for enhancing immunological responses to diseases, including infectious and inflammatory ones.

Lactobacillus acidophilus UCLM-104 exhibited noteworthy antioxidant and cholesterol-removal capabilities, while *Lc. paracasei* UCLM-41 demonstrated the highest phenolic content and the most effective outcomes in phenol resistance and in vitro angiotensin-converting enzyme (ACE) inhibition assays. Furthermore, both strains were found to reduce inflammation. These results suggest that they are promising probiotics, presenting interesting antioxidant, antidiabetic, antihypertensive and anti-inflammatory properties, and being even better than the commercial probiotic strains used as a control. Consequently, they are an excellent option for producing synbiotic yoghurts.



[1] Topolska K, Florkiewicz A, Filipiak-Florkiewicz A (2021). Int J Environ Res Public Health 18:5327. <https://doi.org/10.3390/ijerph18105327>

[2] World Health Organization (WHO) (2022).

[3] Gul K, Singh AK, Jabeen R (2016). Crit Rev Food Sci Nutr 56:2617–2627. <https://doi.org/10.1080/10408398.2014.903384>

Keywords: Functional foods, health benefits, lactic acid bacteria, synbiotics, immunomodulation

Acknowledgments: Sara Rodríguez-Sánchez was supported by a PhD Fellowship from the University of Castilla-La Mancha Research Plan (2019-PREDUCLM-10801). No funding was received for conducting this study.



Colonización por Enterobacterias Multirresistentes y Extensamente Resistentes a Fármacos en Niños Asintomáticos de Campamentos y Villas Urbanas en Chile: Asociaciones con Factores Sociodemográficos y Ambientales

Priscila Reyes¹, Javiera Vásquez², Sebastian Wolter-Salas¹, Carlos Alejandro Zelaya¹, Magdalena Palisson-Kramer², Natalia Pino¹, Isabel Huentemilla¹, Eduardo Undurraga², Pamela Thomson¹, Aiko Adell¹

(1) Universidad Andres Bello, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, República 440, Santiago, Chile, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Gobierno, Av. Vicuña Mackenna 4860, Macul, Santiago, Chile, Chile

Este estudio evalúa la colonización por Enterobacterias resistentes a antimicrobianos (AMR-E) en niños asintomáticos residentes en un asentamiento informal (campamento) y en un área de vivienda formal (villa) de Puente Alto, Santiago de Chile. METODOLOGÍA: Se recolectaron muestras fecales de 75 niños (37 del campamento y 38 de la villa) y se aplicaron encuestas domiciliarias para obtener datos sociodemográficos y ambientales. Las enterobacterias fueron aisladas en agar MacConkey suplementado con ciprofloxacino (CIP) y ceftazidima (CAZ). Las colonias con morfología fermentadora de lactosa fueron identificadas mediante MALDI-TOF. La susceptibilidad antimicrobiana se evaluó con el método de Kirby-Bauer, siguiendo estándares CLSI y EUCAST. Los datos se analizaron mediante estadística descriptiva, y modelos de Random Forest. La aprobación ética fue otorgada por la Universidad Andrés Bello. RESULTADOS: De las 75 muestras, el 36% (27/75) mostró crecimiento en placas suplementadas con CIP y/o CAZ, incluyendo 15 de campamento y 12 de la villa. Se recuperaron 63 aislados: 44 del campamento (69,8%) y 19 de la villa (30,2%). E. coli fue predominante (60/63), con dos K. oxytoca (campamento) y una C. freundii (villa). En el campamento, el 63,6% (28/44) de los aislados fueron multirresistentes (MDR), incluyendo uno extensamente resistente (XDR), una cepa resistente a carbapenémicos y 18 resistentes a cefalosporinas de tercera o cuarta generación. En la villa, el 94,7% (18/19) fueron MDR, dos XDR y 12 resistentes a cefalosporinas de tercera o cuarta generación. El análisis preliminar con Random Forest identificó la fuente de agua domiciliaria, el contacto con agua de río y las prácticas de desinfección alimentaria como predictores claves de colonización por AMR-E, con una precisión del 94,1%. CONCLUSIÓN: Se evidenció la presencia de fenotipos MDR y XDR en niños de ambos entornos, incluyendo una cepa de E. coli resistente a carbapenémicos y múltiples aislados resistentes a cefalosporinas de tercera o cuarta generación. Los sistemas deficientes de saneamiento y la exposición a agua de río contaminada resultaron ser predictores dominantes de la colonización por AMR-E, por lo que Fortalecer infraestructura de agua y saneamiento en áreas urbanas vulnerables son urgentes para reducir la exposición a AMR-E.

Keywords: Resistencia adquirida en la comunidad, Resistencia a cefalosporinas (3^a/4^a gen), β -lactamasa de espectro extendido (BLEE), Resistencia a carbapenémicos, Entornos urbanos de bajos recursos



Financing: Financiado por ANID Fondecyt 1221536 y 1242022

Acknowledgments: Agradecemos a las familias, colaboradores de encuestas y al colegio Novomar por su apoyo. Un especial agradecimiento a Fundación Patroncito y a los líderes comunitarios.



Del río Machángara a la genómica aplicada: estudio integral de fagos ecuatorianos frente a la resistencia antimicrobiana.

Dayra Valle², Fausto Cabezas^{2,3}, Estefania Tisalema^{1,4,5}, Antonella Nole¹, Katty Coral²

(1) Universidad Internacional SEK, Salud, Facultad Ciencias de la Salud, Carcelén, Quito, Ecuador

(2) Universidad Internacional SEK, Arquitectura e Ingenierías, Facultad de Arquitectura e Ingenierías, Carcelén, Quito, Ecuador

(3) Universidad Tecnológica Metropolitana, Programa de Doctorado en Informática Aplicada a Salud y Medio Ambiente, Escuela de Posgrado, Chile, Santiago, Chile

(4) Universidad San Sebastián, Doctorado en Inmunología y Microbiología, Facultad de Medicina y Ciencias, Santiago, Santiago, Chile

(5) Centro Científico y Tecnológico de Excelencia Ciencia & Vida, Santiago, Chile

Introducción: La resistencia antimicrobiana es una crisis global, con 10 millones de muertes anuales proyectadas para 2050. Los bacteriófagos resultan una alternativa terapéutica prometedora por su especificidad y acción lítica. Sin embargo, su caracterización genómica enfrenta retos técnicos derivados de la falta de ensambladores especializados y de la arquitectura modular y mosaica de los fagos. Este estudio propone un enfoque integrado para aislar y caracterizar genómicamente bacteriófagos activos contra patógenos multirresistentes. **Metodología:** Se recolectaron muestras del río Machángara (Quito, Ecuador) para aislar fagos mediante enriquecimiento contra *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) y *Enterococcus faecalis* resistente a vancomicina (VRE). La actividad lítica se evaluó con la técnica de gota y se cuantificó por técnica doble capa. Se determinaron los rangos de estabilidad en pH (3-12) y temperatura (-16 a 80 °C), así como características de cinética de infección: periodo de latencia, tamaño de ráfaga (burst size) y constante de adsorción. Para la caracterización genómica, se realizó secuenciamiento shotgun de ADN viral y se ensamblaron los genomas mediante un pipeline integrado que combina ensambladores; las "burbujas de fagos" se resolvieron con Phables para obtener secuencias completas y coherentes; finalmente, CheckV validó la integridad y ausencia de contaminación. **Resultados:** Se aislaron seis fagos líticos contra MRSA y VRE. Se identificaron *Staphylococcus phage* DV-333 (*Rosenblumvirus*) y *Staphylococcus phage* AN-333 (*Silviavirus*), potencialmente nuevas especies. DV-333 mostró estabilidad en pH 3-10 y -16 a 50 °C; periodo de latencia de 15 min; ráfaga de 30 UFP/célula. AN-333 toleró pH 3-12 y -16 a 80 °C, con ráfaga de 6 UFP/célula. Frente a VRE, se hallaron cuatro variantes genómicas de *Enterophage* ET32 (*Teetrevirus*) con 98 % de identidad entre sí y reorganizaciones modulares notables; todas estables en pH 3-12 y -16 a 80 °C. Se lograron genomas completos y libres de contaminación. **Conclusión:** Se estableció una colección de fagos específicos y un método bioinformático eficaz para ensamblar genomas fagos. Futuros estudios incluirán análisis filogenéticos comparativos, caracterización funcional detallada y evaluación de la diversidad genómica de fagos ambientales, así como ensayos in vitro e in vivo para evaluar la eficacia terapéutica y la seguridad.

Keywords: Bacteriofagos, Fagoterapia, *Enterococcus faecalis*, *Staphylococcus aureus*,



Resistencia Antimicrobiana

Financing: Esta investigación fue financiada por la Dirección de Investigación e Innovación de la Universidad Internacional SEK a través del Proyecto Junior P072425: "Evaluación de bacteriófagos como agentes terapéuticos frente a bacterias resistentes de interés clínico".

Acknowledgments: Agradecemos a la Dirección de Investigación e Innovación y a la Facultad de Arquitectura e Ingenierías de la Universidad Internacional SEK del Ecuador por su apoyo durante el desarrollo de este trabajo.



Estrategias biotecnológicas antimicrobianas frente a *Pseudomonas* spp

Genoveva Arques¹, Sonia Porta¹

(1) AINIA, Microbiología y Biotecnología Industrial, Paterna, España

Pseudomonas es un género de microorganismos conocido por su resistencia a múltiples antimicrobianos y su alta capacidad para formar biofilms, lo que las convierte en un desafío significativo en entornos industriales. Debido a la necesidad de la industria de frenar la contaminación por este género y su crecimiento en ciertos productos, en el marco de este proyecto se han desarrollado nuevos compuestos activos con actividad antimicrobiana frente a *Pseudomonas*, basados en bacteriófagos y endolisinas. Los bacteriófagos son virus que infectan y destruyen bacterias específicas, mientras que las endolisinas son enzimas producidas por bacteriófagos que degradan la pared celular bacteriana, causando la lisis de la bacteria. A partir del aislamiento y caracterización de las cepas objetivo de *Pseudomonas* en el ambiente de producción industrial, se aislaron y caracterizaron bacteriófagos y se determinó su eficacia y estabilidad en condiciones industriales. Además, se obtuvieron endolisinas mediante ingeniería genética y expresión en plataformas como *E.coli*, que se testaron in vitro para evaluar su capacidad de degradar la pared celular de *Pseudomonas* y su eficacia antimicrobiana. Se realizan pruebas para determinar la efectividad de los bacteriófagos y endolisinas en la inhibición del crecimiento de *Pseudomonas* en productos industriales mediante pruebas en condiciones reales de producción. La implementación de estas estrategias antimicrobianas biobasadas puede reducir significativamente la presencia de *Pseudomonas* en productos industriales, mejorando la seguridad y calidad de los productos. Además, el uso de bacteriófagos y endolisinas ofrece una alternativa sostenible y eficaz a los conservantes químicos tradicionales, contribuyendo a la reducción de la resistencia bacteriana. Este proyecto representa un avance importante en la lucha contra las bacterias resistentes en entornos industriales, proporcionando soluciones innovadoras y sostenibles para el control de *Pseudomonas*.

Keywords: *Pseudomonas*, bacteriófagos, endolisinas, industria química



Biosorción de Cromo(VI) usando membranas magnéticas de Quitosano/ Fe_3O_4 y estudio de su biodegradación con *Beauveria bassiana* y *Nomuraea rileyi*

Rene Pablo Manzano Villanueva¹, Jorge Antonio Salinas Hernández¹, Maria Guadalupe López Merino², Ricardo Munguía Pérez¹, Ulises Salazar Kuri³

(1) Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP) 72520, Puebla, México

(2) Universidad de Las Américas Puebla, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas, ExHacienda Sta. Catarina Mártir S/N, San Andrés Cholula, Puebla, México

(3) Instituto de Física "Ing. Luis Rivera Terrazas" BUAP, Física, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla 72570, Puebla, México

El cromo hexavalente (Cr(VI)), un potente carcinógeno, es uno de los metales pesados más peligrosos generados por la industria minera y textil, con graves impactos ambientales y en la salud. Este estudio desarrolló membranas magnéticas a base de quitosano (obtenido de desechos de cáscara de camarón) y nanopartículas de magnetita (Fe_3O_4), sintetizadas mediante el método solvotérmico mediado por TREG, para la remoción de Cr(VI) del agua. Los materiales fueron caracterizados por DRX, FTIR, UV-Vis, DLS y SEM-EDS, revelando nanopartículas cuasi-esféricas de ~10 nm, baja aglomeración y alta magnetización (65 emu/g). Las membranas con 4.8% p/p de Fe_3O_4 eliminaron hasta el 90% de Cr(VI) en 40 minutos, gracias a la distribución homogénea de sitios de biosorción en la matriz de quitosano. Los análisis mostraron que el Cr(VI) adsorbido se localizó exclusivamente en las zonas con nanopartículas de magnetita.

Posteriormente, las membranas cargadas con Cr(VI) fueron degradadas eficientemente por los hongos entomopatógenos *Beauveria* sp. y *Nomuraea* sp., completando el ciclo síntesis-biosorción-degradación en solo dos semanas. Este enfoque integrado no solo ofrece una solución sostenible para la remediación de aguas contaminadas, sino que también propone un modelo de economía circular, al utilizar residuos biológicos (caparazones de camarón) y biodegradación fúngica para minimizar desechos secundarios. Los resultados destacan el potencial de estos biocompuestos magnéticos combinados con biodegradación para aplicaciones en biorremediación y manejo de contaminantes industriales.

Keywords: Biorremediación, Biosorción, Hongos entomopatógenos, Magnetita, Quitosano

Financing: Benemérita Universidad Autónoma de Puebla

Acknowledgments: D.C. Ricardo Munguía Pérez D.C. Ulises Salazar Kuri



Determinación de la actividad citotóxica de Parasporinas de *Bacillus thuringiensis*, obtenidas a partir de Mpp46Aa1, empleando una metodología de mutagénesis sitio-dirigida.

Natalia Andrea Bravo Granados¹, Lydia Visser³, Nohora Juliana Rueda Forero², Miguel Orlando Suárez Barrera²

(1) Universidad de Santander UDES, Maestría en Biotecnología, Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Calle 70 # 55 - 210, Bucaramanga, Colombia

(2) Universidad de Santander UDES, Instituto de Investigación MASIRA, Facultad de Ciencias Médicas y de la salud, Calle 70 # 55 - 210, Bucaramanga, Colombia

(3) University of Groningen, Department of Pathology and Medical Biology, Medical Center Groningen, Broerstraat 5, 9712 CP Groningen, Groningen, The Netherlands

Los efectos adversos asociados a los tratamientos oncológicos convencionales han impulsado el desarrollo de terapias más selectivas. En este contexto, las parasporinas producidas por *Bacillus thuringiensis* han emergido como proteínas con potencial terapéutico, debido a su capacidad para inducir citotoxicidad específica en células tumorales sin afectar células normales. En estudios previos, se identificó que la variante N65 de la parasporina Mpp46Aa1, generada mediante mutagénesis sitio-dirigida, presenta mayor actividad citotóxica que la proteína nativa. Esta mejora se atribuye a tres sustituciones específicas en su secuencia de aminoácidos. Para identificar la(s) mutación(es) responsables del aumento en la actividad biológica, se realizaron reversiones individuales de cada una de las sustituciones presentes en N65. Se diseñaron cebadores específicos para cada sitio y se utilizó el sistema GeneArt™ Site-Directed Mutagenesis System (Invitrogen™). Las construcciones generadas fueron transformadas en *Escherichia coli* JM109 y los plásmidos purificados fueron secuenciados (Macrogen®). El análisis de las secuencias mediante el software Geneious confirmó la reversión precisa de cada mutación, sin introducir cambios adicionales, lo que validó la fidelidad del sistema de mutagénesis. La obtención exitosa de las variantes de reversión representa un avance clave en la identificación futura de los determinantes estructurales responsables del incremento en la actividad citotóxica de la N65. Permitiendo el avance a los ensayos funcionales que cuantificaran el efecto individual de cada mutación.

Keywords: Cáncer Colorrectal; *Bacillus thuringiensis*; Parasporinas; Mutagénesis sitio-dirigida.

Financing: Avance en el desarrollo de alternativas preventivas y terapéuticas basadas en nanobioconjugados para el tratamiento del cáncer colorrectal en Colombia. NanoBioCancer 2.0 GAT 2.0. Universidad de Santander UDES

Acknowledgments: Avance en el desarrollo de alternativas preventivas y terapéuticas basadas en nanobioconjugados para el tratamiento del cáncer colorrectal en Colombia. NanoBioCancer 2.0 GAT 2.0. Universidad de Santander UDES Grupo de Investigación: Biología Molecular y Biotecnología; Semillero de investigación: NOVACIENCIA



IMPACTO DEL RECuento DE CÉLULAS SOMÁTICAS EN LA MICROBIOTA LÁCTICA Y LA CALIDAD TECNOLÓGICA DEL QUESO MOZZARELLA

Karyne Oliveira Coelho¹, Lana Rouse Meneses Belizário¹, Anna Julia Matos Caetano^{1,2}, Allan Afonso Passos²

(1) Universidade Estadual de Goiás, Medicina Veterinária, Faculdade, Rua da Saudade nº56, São Luís de Montes Belos, Brasil

(2) Serviço Nacional de Aprendizagem Rural, Alimentos, Rua 87 nº662, Agroindustria, Goiânia, Brasil

La producción de queso mozzarella depende de la actividad de bacterias ácido-lácticas (BAL), esenciales para la fermentación, acidificación y desarrollo de las características sensoriales del producto. La calidad de la leche, especialmente el recuento de células somáticas (RCS), puede afectar la viabilidad de estas bacterias y las propiedades tecnológicas del queso. Este estudio evaluó el efecto del RCS de la leche sobre la viabilidad de la cultura láctica y las características de la masa de mozzarella. Se utilizó una cultura láctica termofílica homofermentativa, compuesta por cepas de *Streptococcus thermophilus* y *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*, presentada en polvo fino y homogéneo, dentro del plazo de validez. El tiempo de fermentación recomendado por el fabricante para esta cultura variaba entre 15 y 20 horas, considerándose una fermentación lenta, y se aplicó en leches con RCS de 100.000 y 400.000 células/mL. El diseño experimental fue en bloques completamente al azar, con cinco repeticiones, y los datos se analizaron mediante ANOVA y prueba de Tukey ($p < 0,05$). Los resultados mostraron que el tiempo medio de fermentación fue mayor en la leche con RCS elevado (16,1 horas) en comparación con la leche con RCS bajo (14,8 horas). Además, la leche con RCS de 400.000 células/mL presentó una reducción de 0,5 log UFC/g en la población inicial de BAL. Este aumento en el RCS provocó un incremento promedio del 8 % en el tiempo de coagulación y fermentación, así como una mayor pérdida de sólidos en el suero. También se observaron impactos negativos significativos en las propiedades tecnológicas de la masa, incluyendo menor elasticidad, formación deficiente de burbujas, menor homogeneidad y menor retención de humedad durante y después del estirado. Estos resultados indican que el RCS afecta directamente la fermentación bacteriana y la calidad final del queso mozzarella, subrayando la importancia de un control estricto del RCS en la leche para obtener productos con mejores características y mayor aceptación en el mercado.

Keywords: Bacterias ácido-lácticas, Calidad, Fermentación láctica, Queso filado



Selection of wild sourdough yeasts for reliable fermentation in whole-grain dough

Ana Briones Pérez¹, Lucía Blanco Vicente¹, María Consuelo Díaz-Maroto¹, Beatriz García-Béjar¹

(1) University of Castilla La Mancha, Food Science and Technology, Faculty of Sciences and Chemical Technologies, Edificio Marie Curie, Ciudad Real, Spain

Spontaneous sourdough fermentation involves a complex microbial ecosystem, primarily comprising lactic acid bacteria and yeasts among other microbial groups. Both significantly influence the sensory and functional properties of the final product. In this aspect, biotechnological characterization of sourdough yeasts could enable their use as starter cultures in various fermentation processes, both artisanal and industrial.

This study aimed to evaluate wild *Saccharomyces* and non-*Saccharomyces* yeast strains isolated from whole wheat sourdough, focusing on their fermentation behavior and their impact on the technological properties of the bread doughs.

Three yeast strains were assessed: *Saccharomyces cerevisiae* UCLM 1976, *Wickerhamomyces anomalus* UCLM 1924 and *Kazachstania unispora* UCLM 1940. A total of five fermentation trials were performed using pure and mixed cultures. Moreover, two inoculation strategies were tested: co-inoculation and sequential inoculation (0 and 24 h).

Fermentations were carried out in triplicate for 72 hours. Every 24 hours, pH, total titratable acidity (TTA) and microbial population (CFU/g) were quantified. Additionally, the leavening capacity was measured based on the increase in dough volume (cc) and the volatile compounds generated during fermentation process (GC-MS) were also analyzed.

Through fermentation, sourdoughs showed variations in pH and TTA due to the differential organic acids production. However, these changes did not significantly affect the viability or growth of the inoculated yeast strains. *S. cerevisiae* demonstrated the best fermentation performance achieving the highest cell counts and greatest leavening capacity in pure culture. In contrast, the doughs fermented with mixed cultures and sequential inoculation resulted in lower performance. *W. anomalus* showed improved growth under co-inoculation technique, while sequential inoculation favored the development of *K. unispora*.

A total of 14 volatile compounds were identified in the doughs studied. Although analysis of variance revealed no statistically significant differences among the trials, high levels of higher alcohols (1-hexanol and 3-methyl-1-butanol) were observed in doughs fermented with *S. cerevisiae*. Esters such as ethyl hexanoate and ethyl octanoate were also found in high concentrations, while ethyl nonanoate was detected especially in fermentations involving *S. cerevisiae* + *W. anomalus*.

Keywords: wild yeasts, wholegrain flours, sourdough, *Saccharomyces*, Non-*Saccharomyces*



Diversity and prevalence of third-generation cephalosporin-resistant Gram-negative bacilli in healthy dogs from southern Chile: a preliminary approach of One Health surveillance

Marcela Villegas^{1,2}, Eniger Fernandez^{1,4}, Javiera Concha³, Matias Cancino^{1,4}, Nathalia Dias³, Mónica Pavez¹

(1) Universidad de La Frontera, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional (CEMT), Facultad de Medicina, Avenida Alemania 0458, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Av. Las Encinas 895, Temuco, Chile

(3) Universidad de La Frontera, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Unidad de Proteómica y Metabolómica, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(4) Universidad de La Frontera, Carrera de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Avenida Las Encinas 895, Temuco, Chile

Antimicrobial resistance mediated by extended-spectrum β -lactamase (ESBL)-producing bacteria represents a global threat, with third-generation cephalosporin-resistant (C3GR) Gram-negative bacteria reported in humans and animals, where they act as reservoirs and potential vectors. Within the One Health framework, this study assessed the diversity and prevalence of C3GR bacteria in healthy dogs and the risk factors associated with colonization in the Araucanía region in southern Chile.

A cross-sectional study was conducted between March and July 2025 in dogs from four communes of the Araucanía Region: Lautaro, Temuco, Padre Las Casas, and Nueva Imperial. Dog owners completed a questionnaire regarding household characteristics, pet habits, and environmental factors. Rectal swabs were collected, enriched, and cultured on MacConkey agar supplemented with cefotaxime (2 $\mu\text{g/mL}$), and bacterial identification was performed using MALDI-TOF. Statistical associations were analyzed using χ^2 tests and odds ratios (OR, 95% CI), with significance defined as $p < 0.05$.

Among 495 dogs, C3GR colonization prevalence was 19.5%, with higher rates in Nueva Imperial (27.5%) and Temuco (22.3%). Identified species included *E. coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *P. taetrolens*, *P. brassicacearum*, *P. fragii*, *P. koreensis*, *Citrobacter braaki*, *C. freundii*, *Klebsiella pneumoniae*, *K. aerogenes*, *Enterobacter hormaechei*, *Hafnia alvei*, *Salmonella* spp., and *E. ludwigii*.

Risk factors for colonization were owners employed in healthcare (OR=2.65; 95% CI: 1.83–4.4), pets of unknown origin (OR=2.04; 95% CI: 1.30–3.22), and age > 2 years (OR=2.46; 95% CI: 1.44–4.22). Protective factors included living indoors (OR=0.27; 95% CI: 0.17–0.44), close interaction with owners (OR=0.51; 95% CI: 0.32–0.76), and neutering (OR=0.56; 95% CI: 0.33–1.95).

Healthy domestic dogs harbor third-generation cephalosporin-resistant Enterobacteriaceae at prevalence rates consistent with those reported internationally (10–40%). C3GR strain diversity in dogs encompassed Enterobacteriaceae and



Pseudomonas spp., indicating their role as reservoirs and possible sources of resistance dissemination. Some of these bacteria have also been detected in community-acquired human infections. The human–animal interface, particularly when owners work in healthcare, and environmental exposure appear to be key factors for canine carriage of C3GR bacteria. The presence of C3GR in dogs represents a potential public health concern, underscoring the need for a One Health approach that encompasses humans, animals, and the environment to effectively prevent and mitigate antimicrobial resistance (AMR).

Keywords: One Health, Antimicrobial resistance, Companion animals, Risk factors, C3GR bacteria

Financing: DIUFR024-0078ANID National PhD Scholarship PhD Program in Sciences with a specialization in Applied Cellular and Molecular Biology, Universidad de La Frontera, Chile.

Acknowledgments: Municipality of Temuco; Municipality of Lautaro, Fauna Veterinary Clinic, Aneley Veterinary Clinic, La Aurora Veterinary Clinic and Maquehue Veterinary Medical Center.



Enhancement of enzymatic hydrolysis of sugarcane bagasse cellulignin using yeast-derived biosurfactants and cavitated soybean protein

Silvio Silverio da Silva¹, Alain Mera¹, Felipe Antonio Fernandes Antunes¹, Júlio César dos Santos¹

(1) University of São Paulo, Biotechnology, Lorena School of Engineering, Estrada municipal do campinho s.n., Lorena, Brasil

This study evaluated the effect of cavitated soybean protein (SBP), a lactic biosurfactant produced by *Starmerella bombicola* yeast, and enzyme loading on the enzymatic hydrolysis of sugarcane bagasse-derived cellulignin. A Central Composite Design (CCD) was employed to test various combinations of these variables and optimize sugar release. Cavitated SBP was produced through hydrodynamic cavitation, a physical process that enhances protein solubility (44.4% in 10 minutes) and improves dispersion. Cavitated soybean protein and enzyme loading had a significant positive effect on glucose ($p = 0.0003$; Adj. $R^2 = 0.8389$) and xylose yields ($p = 0.0064$; Adj. $R^2 = 0.6470$), as confirmed by a linear regression model.

Subsequently, a 128-hour assay was conducted to compare cavitated soybean protein and non-cavitated soybean protein (in powder form) regarding glucose and xylose production from cellulignin (Figures 1 and 2). The addition of cavitated SBP significantly enhanced sugar release, especially between 24 and 48 hours. Compared to the control, glucose yield increased by 27.6% at 24 hours and by 32.3% at 48 hours when both SBP and biosurfactant were applied. The greatest enhancement was observed for xylose, which increased by up to 28.1% at 48 hours. These improvements are attributed to the ability of cavitated SBP to reduce non-productive enzyme binding to lignin by modifying surface interactions and improving enzyme accessibility. The biosurfactant contributed by decreasing surface tension and promoting greater contact between enzymes and the biomass. Together, these additives created a more favorable reaction environment, enhancing the efficiency of hydrolysis and potentially reducing enzyme consumption.

Keywords: Cavitated protein, Biosurfactant, Yeast, Enzymatic hydrolysis, Cellulignin

Financing: This research was supported by Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP – Grant 2023/09789-8), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Acknowledgments: This research was supported by Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP – Grant 2023/09789-8), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).



SENSIBILIDAD A FOSFOMICINA EN *Pseudomonas aeruginosa* PRODUCTORAS DE METALO-BETALACTAMASAS AISLADAS DE PACIENTES HOSPITALIZADOS, EN UN HOSPITAL PÚBLICO DE LIMA-PERÚ.

Boris Gargate Loli^{1,3}, Roky Giovanni Champi Merino^{1,2}, Roberto Eugenio Rojas León³

(1) Hospital Nacional Hipólito Unanue, Patología Clínica y Anatomía Patológica, Servicio de Microbiología, Inmunología y Biología molecular, Av. César Vallejo 1390, El Agustino, Lima, Perú

(2) Universidad Peruana Unión, E.P. Tecnología Médica, Ciencias de la Salud, Km 19 Carretera Central, Ñaña, Lurigancho, Lima, Perú

(3) Universidad Nacional Federico Villarreal, E.A.P. Laboratorio Clínico y Anat. Patológica, Tecnología Médica, Jr. Río Chepen 290, El Agustino, Lima, Perú

La resistencia a los carbapenémicos limita las opciones de tratamiento de infecciones causadas por bacterias multiresistentes como *Pseudomonas aeruginosa*, principalmente en instituciones hospitalarias del Perú. El objetivo del estudio fue determinar la sensibilidad a fosfomicina en cepas de *Pseudomonas aeruginosa* productoras de metalo-betalactamasas (MBL), aisladas de pacientes hospitalizados en un Hospital de tercer nivel, Lima-Perú, durante el año 2021. Se trató de un estudio observacional, descriptivo, retrospectivo y transversal. El aislamiento e identificación de género y especie de *P. aeruginosa* fue realizado a partir de muestras clínicas por métodos convencionales. La detección de MBL en los aislamientos clínicos se realizó mediante métodos fenotípicos enzimáticos como la prueba de inactivación de carbapenemasas modificada (mCIM) y su variante con EDTA (eCIM), además de la sinergia por aproximación de discos con EDTA. La sensibilidad a fosfomicina se determinó por el método de dilución en agar (64, 128 y 256 µg/ml). Los datos clínico-microbiológicos fueron registrados en el software WHONET y analizados mediante estadística descriptiva. De un total de 83 aislamientos de *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos, se identificaron 34 cepas productoras de MBL (40,9%). El 63,6% de los pacientes eran varones, con una edad media de $50,4 \pm 18,4$ años. Los aislamientos procedieron principalmente de los servicios de cirugía de especialidades (36,4%), cirugía torácica (18,2%) y medicina interna (18,2%). Las muestras más frecuentes fueron de origen respiratorio y urinario. El 32,4% (11/34) de las cepas productoras de MBL mostraron sensibilidad a fosfomicina. Los hallazgos evidencian una proporción relevante de cepas sensibles a fosfomicina entre *P. aeruginosa* productora de MBL, lo que sugiere una posible alternativa terapéutica frente a infecciones causadas por bacterias multiresistentes, en instituciones hospitalarias del Perú con alta carga de resistencia a los antimicrobianos, sobre todo a los de última línea como los carbapenémicos.

Keywords: carbapenemasas, fosfomicina., *Pseudomonas aeruginosa*, metalo-carbapenemasas

Financing: AUTOFINANCIADO

Acknowledgments: Al personal profesional y Técnico del Servicio de Microbiología, Inmunología y Biología molecular del Hospital Nacional Hipólito Unanue.



Herramientas ómicas para explorar el microbioma de planta y suelo de páramo altoandino y sus aplicaciones biotecnológicas

Jennifer Mesa-Marin¹, Benito Mendoza³, Ana Cunachi⁴, Ignacio David Rodríguez-Llorente¹, Salvadora Navarro-Torre¹, Eloísa Pajuelo¹, Noris Jarnely Flores-Duarte¹, Karina Inés Paredes-Páliz²

(1) Universidad de Sevilla, Dpto Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Calle Profesor García González 2, Sevilla, España

(2) Universidad Nacional de Chimborazo, Facultad de Ciencias de la Salud, 060108, Riobamba, Ecuador

(3) Universidad Nacional de Chimborazo, Facultad de Ingeniería, 060108, Riobamba, Ecuador

(4) Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, Facultad de Recursos Naturales, Panamericana Sur km 11/2, Riobamba, Ecuador

Presentamos un proyecto recientemente concedido, para el desarrollo del cual se ha establecido una colaboración entre universidades de España y Ecuador. En él, pretendemos estudiar la estructura y funcionalidad del microbioma de suelo y plantas en un ecosistema tan importante como es el de páramo y, en concreto, el de Los Andes ecuatorianos, hasta ahora microbiológicamente inexplorado. Los objetivos del proyecto consisten en, por un lado, estudiar la dinámica de comunidades microbianas a través de las estaciones climáticas. Por otro, en la búsqueda de microorganismos con bioactividad interesante para aplicaciones transferibles al mercado, como por ejemplo, propiedades promotoras del crecimiento vegetal para biofertilizantes, actividades antibióticas, líticas, etc., para uso sanitario, entre otras. Para ello, se emplearían herramientas ómicas que permitirán un primer barrido de actividades, seguido del aislamiento dirigido de microorganismos cultivables de interés. Se espera establecer colaboraciones para llevar a cabo análisis ómicos que puedan aportar la mayor información posible. Además, el proyecto pretende contribuir a la descripción del microbioma de ecosistemas de Latinoamérica, tan diverso y con un gran potencial de exploración. Se espera además la sensibilización de la ciudadanía sobre la protección de ecosistemas tan valiosos como el páramo y la visibilización de la naturaleza como fuente de recursos para la solución de problemas actuales, promoviendo el desarrollo de estrategias sostenibles.

Keywords: Ecuador, Fitomicrobioma, Shotgun, Metagenómica

Financing: Proyecto 2024/00000812 cofinanciado por la UE - Ministerio de Hacienda y Función Pública - Fondos Europeos - Junta de Andalucía - Consejería de Universidad, Investigación e Innovación



Análisis del genoma de *Bacillus subtilis* que revela los posibles mecanismos para la remediación del cromo

Andrea Carolina Huertas Gerena¹, Patricia Landázuri¹, Nelsy Loango Chamorro¹

(1) Universidad del Quindío, Facultad de Ciencias de la Salud, Quindío, Colombia.

El cromo es uno de los metales pesados más tóxicos y se utiliza ampliamente en diversas industrias, como la galvanoplastia, curtido de pieles, producción de pigmentos y manufactura de aceros. En el ambiente, puede encontrarse en varios estados de oxidación, siendo las formas trivalente (Cr(III)) y hexavalente (Cr(VI)) las más estables. Cr(VI) se distingue por su elevada solubilidad en agua, su movilidad en medios acuosos y su capacidad para atravesar las membranas celulares, lo que lo convierte en una forma altamente tóxica y carcinogénica.

Frente a esta problemática ambiental, la biorremediación se presenta como una estrategia sustentable y eficiente. En este estudio, se evaluó el potencial biorremediador de *Bacillus subtilis*, una bacteria aislada de aguas residuales contaminadas con cromo. Esta cepa mostró una notable capacidad de tolerancia, adaptándose y proliferando en concentraciones de hasta 600 mg/L de Cr(VI) bajo condiciones aeróbicas. Asimismo, logró reducir hasta el 96 % del cromo hexavalente en un periodo de 24 horas.

Para comprender los mecanismos moleculares implicados en este proceso, se llevó a cabo la caracterización genómica del aislado. El genoma completo fue secuenciado mediante tecnología Illumina, obteniéndose una secuencia con un total de 4.448 genes codificantes de proteínas. Posteriormente, se realizó un análisis de genómica comparativa con cepas filogenéticamente relacionadas, lo que permitió identificar genes asociados a rutas de resistencia, transporte y transformación del cromo, tales como *chrA*, *chrB* y *chrS*, implicados en el eflujo, regulación y reducción enzimática de Cr(VI), respectivamente.

Los resultados obtenidos proporcionan evidencia funcional del potencial de *B. subtilis* como herramienta biotecnológica para la remediación de ambientes contaminados con cromo. Además, sientan las bases para futuras aplicaciones en procesos de biorremediación asistida y optimización de consorcios microbianos.

Keywords: Cromo, *Bacillus subtilis*, metabolismo cromo, genoma

Financing: Este proyecto fue financiado por el Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación mediante las becas doctorales de la convocatoria 22, con el apoyo institucional de la Universidad del Quindío y el grupo de investigación GECAVYME.

Acknowledgments: Agradezco a la Universidad del Quindío, a la Facultad de Ciencias de la Salud y al grupo GECAVYME, especialmente a las doctoras Patricia Landázuri y Nelsy Loango Chamorro. A mi familia, por su apoyo incondicional y constante aliento.



Evaluación de la actividad antimicrobiana del aceite esencial de *Rhus trilobata* Nutt. en cepas bacterianas multirresistentes

Alejandro Ivan Solís Rentería¹, Miguel Angel Ares Jiménez², Blanca Estela Sánchez Ramírez¹, Zilia Yanira Muñoz Ramírez¹, María Carmen Elizabeth Delgado Gardea¹, María del Rosario Peralta Perez¹

(1) Universidad Autónoma de Chihuahua, Biotecnología, Facultad de Ciencias Químicas, Circuito Universitario #1, 31125, Chihuahua, México

(2) Centro Médico Nacional Siglo XXI - IMSS, Unidad de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Hospital de Pediatría, Doctores, Cuauhtémoc, 06720, Ciudad de México, México

El aumento de la resistencia a antibióticos es un problema de salud pública especialmente por el grupo SKAPE (*Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter* spp). Esto lleva a la búsqueda de compuestos con actividad antimicrobiana; las plantas medicinales son una fuente rica en compuestos activos. *Rhus trilobata* es una planta del noroeste de México, cuenta con reportes previos de actividad antineoplásica y antiinflamatoria. Se ha reportado que constituyentes de aceites esenciales de plantas medicinales presentan actividad antimicrobiana. El objetivo del presente proyecto es caracterizar y evaluar la actividad antimicrobiana del aceite esencial de *Rhus trilobata* (AERHTR). El AERHTR se obtuvo por hidrodestilación y se caracterizó por cromatografía en capa fina (TLC). Los compuestos se aislaron de la sílica y se evaluó la sensibilidad de estos en cepas clínicas de *P. aeruginosa* y *A. baumannii* para determinar la concentración mínima inhibitoria (CMI) del AERHTR y el potencial sinérgico con penicilina (PEN) comercial. Los cambios en la morfología microscópica debidos al AERHTR se evaluaron mediante microscopía electrónica de barrido (SEM). Los resultados de TLC mostraron 7 bandas diferentes en el patrón cromatográfico del AERHTR: la banda 4 y 5 presentaron un índice de retención (iRT) de 8.5 y 8.7 mm, cercano al del D-limoneno (iRT= 8.3 mm) usado como estándar. Todas las cepas tratadas presentaron sensibilidad a la banda 4 con halos de inhibición de 20 mm para *P. aeruginosa* y de 15 mm para *A. baumannii*. Por su parte, la CMI del AERHTR fue de 2mg/mL para todas las cepas y la combinación de AERHTR/PEN 0.5/0.5 mg/mL resultó en sensibilidad al antibiótico. La morfología bacteriana mostró alteraciones en la superficie bacteriana y un aumento significativo de la longitud celular de 3.85 ± 1.65 mm y 3.27 ± 1.26 mm para *P. aeruginosa* y *A. baumannii*, respectivamente. Estos resultados demuestran que constituyentes del AERHTR tienen actividad antimicrobiana y que alguno de sus componentes puede interferir con los mecanismos de resistencia a la PEN, los cuales pueden estar relacionados con la alteración de la pared celular.

Keywords: Antimicrobianos, Multirresistencia, Aceites Esenciales, *Rhus trilobata*

Financing: El autor recibió beca del Consejo Nacional de Ciencias y Tecnología (CONACyT No. de registro 969338).

Acknowledgments: El presente proyecto se realizó en colaboración con el Centro de Investigación de Materiales Avanzados SC. (CIMAV), y la Asesoría de la Unidad de Investigación en Enfermedades Infecciosas del Hospital de Pediatría, Centro Médico Nacional Siglo XXI - IMSS.



IDENTIFICACIÓN DE GENES DE VIRULENCIA DE *Staphylococcus aureus* EN MUESTRAS NASALES DE ESTUDIANTES DE ODONTOLOGÍA

Sandra Elena Hernández-Solís^{1,2}, Esperanza Mercedes Lama-González^{1,2}, Florencio Rueda-Gordillo^{1,2}

(1) Universidad Autónoma de Yucatán, Departamento de Microbiología Oral y Biología Molecular, Facultad de Odontología, Calle 61-A No. 492A x Av. Itzáes, Mérida, México

(2) Cuerpo Académico de Microbiología, Patología y Biología Molecular Odontológica

Introducción: Las cepas de *Staphylococcus aureus* pueden colonizar las fosas nasales de portadores asintomáticos y propagar infecciones graves, esto a través de sus factores de virulencia. Durante la práctica clínica existe el riesgo de transmisión de *S. aureus* resistente a la metilicina (MRSA), dificultando las opciones de tratamiento. Los estudios para determinar su prevalencia en el personal odontológico son escasos.

Objetivo: Identificar los genes de virulencia relacionados con la adhesión celular, citotoxicidad y resistencia a la metilicina en cepas de *S. aureus* aisladas de la cavidad nasal de estudiantes de la Facultad de Odontología de la Universidad Autónoma de Yucatán (FOUADY).

Metodología: Se realizó una muestra aleatoria estratificada representativa de estudiantes de la FOUADY. Se analizaron 220 muestras nasales, 161 (73.2%) de alumnos con práctica clínica y 59 (26.8%) sin práctica clínica. *S. aureus* se identificó por métodos bioquímicos, y PCR punto final, empleando oligonucleótidos específicos para género (16sRna) y especie (nuc). Asimismo, se emplearon oligonucleótidos para los genes de virulencia de resistencia a la metilicina (mecA), unión a la fibronectina (FnbA y FnbB) y liberación de la α -hemolisina (hla).

Resultados: Se encontró una prevalencia de *S. aureus* del 19.1% (42/220) y del 10.5% (23/220) para portadores de MRSA. El 19.2% (31/161) de alumnos con práctica clínica fueron portadores y el 18.6% (11/59) de alumnos sin práctica clínica fueron portadores de *S. aureus* ($p > 0.05$). 85.7% (36/42) de las muestras de *S. aureus* presentaron el gen hla. Los genes FnbA y FnbB fueron aislados 30.9% (13/42) y 50.0% (21/42) respectivamente.

Discusión: La tasa de colonización nasal por *S. aureus* (19.1%) fue menor que lo reportado en otros estudios (23–31%). La frecuencia de MRSA fue similar a la hallada por otros autores (~9.7%). La presencia de hla fue alta, aunque ligeramente menor que en otros estudios. En cambio, la frecuencia de FnbA fue significativamente menor a la reportada por otros autores, mientras que FnbB se mantuvo dentro de un rango comparable.

Conclusiones: *S. aureus* y sus diversos factores de virulencia se encuentran colonizando a los estudiantes de la FOUADY, tanto a alumnos con y sin práctica clínica.

Keywords: *S. aureus*, MRSA, nasal, portadores, Odontología

Financing: Programa de Apoyo e Impulso a la Investigación de la Facultad de Odontología (PAIIFO)



“Gene of no ortodoxe multisensor histidine kinase is involved in motility type swarming and swimming in the rhizobacterium *Azospirillum baldaniorum* Sp245”

Uriel Cardona-Baltazar¹, Ma. Luisa Xiqui- Vazquez¹, Alberto Ramirez-MAta¹, Beatriz E. Baca¹, Sandra R. Reyes-Carmona¹

(1) Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Edif IC11 Ciudad Universitaria, Col. San Manuel Puebla Pue, Puebla, México

Azospirillum is an alphaproteobacterium that lives in the rhizosphere of many crops and is widely used as a biofertilizer. To establish a successful and prolonged bacteria-plant interaction, *A. baldaniorum* can form biofilms, bacterial communities embedded in a self-made matrix formed by extracellular polymeric substances which provide favorable conditions for survival. These mechanisms can be regulated by a signal transduction systems mediated by two-component systems (TCS).

These systems are one of the primary ways bacteria sense and adapt to changing environmental conditions. Two-component signal transduction systems typically involve a membrane-bound histidine kinase (HK) that senses stimuli, autophosphorylates in the transmitter region and then, transfers the phosphoryl group to receiver domain of a cytoplasmic response regulator that mediates appropriate changes in bacterial physiology. In this study, we obtained the *A. baldaniorum* Sp245 mutant for the *hkhC* gene ($\Delta hkhC::KmR$), that encodes for non-orthodox histidine kinase of TCS. Inactivation of this gene affected bacterial motility, but not biofilm formation, in NFB medium and NFB* + KNO₃. The $\Delta hkhC::KmR$ mutant exhibited decreased mobility in the swimming type when malate and proline were added to the medium, but not when lactate was added as the only source of carbon.

Restoring the *hkhC* gene led to the recovery of motility phenotypes. The results suggest that the HKHC gene modulates the motility of *A. baldaniorum* Sp245.

Keywords: Two component systems, Histidine kinase, *Azospirillum baldaniorum* Sp245

Financing: Authors thank to Vicerrectoría de Investigación y Estudios de Posgrado (VIEP) and Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), for financial support and UCB is a scholarship of SECIHTI



Herramientas para la aplicación de maquillaje como reservorios de *Staphylococcus* y *Enterobacterias*

Melanie Paola Carrillo Beltrán¹, Karla Michel Olea Lopez¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Calz de las Americas Nte 2771. cd universitaria, burócrata, 80030, Culiacán Rosales, Sin, México

Introducción: Las herramientas de maquillaje, como brochas, esponjas y aplicadores, son esenciales en la rutina de belleza diaria. Sin embargo, el uso frecuente, la exposición a la humedad y la deficiente higiene puede favorecer un ambiente propicio para el crecimiento de microbios que representen peligros para la salud dermatológica, especialmente si se utilizan en áreas como ojos, labios o heridas abiertas. **Objetivo:** Evaluar la presencia y niveles de contaminación de *Staphylococcus* y *Enterobacterias* en herramientas de maquillaje. **Metodología:** Se analizaron 18 muestras distribuidas entre brochas ($n = 9$) y esponjas ($n = 9$) de diferentes usuarios, y se evaluó la calidad microbiológica mediante la cuantificación (Log UFC/mL) de *Staphylococcus* y *Enterobacterias* en agares selectivos. **Resultados:** El 94.4 % (17/18) de las muestras presentaron contaminación por *Staphylococcus* (94.4 %) y *Enterobacterias* (22.2 %). El análisis estadístico mostró que el tipo de aplicador de maquillaje es un indicador del nivel de contaminación fecal ($P = 0.045$), ya que las esponjas muestran niveles de contaminación hasta de 5.1 Log UFC/mL. No obstante, el tipo de aplicador de maquillaje no influyó la concentración de *Staphylococcus* en las muestras ($P = 0.619$). La correlación de la contaminación de las herramientas con ambas bacterias fue descartada ($r = 0.238$, $P = 0.162$). El 53 % (9/17) de los aislados de *Staphylococcus* mostraron b-hemólisis positiva. **Conclusión:** La evaluación microbiológica de herramientas de maquillaje evidenció la presencia de microorganismos patógenos, incluyendo *Staphylococcus* y *Enterobacterias*. Estos hallazgos subrayan la importancia de mantener prácticas de higiene rigurosas en el uso y mantenimiento de estos utensilios para prevenir posibles infecciones cutáneas y otras complicaciones de salud.

Keywords: maquillajes, contaminación, *staphylococcus*, *enterobacterias*, higiene

Financing: sin financiamiento

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico (LIDIM) de la Universidad Autónoma de Sinaloa.



Distribución de Enterobacteriales Productoras de Betalactamasas de Espectro Extendido y Carbapenemasas en un Hospital de Loja-Ecuador

Emerson Maldonado Guerrero¹, Sofía Ochoa Astudillo¹, Katherine Gonzaga Aguilar¹, Janneth Simaluiza Masabanda¹

(1) Universidad Técnica Particular de Loja, Ciencias de la Salud, San Cayetano Alto, Loja, Ecuador

La resistencia bacteriana es un desafío creciente en la salud pública, especialmente en entornos hospitalarios, donde las infecciones por microorganismos multirresistentes complican el tratamiento y la recuperación de los pacientes. Dentro de este grupo, las Enterobacteriales productoras de Betalactamasas de Espectro Extendido (EBLEE) y Carbapenemasas (EPC) han adquirido gran relevancia debido a su capacidad para inactivar antibióticos esenciales. Este estudio evaluó la presencia y distribución de estas bacterias en pacientes atendidos en el Hospital General Isidro Ayora de Loja-Ecuador, con el fin de fortalecer las estrategias de vigilancia y control.

Se analizaron 321 muestras fecales entre noviembre de 2022 y abril de 2023, provenientes de pacientes de hospitalización (32), cuidados intensivos (25) y consulta externa (264). El aislamiento se realizó utilizando los agares chromID™ ESBL (BioMérieux) y chromID® CARBA SMART (biplaca chromID® CARBA/OXA-48, BioMérieux). La identificación bacteriana se realizó mediante Enterosystem 18R y los perfiles de resistencia se determinaron mediante métodos fenotípicos. El análisis de datos se realizó en SPSS 15.0.

Los resultados muestran que el 18% (58/321) de las muestras analizadas fueron positivas para EBLEE, siendo *Escherichia coli* la especie más frecuente (74,1%) seguida de *Klebsiella pneumoniae* (8,6%), *K. ozaenae* (5,2%), *Enterobacter cloacae* (5,2%), *K. oxytoca* (3,4%), *Proteus vulgaris* (1,7%) y *Serratia liquefaciens* (1,7%). El 77,5% (45/58) de los aislamientos provinieron principalmente de pacientes de consulta externa seguido de UCI (15,5% (9/58)) y hospitalización (6,9% (4/58)). En cuanto a EPC, la frecuencia fue baja (0,62%, 2/321), detectándose principalmente en pacientes hospitalizados. Además, se determinó que la edad avanzada (60 a ≥65 años) es un factor de riesgo importante en la portación de estas bacterias.

El estudio resalta la necesidad de reforzar la detección temprana y la vigilancia epidemiológica, enfocando esfuerzos en la consulta externa para el control de EBLEE y en hospitalización para EPC. Implementar medidas preventivas y optimizar el uso de antibióticos puede ayudar a frenar la propagación de estas bacterias y mejorar la seguridad de los pacientes.

Keywords: Enterobacteriales, Resistencia bacteriana, Betalactamasas de espectro extendido, Carbapenemasas, Epidemiología hospitalaria



In vivo natural selection does not enhance circulation time of 3043 phage for treating *Acinetobacter baumannii* infections

Susana Sousa e Cunha^{1,2}, Alexandra G. Fraga^{1,2}, Henrique Machado^{1,2}, Alexandre Lima³, Joana Azeredo³, Jorge Pedrosa^{1,2}

(1) Life and Health Sciences Research Institute (ICVS), University of Minho, Braga, Portugal
(2) ICVS/3B's—PT Government Associate Laboratory, Braga/Guimarães, Portugal
(3) Centre of Biological Engineering, University of Minho, University of Minho, Braga, Portugal

The worldwide crisis of multidrug-resistant infections represents a critical public health threat. As the demand for effective alternatives to conventional antibiotics increases, bacteriophage (phage) therapy has reemerged as a promising strategy. Nevertheless, several challenges must be overcome before its widespread clinical implementation. A significant obstacle is the rapid clearance of phages by the mononuclear-phagocyte system, particularly in liver and spleen. This can be reflected in an impact on the circulation time, bioavailability, and, consequently, the therapeutic potential of phages. In this study, we aimed to develop a mutant bacteriophage capable of evading the MPS and achieving prolonged systemic persistence, by using a previously described serial-passage technique in mice to select a “long-circulating” phage against *Acinetobacter baumannii*, one of the most dangerous and drug-resistant pathogens.

To improve the pharmacokinetic properties of phage 3043, in vivo selection was performed through serial intraperitoneal injections in BALB/c mice. The resulting phage population, referred to as 3043 LC (long-circulating), was then compared to the wild-type (WT) 3043 phage. In vitro characterization included a one-step growth curve, adsorption assay, and resistance assay to evaluate differences in phage replication dynamics, adsorption efficiency, and emergence of bacterial resistance, with no differences observed regarding these parameters. We next performed a biodistribution assay following intraperitoneal injection and observed no significant differences in the blood, spleen, or liver. Finally, we assessed the antibacterial activity of both phage variants in vivo using a murine systemic infection model with *A. baumannii* Ab45. Regardless of the infectious dose administered, phage 3043 LC exhibited comparable efficacy to the wild-type phage, indicating that in vivo selection did not enhance therapeutic performance.

In conclusion, while this in vivo selection strategy had previously proven successful in enhancing the pharmacokinetic properties of phages Argol and Argo2 against *E. coli*, similar improvements were not observed for phage 3043. The lack of enhanced circulation or therapeutic efficacy suggests that the effectiveness of this method may be phage-specific. These findings highlight the possibility that certain phages, such as 3043, may possess greater intrinsic stability or resistance to adaptive mutations, limiting their capacity for optimization through serial in vivo passaging.

Keywords: Phage therapy, *Acinetobacter baumannii*, Long-circulating phages

Financing: Fundación La Caixa – Project Fitted. HR21-00533.



Infección de organoides intestinales murinos con dos serovares de *Salmonella enterica* con diferente invasividad

Mateo Olivero^{1,2}, Saira Cancela², Romina Pagotto², Mariela Bollati², Alejandro Chabalgoity¹, Laura Betancor¹, Lucía Yim¹

(1) Universidad de la república, Unidad Académica de Desarrollo Biotecnológico, Facultad de Medicina, Instituto de Higiene, Av Alfredo Navarro 3051, Montevideo, Uruguay

(2) Instituto Pasteur de Montevideo, Unidad de Biología Celular, Matajojo 2020, Montevideo, Uruguay

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 empleamos un modelo de infección de organoides intestinales murinos mediante microinyección con dos serovares de *Salmonella enterica*: SDu y SEn. Se cuantificaron las bacterias presentes en el lumen y en el interior de las células epiteliales en dos tiempos post-infección, con el objetivo de evaluar su comportamiento e invasividad. Ambos serovares lograron invadir el epitelio del organoide y multiplicarse en el lumen. Además, se comparó la infección en organoides cultivados en medio LWRN, que favorece el mantenimiento de células madre, y en medio ENR, que promueve la diferenciación celular. En los organoides cultivados en LWRN se observaron diferencias significativas entre las bacterias recuperadas a las 2,5 y 24 horas post-infección, con una disminución en el lumen y un aumento intracelular. En cambio, en los organoides cultivados en ENR no se detectaron diferencias significativas. Estos resultados indican que el estado de diferenciación celular podría influir en el grado de invasividad de *Salmonella* en organoides intestinales.

Keywords: Organoides Intestinales, *Salmonella enterica*, Invasividad



Use of microbial inoculants to increase the efficiency of Nitrogen fertilizers in maize cultivation

Christiane Abreu de Oliveira Paiva¹, Gisele de Fátima Dias Diniz¹, Vitória Palhares Ribeiro¹, Victor Alef Rodrigues², Amanda Rodrigues de Araújo Silva³

(1) Embrapa Maize and Sorghum, Department of Microbiology, Rodovia MG 424, Km 45, Zona Rural, Sete Lagoas, Brasil

(2) Federal University of Sao Joao del-Rei, Praça Frei Orlando, 170, Centro, campus São João del-Rei, MG, São João del-Rei, Brasil

(3) Federal University of Sao Joao del Rei, Rodovia MG 424, km 47, campus Sete Lagoas, Sete Lagoas, Brasil

Microbial inoculants reduce the need for chemical fertilizers, lowering costs and minimizing environmental impact. They enhance crop nutrient efficiency, promote plant growth, and support more sustainable agriculture. This study evaluated the effect of six inoculants on improving nitrogen (N) fertilization efficiency in maize. In 2024, a field trial was conducted in Sete Lagoas, Minas Gerais, in a Cerrado area with N-deficient soil, using a randomized block design with split plots: 4 blocks × 7 treatments × 3 N rates. The treatments included six inoculants containing commercial strains: T1: *Azospirillum brasilense*, T2: *Nitrospirillum viridazoti*, T3: *Bacillus megaterium* + *B. subtilis*, T4: *Bacillus aryabhattai*, T5: *Rhizophagus intraradices*, and T6: *Herbaspirillum seropedicae* + *A. baldoniorum*, applied at the manufacturer's recommended doses, along with a non-inoculated control. Nitrogen was applied at 20, 60, and 120 kg ha⁻¹ as urea. Basal fertilization at planting included 100 kg ha⁻¹ of P₂O₅ (triple superphosphate), 80 kg ha⁻¹ of K₂O, and 20 kg ha⁻¹ of FTE BR-12. The maize hybrid used was KWS 7510PRO. Grain yield ranged from 5,173.32 to 8,116.26 kg ha⁻¹, showing a decreasing trend with increasing N levels, with statistically significant differences among mean yields. Regardless of N rate, significant differences were observed among inoculants. The highest yields occurred in T6 and T5 (6,775.41 and 7,080.59 kg ha⁻¹, respectively), both significantly higher than the control (6,224.76 kg ha⁻¹). Within each N level, statistical differences were observed between inoculants and the control. At the low N rate (20 kg ha⁻¹), only T3 differed from the control and outperformed T2 and T4. At the medium rate (60 kg ha⁻¹), only T5 differed from the control and outperformed T1 and T4. At the high rate (120 kg ha⁻¹), T5 and T6 differed from the control and other inoculants, except T2. These results indicate that yield was influenced by both N levels and microbial inoculants. T5 (*Rhizophagus intraradices*) and T6 (*Herbaspirillum seropedicae* + *A. baldoniorum*) achieved the highest gains, highlighting the potential of inoculants to reduce nitrogen fertilizer dependence and promote sustainable production.

Keywords: biofertilizers, sustainability, bioinoculants, nitrogen

Financing: Embrapa, Simbiose, FAPEMIG, CNPq

Acknowledgments: Embrapa, Simbiose, FAPEMIG, CNPq



Primer reporte de *Stachybotrys chartarum* (Stachybotryaceae, Hypocreales) para la República Dominicana

Omar Paino Perdomo¹, Hector Rivera Sanchez²

(1) Universidad Autónoma de Santo Domingo, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Avda. Alma Mater s/n, 101013 Santo Domingo, Dominican Republic

(2) Sociedad Dominicana de Micología, Departamento de Investigaciones, Micología, P. O. Box 151, 10101 Santo Domingo, Dominican Republic

El género *Stachybotrys* requiere de humedad elevada para crecer y representa uno de los hongos más notorios asociados con la sospecha de enfermedades en edificios húmedos y es conocido por sus metabolitos tóxicos, incluida la micotoxicosis, en los ocupantes de edificios contaminados. Este estudio describe la detección del crecimiento de *Stachybotrys* en el interior de las estructuras de casas en la ciudad de Santo Domingo. Se tomaron muestras de la superficie de la pared de aproximada de 1 cm² utilizando una punta de algodón estéril en un tubo plástico con tapón de rosca (puntas Q). Las muestras recogidas se conservaron en los tubos a 10 °C hasta su análisis y su cultivo en agar de extracto de malta. Posteriormente se analizaron con microscopia y se identificó la especie con claves especializadas. *Stachybotrys* se caracteriza por conidióforos macronematosos, mononematosos, no ramificados o ramificados, con células conidiógenas terminales y fiálides discretas, y conidios aseptados, reniformes, elipsoidales a esféricos, lisos o verrugosos, que se producen en una masa viscosa. La presencia de conidios de *Stachybotrys* indica alta humedad relativa y falta de aireación de las viviendas. La infestación de las paredes interiores de los edificios con moho fúngico es un motivo de preocupación sanitaria que se agrava en los edificios energéticamente eficientes que limitan la circulación del aire. Se necesitan estudios tanto micológicos como micotoxicológicos para determinar los peligros potenciales para la salud de los residentes. Se reporta por primera vez *Stachybotrys chartarum* para la República Dominicana.

Keywords: *Stachybotrys*, hongo oportunista, salud pública, República Dominicana.

Financing: Sociedad Dominicana de Micología



Analysis of Complications and Study (Surveillance) of Microorganisms Involved in Central Venous Catheter Infections in Pediatric Oncology Patients.

Cynara Luziet Lages do Nascimento¹, Ricardo Vianna de Carvalho², Arovel Oliveira Moura Junior², Simone de Oliveira Coelho², Rosana Fidelis Coelho Vieira², Silvana Vargas Superti², Fernanda Ferreira da Silva Lima², Helvécio Cardoso Corrêa Póvoa³, Arize Duarte Vieira¹, Fellipe de Oliveira Cabral¹, Louisy Sanches dos Santos Sant'Anna¹, Cintia Silva dos Santos⁴, Ana Luíza Mattos-Guaraldi¹

(1) Laboratório de Difteria e Corinebactérias de Relevância Clínica da Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Departamento de Microbiologia e Imunologia da Faculdade de Ciências Médicas da Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Faculdade de Ciências Médicas da Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Avenida 28 de Setembro, 87, Fundos, 3º Andar, Vila Isabel, Rio de Janeiro, RJ, Rio de Janeiro, Brazil

(2) Instituto Nacional de Câncer José Alencar Gomes da Silva – INCA, Praça da Cruz Vermelha, 23 – Centro, Rio de Janeiro – RJ, CEP: 20230-130, Rio de Janeiro, Brazil

(3) Universidade Federal Fluminense, Programa de Pós-graduação Stricto Sensu em Microbiologia e Parasitologia AplicadaS, Grupo/Núcleo de Estudos e Pesquisas sobre Mecanismos de Virulência e Patogenicidade de Bactérias de Interesse Médico, Campus Valonguinho Instituto Biomédico – Alameda Barros Terra, s/n – Bloco E – Sala III e 526 – São Domingos – RJ. CEP.: 24020-150., Niterói, Brazil

(4) Instituto Municipal de Medicina Veterinária Jorge Vaitsman, Gerência de Laboratórios de Zoonoses, Laboratório de Zoonoses I – Bacteriologia e Micologia, Av. Bartolomeu de Gusmão, 1120 – Mangueira, Rio de Janeiro – RJ, CEP: 20941-160, Rio de Janeiro, Brazil

Introduction: Pediatric cancer patients currently have a 70-80% survival rate, and the use of long-term indwelling venous catheters (LVCs) is essential for treatment. Catheter-related infections with bacteremia can be serious, especially in immunosuppressed patients. Our study may contribute to the recognition of these microorganisms within the context of a pediatric oncology health unit in South America.

Objective: Analysis of the profile of microorganisms/microbiota responsible for infections in patients under 18 years of age with long-term venous catheters.

Methodology: Retrospective study of infections in pediatric oncology patients, under 16 years of age, with CVC-LP undergoing treatment at the National Cancer Institute, from 2020 to 2023. Study by CAAE: 93922618.1.0000.5274.

Results: During the study period, 585 CVC-LP implants were evaluated after updating the maintenance protocol with saline use and implantation technique using preoperative ultrasound. Device removal occurred in 36.9% of cases at the end of treatment, and infection accounted for 20% of cases. There were 297 cases of complications, and infection accounted for 117 (39.3%) of the removal cases. Of this group, 83 (70%) were undergoing treatment for solid tumors, and 79 (67%) used port-type catheters. Among the infections, Gram-positive microorganisms were identified, the majority of which were sensitive to linezolid and vancomycin.



Conclusion: Observation of the removal rate allows us to assess that the CVC-LP remains an important device for the treatment of pediatric patients. Following ANVISA recommendations, monitoring the infection rate associated with barrier control is essential for recognizing the microbiota in the healthcare unit and influencing the development of preventive measures and targeted antibiotic therapy.

Keywords: Catheter, Pediatric, Cancer, Infection, Staphylococcus / Corynebacterium

Financing: INCA; SR2/UERJ; PROATEC; PGCM/UERJ; FAPERJ; CAPES; CNPq.

Acknowledgments: To INCA, PGCM and UERJ.



Perfil de la microbiota gástrica: influencia de *H. pylori*, edad y factores geográficos en regiones de alta mortalidad por cáncer gástrico en Colombia

Lizeth Vanessa Pabón Figueroa^{1,2}, Arsenio Hidalgo^{2,4}, Kevin Guzman², Alvaro Jairo Pazos Moncayo^{2,3}

(1) Servicio Nacional de Aprendizaje – SENA, Tecnoacademia Fija de Túquerres, Centro Sur Colombiano de Logística Internacional, Túquerres, Colombia

(2) Universidad de Nariño, Centro de Estudios en Salud – CESUN, Grupo Salud Pública, Pasto, Colombia

(3) Universidad de Nariño, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Pasto, Colombia

(4) Universidad de Nariño, Departamento de Matemáticas y estadística, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Pasto, Colombia

Introducción. El cáncer gástrico (CG), de etiología multifactorial, se desarrolla progresivamente durante décadas. Es la tercera causa de muerte por cáncer a nivel mundial y la primera en Colombia. Las herramientas metagenómicas permiten explorar el papel de la microbiota en su génesis. **Objetivo:** Analizar la composición de la microbiota gástrica en pacientes con lesiones preneoplásicas en zonas de alto riesgo de CG en Colombia. **Metodología.** Se incluyeron 30 pacientes con dispepsia. Las lesiones gástricas se clasificaron según el sistema OLGA. Se extrajo y purificó ADN, y se secuenció el gen 16S rRNA mediante Oxford Nanopore. Se calcularon índices de diversidad alfa (Shannon, Simpson, ACE) y beta (Bray-Curtis), analizados en R con pruebas estadísticas ($p < 0,05$). Las variables categóricas incluyeron: tipo de lesión (gastritis no atrófica y atrófica, con o sin metaplasia), procedencia geográfica, tasa de mortalidad (alta/media), edad (G1: 30; G2: 31–49; G3: 50 años) y presencia de *H. pylori* (alta/baja abundancia). El estudio fue aprobado por el comité de ética institucional y se obtuvo consentimiento informado. **Resultados.** El análisis de diversidad alfa reveló diferencias estadísticamente significativas según la procedencia geográfica (índice de Simpson; $p = 0,007$) y la presencia de *H. pylori* (índices de Shannon; $p = 0,008$ y Simpson; $p = 0,02$). La diversidad beta mostró diferencias significativas en la composición de la microbiota gástrica según edad ($p = 0,013$), procedencia geográfica ($p = 0,050$), tasa de mortalidad del área de residencia ($p = 0,002$) y presencia de *H. pylori* ($p = 0,012$). El análisis de abundancia diferencial (ANCOMBC2) evidenció mayor abundancia relativa de los géneros *Pseudomonas*, *Rhodococcus* y *Flavobacterium* en pacientes mayores (50 años) frente a individuos jóvenes (30 años) ($q < 0,05$). **Conclusiones.** La edad, la presencia de *H. pylori*, la procedencia geográfica y tasa de mortalidad se asocian con alteraciones significativas en la diversidad y composición de la microbiota gástrica. Estos cambios podrían reflejar un proceso de disbiosis progresiva que, en contextos de riesgo, podría estar implicado en la evolución de lesiones gástricas premalignas hacia el CG.

Keywords: microbiota, Gastritis no atrofica, Gastritis Atrofica, zona de alto riesgo de Cancer gastrico, Secuenciación oxford nanopore



Cannabis sativa como Potencial Fuente de Compuestos Antibacterianos: Evaluación Comparativa de la Actividad Antibacteriana de Quimiotipos de Cannabis sativa y Cannabinoides individuales Frente a Cepas Bacterianas de Referencia

Juan Sebastian Vargas Ossa¹, Sara Orozco Lopez¹, Nicolás Guzmán Castro¹, Diego Javier Enríquez Valencia¹, Ruby Lizeth Pérez Muñoz¹

(1) Universidad Icesi, Departamento de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Facultad Barberi de Ingeniería, Diseño y Ciencias Aplicadas, Santiago de Cali, Colombia

La resistencia antimicrobiana se ha convertido en una prioridad para la salud pública global. La Organización Mundial de la Salud (OMS) publicó en el año 2024 la lista de patógenos bacterianos prioritarios debido a la frecuencia con la que se hacen resistentes a los antibióticos, por lo que acceder a nuevas opciones terapéuticas se encuentran entre las medidas anunciadas por la OMS. En este contexto, Cannabis sativa se ha postulado como una fuente prometedora de compuestos con actividad antimicrobiana. Este estudio tiene como objetivo evaluar la actividad antibacteriana de extractos etanólicos de inflorescencias de Cannabis sativa (quimiotipos II-IV) y de los cannabinoides individuales cananbidiol (CBD) cannabigerol (CBG) y cannabidivarina (CBDV), frente a las cepas de referencia Staphylococcus aureus ATCC 12600 y Escherichia coli ATCC 25922. La actividad antibacteriana se llevó a cabo mediante las pruebas de difusión en pozos y dilución en agar para determinar la concentración mínima inhibitoria (CMI). S. aureus mostró una mayor sensibilidad a los extractos etanólicos de C. sativa en comparación con la cepa de E. coli. Los extractos obtenidos del quimiotipo IV (con alto contenido de CBG) presentaron la mayor actividad antibacteriana, seguidos por los del quimiotipo II (CBD dominante). Los extractos del quimiotipo III (THC:CBD equilibrado) presentaron la menor actividad antibacteriana frente a S. aureus. Esta diferencia podría atribuirse tanto a la concentración relativa de cannabinoides como a la posible sinergia con otros metabolitos presentes en las inflorescencias de C. sativa. La evaluación de los cannabinoides individuales: CBD, CBG y CBDV evidenció actividad significativa frente a S. aureus, pero no frente a E. coli. Los resultados de este estudio refuerzan el potencial de los fitocannabinoides, como candidatos para el desarrollo de nuevos agentes antimicrobianos activos, especialmente contra bacterias Gram positivas.

Keywords: Cannabis Sativa, Cannabinoides, Actividad antibacteriana, Resistencia antibacteriana

Financing: Este estudio fue financiado por la Fundación para la Promoción de la Investigación y la Tecnología del Banco de la República de Colombia



Incidencia de Enterobacteriales productores de carbapenemasas en un hospital público de Lima, Perú (2014–2023)

Roky Giovanni Champi Merino^{1,2}, Benjamín Jarama Soto¹, Roberto Eugenio Rojas León³, Edgar Gonzales Escalante⁴

(1) Universidad Peruana Unión, E.P. Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Carretera Central Km 19.5 Ñaña, Chosica, Lima, Perú

(2) Hospital Nacional Hipólito Unanue, Dpto Patología Clínica, Servicio de Microbiología, Inmunología y Biología Molecular, Av. César Vallejo 1390, El Agustino, Lima, Perú

(3) Universidad Nacional Federico Villarreal, Facultad de Tecnología Médica, E.A.P. Laboratorio Clínico y Anat. Patol., Jr. Río Chepen 290, El Agustino, Lima, Perú

(4) Universidad de Piura, Facultad de Medicina Humana, Calle Mártir José Olaya 162, Miraflores, Lima, Perú

La resistencia antimicrobiana por bacterias multidrogaresistentes (MDR) constituye un problema de salud pública global. En el Perú, esta situación se ha intensificado por el incremento sostenido de su incidencia, lo que limita las opciones terapéuticas y genera una creciente demanda de atención en servicios de hospitalización y unidades de cuidados intensivos, donde se concentra la mayor carga de infecciones graves por bacterias MDR. El presente estudio tuvo como objetivo determinar la incidencia de Enterobacteriales productores de carbapenemasas (EPC) en pacientes hospitalizados en el Hospital Nacional Hipólito Unanue, durante el periodo 2014–2023. Se realizó un estudio descriptivo y retrospectivo a partir de aislamientos clínicos de Enterobacteriales obtenidos de pacientes internados. La identificación bacteriana y la prueba de susceptibilidad antimicrobiana se efectuaron mediante el sistema automatizado Microscan WalkAway (Beckman Coulter®) y el método de difusión en disco, conforme a las directrices del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). La producción de carbapenemasas se determinó mediante pruebas fenotípicas, inmunocromatográficas y moleculares, identificándose enzimas tipo metalo-betalactamasas (85,9%), serín-carbapenemasas (12,6%) y casos de doble producción (1,4%), con variaciones observadas a lo largo del tiempo. Se registraron 8218 aislamientos clínicos, de los cuales 838 correspondieron a EPC, aislados de 785 pacientes: 740 presentaron una sola especie productora (84,7%) y 45 pacientes tuvieron dos o más EPC de distintas especies. La incidencia acumulada fue del 10,2%. Del total de pacientes, el 54,8% fueron varones y la edad media fue de $50,5 \pm 1,6$ años. Los servicios con mayor frecuencia de aislamiento fueron medicina interna, cirugía y cuidados intensivos. Las muestras clínicas más comunes fueron de origen respiratorio (36,2%), urinario (27,2%), catéteres intravasculares (8,3%), hemocultivos (7,5%) y heridas (7,4%). Las especies predominantes fueron *Klebsiella pneumoniae* (78,7%), *Escherichia coli* (7,2%) y *Proteus mirabilis* (5,0%). La incidencia de EPC mostró una tendencia creciente a lo largo del periodo analizado, y una prevalencia importante en servicios de alta complejidad como los servicios de hospitalización.

Keywords: Enterobacteriales, carbapenemasas, Resistencia antimicrobiana, incidencia, hospitalización

Financing: Autofinanciado

Acknowledgments: Agradecimientos al servicio de Microbiología del Hospital Nacional Hipólito Unanue, al personal Técnico, Licenciados Tecnólogos Médicos y Médicos Patólogos.



El enemigo de mi enemigo es mi amigo. Explorando nuevas fuentes de bacteriófagos para el tratamiento de *Klebsiella* spp. multirresistentes

Isidro García Meniño¹, Jens Andre Hammerl¹

(1) German Federal Institute for Risk Assessment, Department Biological Safety, Berlin-Marienfelde, Diedersdorferweg 1, Berlin, Germany

Introducción:

Las aguas residuales se consideran un foco importante de bacterias multirresistente a antibióticos (MRA), con gran impacto en salud humana, animal y ambiental (One-Health). En la actualidad, la información con respecto a la contribución de cada sector en la distribución de *K. pneumoniae* así como de sus depredadores naturales (fagos líticos) es aún limitada.

Nuestro objetivo dentro del proyecto KLEOPATRA (JPI-AMR), en el que se encuadran estas investigaciones, es explorar nuevas fuentes y ecosistemas como posibles puntos críticos para la obtención de bacteriófagos, para su posible aplicación con variedad de enfoques (medicina, medio ambiente, seguridad alimentaria...).

Material y métodos:

Muestras de hierbas importadas de países del sudeste asiático y aguas residuales (distintas etapas de procesamiento) fueron examinadas con el objetivo de detectar la presencia de *Klebsiella* spp. y de sus fagos específicos.

Los análisis microbiológicos incluyeron: i) rango de huéspedes bacterianos, ii) potencial de tratamiento en diferentes MOI, iii) experimentos de interacción fago-hospedador, iv) microscopía electrónica de transmisión (TEM). Finalmente, los fagos se sometieron a secuenciación del genoma completo (WGS) (Illumina) y a una posterior evaluación bioinformática (anotación, comparación de secuencias, filogenia...).

Resultados:

El análisis de las diferentes muestras mostró alrededor de 40 actividades fágicas. Los bacteriófagos presentaron genomas muy diversos, con tamaños comprendidos entre 35 y 350 kb y pertenecieron a diferentes familias de virus.

Algunos de los bacteriófagos de la colección fueron productores de depolimerasas y mostraron un amplio rango de actividad, adhiriéndose a diversas proteínas de unión de receptores en la superficie de *Klebsiella* spp. (diferentes tipos de cápsulas). Específicamente, cabe destacar un jumbo phage (35 kb) que presentó actividad lítica frente al clon emergente de *K. pneumoniae* ST147-(cápsula KL64). Por otro lado, se caracterizaron en detalle un grupo de fagos que redujeron eficientemente el número de células del clon hipervirulento ST23-KL5 (*K. pneumoniae*).

Conclusiones:

Presentamos aquí una colección de fagos que reducen eficientemente in vitro el número



de células objetivo (*Klebsiella* spp. MRA e hipervirulentas). Con ello pretendemos motivar a la comunidad científica a investigar nuevos nichos ecológicos aún no explorados como fuente de bacteriófagos para el control biológico de bacterias.

Keywords: *Klebsiella* spp., Bacteriófagos, One-Health

Financing: Esta investigación fue financiada a través de la Iniciativa de Programación Conjunta sobre Resistencia a los Antimicrobianos (JPIAMR) con el proyecto (KLEOPATRA). El trabajo fue apoyado por subvenciones del Instituto Federal Alemán de Evaluación de Riesgos (BfR) (45-003 y 1322-820).



Caracterización y Análisis Cuali-Cuantitativo de Toxinotipos de *Clostridium perfringens* del Tanatomiobioma y Necrobioma Epinecrótico Humano en Ciencias Forenses: innovación en la determinación de Data de Muerte y sus Circunstancias

Lic. César Alcamán Oyarzo¹

(1) Universidad San Sebastián, Coordinación de Toxicología, Departamento de Química y Farmacia, Facultad de Medicina y Ciencia, Lientur 1457, Concepción, Chile.

El método más utilizado en Ciencias Forenses para estimar la Data de Muerte es la cuantificación del potasio en el humor vítreo ocular; sin embargo, en el campo de la Criminología, esta técnica puede quedar obsoleta, ya que fuera de los nosocomios, no es improbable el hallazgo de cadáveres en avanzado estado de descomposición, evidenciando un Intervalo Post Mortem impreciso.

El Necrobioma Humano es una comunidad ecológica cadavérica que incluye bacterias y prospera luego de producida la defunción, distinguiéndose entre Tanatomiobioma, que designa a especies cuyo nicho Post Mortem son los órganos internos, y Necrobioma Epinecrótico, para aquellas comunidades prolíficas en el exterior del cadáver. En contextos criminales o de peritajes, el necrobioma de cada individuo es único, por lo que su análisis puede ayudar, según aplicación del Reloj Microbiano en el Ciclo de Descomposición, a identificar Data de Muerte, e inclusive, la Causa y las Circunstancias. Según presencia o ausencia de bacterias, puede descubrirse si restos humanos han sido arrastrados, enterrados en otros sitios, y violentados. Desde técnicas bioquímicas simples hasta secuenciación molecular, la Microbiología Forense ayuda a esclarecer crímenes.

Clostridium perfringens, un anaerobio esporulado Gram Positivo, es común en los suelos y microbioma de materia orgánica en descomposición; también, en el tracto gastrointestinal de mamíferos, como los humanos. Es conocida su potencial patogenicidad a través de múltiples factores de virulencia, pudiendo causar intoxicaciones alimentarias, bacteriemia, enteritis necrosante, y especialmente, gangrena gaseosa con mionecrosis clostridial. En la definición del cuadro clínico asociado, destacan como mecanismo de patogenicidad, las toxinas producidas por ciertas cepas.

De las bacterias implicadas en el Ciclo de Descomposición, *Clostridium perfringens*, es probablemente la más importante. A través de sus siete Toxinotipos principales - A, B, C, D, E, F, G - y sus cinco Toxinas más relevantes - Alfa, Beta, Épsilon, Enterotoxina, Iota - nos brinda un nicho donde, si determinar información forense mediante identificación de cepas es viciada por factores atmosféricos o carroña, el Análisis Químico Cuali-Cuantitativo de toxinas - especialmente Alfa - y niveles de H₂S, correlacionado al Reloj Microbiano y conocimiento de la ecología bacteriana particular, se presenta como un método innovador y menos alterable.



Keywords: Necrobioma, Medicina Forense, Microbiología Forense, Tanatomiobioma, Criminología

Acknowledgments: Dr. Claudio Müller, por divulgar el amor toxicológico. Dra. Berta Schulz, toxicólogo que me inspiró a estudiar Química y Farmacia. Dra. Apolinaria García, crucial en mi amor por la Microbiología. A mi compromiso con los DDHH mancillados en Dictadura.



Characterization of starch from *Chlamydomonas reinhardtii* produced under different cultivation conditions

Mariana Heras Cervantes¹, Yolanda González García¹, José Antonio Gutiérrez Ortega¹, Efrén Aguilar Garnica²

(1) Universidad de Guadalajara, Departamento de Madera Celulosa y Papel, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100, Nextipac. 45200, Zapopan, México

(2) Universidad Autónoma de Guadalajara, Investigación y Desarrollo Tecnológico, Avenida Patria 1201, Col. Lomas del Valle C.P. 45129, Zapopan, México

Microalgae represent a promising yet underexplored source of starch, offering advantages such as year-round cultivation without fertile land and no competition with food crops. This study aimed to obtain starch with varying amylose and amylopectin ratios by modifying *Chlamydomonas reinhardtii* cultivation under different nutritional stress conditions. Cultures were grown in BG11 medium supplemented with phytohormones (indole-3-acetic acid, indole-3-butyric acid, jasmonic acid) and antioxidants (gallic acid and ascorbic acid). Growth was monitored by optical density at 750 nm and cell counting using a Neubauer chamber. Gallic acid showed the most significant biomass-promoting effect, highlighting the importance of free radical neutralization during biomass increase. This enhancement shortens the time to reach the exponential growth phase, improving process efficiency and economic feasibility.

In batch microalgal cultures, starch accumulation is typically induced by nutrient depletion, such as nitrogen or sulfur limitation. Under these conditions, cells enter the stationary growth phase, cease division, and accumulate storage metabolites like starch. Instead of nutrient exhaustion, this study induced starch accumulation during the exponential phase by applying osmotic stress through a salt gradient, a relatively underutilized approach. Starch content was visualized by iodine-Lugol staining under a microscope. The highest starch accumulation was observed with exposure to 1 M NaCl for 24 hours. Additionally, the medium used to generate the osmotic stress could be reused in subsequent cultures, supporting sustainability.

Starch extraction and purification were performed using various methods. Extraction with dimethyl sulfoxide (DMSO) yielded the highest starch recovery. Perchloric acid extraction facilitated easy starch detection via the iodine-Lugol reaction. Enzymatic extraction allowed for the recovery of additional compounds during the process; however, the starch obtained was often entangled with cellular debris such as chloroplast fragments and proteins.

Overall, this study demonstrates that optimizing cultivation conditions and applying osmotic stress can effectively enhance starch production in microalgae, offering a sustainable and economically viable alternative for starch bioprocessing.

Keywords: Microalgae, Phytohormones, Antioxidants, Osmotic stress



Financing: Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingeniería (CUCEI) & Doctorado en Ciencia de Biomateriales Sustentables

Acknowledgments: Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT)



Impact of Lipid Modulation on Macrophages Infected with *Mycobacterium ulcerans*

Susana Sousa e Cunha^{1,2}, Ana M. Barbosa^{1,2}, Henrique Machado^{1,2}, Jorge Pedrosa^{1,2}, Alexandra G. Fraga^{1,2}

(1) Life and Health Sciences Research Institute (ICVS), University of Minho, Braga, Portugal
(2) ICVS/3B's—PT Government Associate Laboratory,, Braga/Guimarães, Portugal

Buruli ulcer (BU) is a chronic, necrotizing skin disease caused by *Mycobacterium ulcerans*, a pathogen that produces mycolactone—a lipid toxin and the key virulence factor responsible for tissue damage. Classified as a neglected tropical disease, BU is predominantly associated with stagnant water sources, and its mechanism of transmission remains unclear. Despite effective treatments, delays in seeking medical care often lead to permanent disability and substantial socioeconomic burden. These challenges underscore the urgent need for innovative therapeutic strategies to improve clinical outcomes and mitigate long-term impact. Recent advancements in immunometabolism suggest that infection-driven metabolic alterations may offer promising therapeutic targets. In this study, we aimed to explore host metabolic alterations during *M. ulcerans* infection.

For that, two distinct strains of *M. ulcerans* were used to infect macrophages: a mycolactone-producing strain (mycoMu) and a non-mycolactone-producing strain (Δ mycoMu). Our RNA sequencing data revealed an upregulation of lipid metabolism pathways in mycoMu-infected macrophages, while inflammatory-related genes were upregulated in Δ mycoMu-infected macrophages. To further explore this data, we inhibited fatty acid synthesis using two different inhibitors: C75 or SorA. Interestingly, while no differences were found for mycoMu-infected macrophages upon treatment with C75, we did find an increased bacterial burden in Δ mycoMu-infected macrophages, associated with an increase in IL- β production. The addition of SorA did not result in any alterations in bacterial burden or in reactive oxygen species and cytokine production.

These findings suggest that modulation of host lipid metabolism may influence the outcome of *M. ulcerans* infection. Targeting lipid synthesis pathways could represent a novel therapeutic approach for BU. Further investigation is necessary to elucidate the underlying mechanisms and optimize intervention strategies.

Keywords: Buruli ulcer (BU), Immunometabolism, Infected macrophages, *Mycobacterium ulcerans*

Financing: FCT – Fundação para a Ciência e a Tecnologia, Portugal: Project 2022.05266. PTDC.



Linking nutrition, protozoan burden, and gut microbial in early childhood from southwest Colombia

Milena Guerrero Florez^{1,2}, Waldemar Seel^{6,7}, Raphael R  pple⁷, Guillermo Torres⁵, Victor Alfonso L  pez⁵, Achim Hoerauf^{3,4}, Marc P H  bner^{3,4}, Marijo Par  ina³, Marie Christine Simon⁷, Christian Borgemeister^{1,2}, Timo Falkenberg^{1,8}

- (1) Center for Development Research (ZEF). University of Bonn, Bonn, Germany
- (2) Faculty of Agricultural, Nutritional and Engineering Sciences (AEI). University of Bonn, Bonn, Germany
- (3) Institute for Medical Microbiology, Immunology and Parasitology (IMMIP), University Hospital Bonn, Germany
- (4) German Center for Infectious Diseases Research (DZIF), Partner Site Bonn-Cologne, Bonn, Germany
- (5) Institute of Clinical Molecular Biology, Christian-Albrechts-University, and University Hospital Schleswig-Holstein, Kiel, Germany
- (6) Life&Brain laboratory, University Hospital Bonn, Germany
- (7) Nutrition and Microbiota, Institute of Nutrition and Food Science, University of Bonn, Germany
- (8) Institute for Hygiene and Public Health (IHPH), University Hospital Bonn, Germany

Background. The interplay between protozoa, diet, and nutrition in early childhood remains poorly characterized, particularly in resource-limited Latin American settings. In a cross-sectional study of children under five from southwestern Colombia, we aimed to identify protozoa *Blastocystis hominis*, *Giardia lamblia*, and *Dientamoeba fragilis*, and examined associations with dietary intake, nutritional status, and gut microbiota (GM) composition. **Methods.** We studied 110 children. The GM was characterized using 16S rRNA gene amplicon sequencing (V3-V4 region; Illumina MiSeq). Protozoan were detected by multiplex qPCR, nutritional status by anthropometric indicators, diet by a food frequency questionnaire, and sociodemographic through standardized interviews. Sequencing data were processed with nf-core/ampliseq pipeline. Alpha-diversity metrics were calculated, and associations between beta-diversity and nutritional variables were tested using PERMANOVA ($p < 0.05$). Associations among protozoan presence, GM composition, and diet were evaluated using linear mixed models (LMMs) and Spearman's rank correlation (ρ). **Findings.** Protozoan prevalence: BH (57.5%), GL (1.67%), DF (1.67%); coinfections: BH+GL+DF (2.5%), BH+GL (9.2%), BH+DF (5.83%) (95% CI). BH occurred across all nutritional statuses, mainly in overweight/normal-weight children; GL was linked to underweight, DF to stunting. Three dietary patterns were assessed: DP1 Low in vegetables, fruits, protein; DP2 High in all food groups + sweets; and DP3 Balanced (moderate core foods, low sweets). Dominant GM phyla were: Bacillota>Bacteroidota>Actinobacteriota>Pseudomonadota>Verrucomicrobiota. GM composition varied significantly by age, borderline by protozoan (co)infections, but not by DP or nutritional status as indicated by α -diversity. Protozoan (co)infections were associated with: BH+GL+DF: $\uparrow$ Prevotella, Sutterella, Oscillibacter ASV693, E. eligens ASV671. BH+GL: $\downarrow$ Escherichia/Shigella, Ruminococcus. BH+DF: $\uparrow$ Akkermansia, Monoglobus. Nutritional status was a key factor shaping GM, independent of protozoan infection. Bacteroidota relative abundance



correlated significantly with DPs. Conclusion. Our findings reveal a high prevalence of BH and coinfections in children, with distinct associations between nutrition. The GM composition varied by age and protozoan (co)infection, influenced by DPs and nutrition. Specific microbial shifts suggest impacts of protozoan occurrence. Nutritional status drives overall GM structure, while Bacteroidota relative abundance links to DPs. These findings highlight the complex interplay between intestinal protozoa, diet, nutrition, and GM in early life.

Keywords: gut microbiota, protozoa, Colombia, dietary patterns, children

Financing: ZEF- Center for DEvelopment Research, Germany. STIBET-DAAD. fiat panis foundation

Acknowledgments: To the 110 participating children and their legal caregivers, kindergartens and headmasters for their assistance. To UDENAR, ICBF in Pasto, Colombia, and IMMIP staff - Institute of Microbiology, Immunology and Parasitology of the University of Bonn, Germany.



VANILIN AND OTHER PHENOLIC COMPOUNDS PRODUCTION BY MICROCOCCUS LUTEUS TG3.30 in HYDROTHERMAL HYDROLYZED SUGARCANE BAGASSE RETREATED WITH OZONE.

Lara Maria Bianchetti¹, Sergio GOMÉZ-ALONSO², Mauricio Boscolo¹, Gustavo Mastzker¹, Roberto Da Silva¹, Eleni Gomes¹

(1) Sao paulo State University (Unesp), Laboratory of Bioenergy and Microbiology, Rua Cristovão Colombo, 2265, Jardim Nazareth, Sao José do Rio Preto/SP, Brazil

(2) Universita de Castilla de La Mancha, Cuemistry, Ciuda R\$eal, Espanha

The cultivation of sugarcane for sugar and alcohol production in Brazil results in the largest amount of bagasse and straw which are sources of cellulose, hemicellulose and lignin. The use of polysaccharides polymers for second generation ethanol is well established. However, the lignin used is still a challenge due to its complex aromatic structures. In this stud the bagasse was crushed by particles ranging from 1.41 to 2.83mm and underwent ozonolysis at a flow rate of 0.624 mg min⁻¹ for 10 min. After this was submitted to hydrothermal hydrolysis with 95mL water for each 5g of ozonated bagasse in an autoclave for one hour at 1 atm. At the end, the samples were filtered, with the liquid used for cultivation of soil isolated *Micrococcus luteus* Tg3.30 for evaluate its ability of bioconversion of phenolic acid present in the hydrolyzed. It was evaluating action on ferulic acid tolerance and the biotransformation into vanillin and related substances. It was added 10 or 50% of bagasse hydrolysates to 15mL of LB culture medium, along with a 10μL bacterial inoculum (OD 600 nm = 0.8). The mixture was incubated at 35°C and 150 rpm for 10 h., and each two hours, 200μL aliquots were collected from the medium for absorbance-based growth determination, chromatographic analysis and pH measurement. The aliquots collected during fermentation and the initial hydrolysates were analyzed through high performance liquid chromatography (HPLC), using 5 mM ammonium formate + 0.1% formic acid in water as solvent "A" and Solvent "B" 5 mM ammonium format + 0.1% formic acid in methanol. After 10h of fermentation *M. luteus* produced 145 mg L⁻¹ of vanillin, 32 mg L⁻¹ of coumaric acid and 21 mg L⁻¹ of acetovanillone. The significantly decreasing of ferulic acid concentration in de media suggest that bacterium transformed this phenolic acid into detected products.

Keywords: lignin; acetovanillone; vanillin; *Micrococcus luteus*.

Financing: Sao Paulo State Research Support Foundation (FAPESP)

Acknowledgments: We Thanks Sao Paulo State University (UNESP) Sao Paulo State Research Support Foundation (FAPESP) National Council for Research Development (CNPQ) Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel (CAPES)



Genomic Diversity of Andes Orthohantavirus (ANDV) in Human Cases from Chile Reveals Two Distinct Regional Variants

Hade Ramos Acevedo^{1,2}, Eugenia Fuentes-Luppichini², Mary Díaz Martínez², Catalina Rogers Alcalde², Javiera Pradenas Mateluna², Constanza Martinez-Valdebenito², Marcela Ferrés Garrido², Jenniffer Angulo Troncoso^{1,2}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Alameda 340, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Laboratorio de Infectología y Virología Molecular, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Escuela de Medicina, Marcoleta 391, Santiago, Chile

Introduction: The Andes virus (ANDV), a rodent-borne Hantavirus is the etiological agent of hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS) in Chile and Argentina. Its genome consists of three single-stranded, negative-sense RNA segments: large (L), medium (M), and small (S). The S segment encodes the nucleocapsid (N) and Non-structural (NSs) proteins, the M segment encodes the glycoprotein precursor (GPC), and the L segment encodes the RNA-dependent RNA polymerase. Despite being identified in 1995, the genomic diversity of ANDV in Chile remains poorly characterized. While variant classification schemes have been established for Argentinean strains, no comprehensive genomic characterization has been conducted for Chilean strains. This study aims to analyze the complete genome of ANDV variants isolated from infected individuals with different clinical outcomes and from diverse geographic regions of Chile.

Methods: We sequenced 30 complete ANDV genomes and an additional 31 partial genomes (S and M segments) using Illumina technology. The total number of nucleotide and amino acid changes per segment was determined and analyzed in relation to clinical severity and geographic origin of contagion. Sequence data were processed using the Galaxy web server. Phylogenetic analyses were conducted using MEGA12, employing the maximum likelihood method.

Results: We identified non-synonymous single nucleotide variants (SNVs) across all genomic segments: 28 in S, 81 in M, and 110 in L. Phylogenetic analysis revealed a clear regional clustering of sequences, with two major groups corresponding to central and southern Chile, and a transitional group in the south-central region. Sequences from the central zone exhibited over twice the number of nucleotide and amino acid changes compared to those from the south.

Conclusion: Our findings reveal substantial genetic diversity among Chilean ANDV strains, with well-defined regional patterns. The presence of two major variants highlights the importance of continued genomic surveillance. This information may support the development of improved diagnostic tools and contribute to a better understanding of viral evolution and pathogenesis.

Keywords: Andes orthohantavirus, Genomic diversity, Hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS), Single nucleotide variants (SNVs)

Financing: Funding: FONDECYT N°1230718, N°1211825, N°1161167, NIH ID14110084



Primera caracterización genómica del clon hipervirulento de *Staphylococcus aureus* ST121, aislado de pacientes pediátricos que cursaron con osteomielitis invasiva en un centro asistencial en Paraguay (2010)

Julio César Barrios Leiva¹, Rosa María Guillén Fretes¹, Grupo de estudio de *Staphylococcus aureus* del Paraguay², Julio César Barrios Leiva¹

(1) Universidad Nacional de Asunción, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Dpto. de Microbiología, Campus Universitario, San Lorenzo, Paraguay

(2) Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Hospital General Pediátrico Niños de Acosta Ñú, Arnaldo Bacigalupo, San Lorenzo, Paraguay

Staphylococcus aureus es un patógeno relevante en salud pública debido a su capacidad para provocar infecciones graves y adquirir resistencia a múltiples antibióticos. El clon ST121, generalmente sensible a meticilina (SASM), emergió globalmente como un clon hipervirulento con perfiles variados de resistencia. El objetivo del presente estudio fue la caracterización genómica de 2 aislamientos de SASM-ST121, de pacientes pediátricos con osteomielitis invasiva en Paraguay (2010), mediante un estudio descriptivo y retrospectivo. Se secuenciaron los genomas bacterianos. La preparación de las librerías y la secuenciación se llevaron a cabo utilizando la plataforma Illumina. Los ensamblajes genómicos se efectuaron mediante Shovill y la anotación con Prokka. Además se determinó el secuenciotipo (MLST) y spa-tipo, se identificaron genes de resistencia antimicrobiana, factores de virulencia y de respuesta al estrés utilizando AMRFinderPlus, así como elementos plasmídicos (PlasmidFinder). Los dos genomas analizados fueron de alta calidad, en cuanto a tamaños ($\approx 2,8$ Mbp) y %GC de 32,71%, sin regiones ambiguas (0,00 N's/100 kbp). Ambos aislamientos correspondieron al clon ST121 y spa-t159, mostrando múltiples genes de resistencia frente a fosfomicina (*fosB*), mupirocina (*murA*), tetraciclina (*tet38*), tigeciclina (*mepA*) y β -lactámicos (*bla*). Ambos aislamientos carecieron del gen *mecA*. Asimismo, presentaron genes relevantes asociados a virulencia, incluyendo la leucocidina de Panton-Valentine (*lukF/S-PV*), lisinas (*aur*, *hlgA*, *hlgB*, *hlgC*, *hld*), enterotoxinas (*seb*, *sen*, *seu*, *sei*, *sem*, *seo*, *sey*, *selX*, *selZ*), formadores de biofilm (*icaC*) y proteasas (*spIB*). Uno de los aislamientos presentó resistencia fenotípica y genotípica adicional a fenicoles (*catA* y *cadD*), además de proteasa (*splA*) y la portación de elementos plasmídicos (*rep21*, *rep7a*). Mientras que el otro aislamiento presentó moduladores inmunitarios (*scn* y *sak*). La caracterización genómica de estos aislamientos SASM-ST121 mostró un amplio repertorio de genes asociados a mecanismos de resistencia a los antibióticos y factores de virulencia, incluso en ausencia de resistencia a meticilina, significando un importante desafío terapéutico ante la diseminación de éste clon hipervirulento en el ambiente hospitalario. La presencia de plásmidos en uno de los aislamientos sugiere un enorme potencial para la transferencia horizontal de genes relacionados con resistencia antimicrobiana, destacando la importancia de la vigilancia genómica en la prevención y manejo adecuado de infecciones invasivas por *S. aureus*.



Keywords: Staphylococcus aureus sensible a meticilina (SASM), secuenciación completa del genoma (WGS), infección invasiva, Paraguay, clon ST121

Financing: El presente trabajo fue elaborado en el marco del Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas del IICS-UNA, cofinanciado por el CONACYT del Paraguay (con fondos FEEI y FONACIDE), mediante una beca completa otorgada a J.C.B.L.: Código: POSG01-79; contrato: BCAS01-12.

Acknowledgments: Grupo de Staphylococcus aureus del Paraguay encargados de la colecta en el Hospital General Pediátrico Niños de Acosta Ñú durante el año 2010: Dra. Wilma Basualdo (+), Dra. Beatriz Quiñónez (+) y Bioq. Rocío Arguello.



Cannabis sativa como Potencial Fuente de Compuestos Antibacterianos: Evaluación Comparativa de la Actividad Antibacteriana de Quimiotipos de Cannabis sativa y Cannabinoides Individuales Frente a Cepas Bacterianas de Referencia

Nicolas Guzman Castro¹, Juan Sebastián Vargas Ossa¹, Sara Orozco López¹

(1) Universidad Icesi, Valle del Cauca, Facultad Barberi de Ingeniería, Diseño y Ciencias Aplicadas, Cl. 18 #122-135, Cali, Colombia

La resistencia antimicrobiana se ha convertido en una prioridad para la salud pública global. La Organización Mundial de la Salud (OMS) publicó en el año 2024 la lista de patógenos bacterianos prioritarios debido a la frecuencia con la que se hacen resistentes a los antibióticos, por lo que acceder a nuevas opciones terapéuticas se encuentran entre las medidas anunciadas por la OMS. En este contexto, Cannabis sativa se ha postulado como una fuente prometedora de compuestos con actividad antimicrobiana. Este estudio tiene como objetivo evaluar la actividad antibacteriana de extractos etanólicos de inflorescencias de Cannabis sativa (quimiotipos II-IV) y de los cannabinoides individuales canabidiol (CBD) cannabigerol (CBG) y cannabidivarina (CBDV), frente a las cepas de referencia Staphylococcus aureus ATCC 12600 y Escherichia coli ATCC 25922. La actividad antibacteriana se llevó a cabo mediante las pruebas de difusión en pozos y dilución en agar para determinar la concentración mínima inhibitoria (CMI). S. aureus mostró una mayor sensibilidad a los extractos etanólicos de C. sativa en comparación con la cepa de E. coli. Los extractos obtenidos del quimiotipo IV (con alto contenido de CBG) presentaron la mayor actividad antibacteriana, seguidos por los del quimiotipo II (CBD dominante). Los extractos del quimiotipo III (THC:CBD equilibrado) presentaron la menor actividad antibacteriana frente a S. aureus. Esta diferencia podría atribuirse tanto a la concentración relativa de cannabinoides como a la posible sinergia con otros metabolitos presentes en las inflorescencias de C. sativa. La evaluación de los cannabinoides individuales: CBD, CBG y CBDV evidenció actividad significativa frente a S. aureus, pero no frente a E. coli. Los resultados de este estudio refuerzan el potencial de los fitocannabinoides, como candidatos para el desarrollo de nuevos agentes antimicrobianos activos, especialmente contra bacterias Gram positivas.

Keywords: Cannabis sativa, Cannabinoides, Actividad antibacteriana, resistencia antibacteriana

Financing: Este estudio fue financiado por la Fundación para la Promoción de la Investigación y la Tecnología del Banco de la República de Colombia.

Acknowledgments: Aura Elena Vivas Parra, Angélica Natalia Gallo Rojas



Study of the modulation of the endoplasmic reticulum of RAW264.7 macrophages by *Brucella abortus* 2308 by proteomic analysis.

Simón Díaz Pincheira¹, Leonardo Gómez Roa¹

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Víctor Lamas 1290 Concepción, Chile, Concepción, Chile

Brucella abortus is a bacterial pathogen that survives within phagocytic cells. During infection, *B. abortus* escapes from endosomal vesicles, avoiding lysosomal degradation, and reaches the endoplasmic reticulum (ER), where it establishes a replicative niche. In this organelle, *B. abortus* induces ER stress, which plays a crucial role in its intracellular survival. However, the mechanisms by which *B. abortus* manipulates ER stress and its impact on intracellular persistence remain poorly understood. This study evaluated the role of ER stress in RAW 264.7 macrophages infected with *B. abortus* 2308 using plate counting and mass spectrometry (nLC-MS/MS). Taurodeoxycholic acid (TUDCA), a chemical chaperone that alleviates RE stress, was used to treat infected macrophages. Functional enrichment of gene ontology (GO) analyses for up- and down-regulation of identified proteins was performed using Shiny GO. After 24 h of infection, proteomic analysis revealed significantly enriched biological processes associated with ER function and intracellular protein trafficking in infected macrophages. These processes are presumed to be essential for the intracellular survival of *B. abortus*. When we compared these biological processes with those in the TUDCA-treated group, we observed a decrease in the enrichment of ER-associated pathways and an increase in process related to vesicle-mediated transport and protein-containing complex, which could regulate the ER activity. TUDCA-treated macrophages exhibited a reduced intracellular survival of *B. abortus*, suggesting that ER stress is crucial for its persistence within host cells. These findings demonstrate a direct correlation between ER signaling and the decrease intracellular survival of *B. abortus* following TUDCA treatment. Our results highlight the importance of ER homeostasis, particularly in proper protein folding and transport, as a limiting factor for *B. abortus* survival. Therefore, our study suggest that ER stress is key factor in *B. abortus* intracellular infection.

Keywords: *Brucella*, TUDCA, Endoplasmic Reticulum, Trafficking

Financing: Este trabajo esta financiado por los proyectos; VRID N°2022000433-INI, Universidad de Concepción. FONDECYT N°1200979 & FONDECYT N°1230018



EXPLORANDO EL POTENCIAL PROBIOTICO DE BACILLACEAE AISLADOS DESDE ESPONJAS MARINAS DEL SUR DE CHILE

Edith González¹, Angara Zambrano¹, Sergio Leiva¹

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Edificio Ciencias 2. Campus Isla Teja. Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

Bacterias de la familia Bacillaceae de origen marino están emergiendo como una atractiva fuente de probióticos con diversas aplicaciones en salud humana e industrial. Sin embargo, existe muy escasa información sobre la diversidad y potencial probiótico de Bacillaceae asociados a invertebrados marinos del sur de Chile. El objetivo de este trabajo fue investigar la diversidad y potencial probiótico de Bacillaceae aislados desde esponjas marinas de la costa de Valdivia, sur de Chile. Nuestra hipótesis es que las esponjas de la costa de Valdivia son un reservorio de cepas de Bacillaceae con potencial probiótico aún no descrito.

A partir de 4 especies de esponjas marinas se aislaron 44 Bacillaceae cultivables y se identificaron molecularmente basándose en sus secuencias del gen 16S ARNr. Las propiedades probióticas de las cepas fueron evaluadas mediante un set de ensayos probióticos in vitro que incluyeron: actividad enzimática extracelular (lipasa, proteasa, amilasa y celulasa), actividad antimicrobiana contra microorganismos de referencia, capacidad de formar biopelículas, tolerancia a sales biliares, tolerancia a bajo pH, tolerancia a jugos gástricos simulados, tolerancia a pancreatina, hidrofobicidad, hemólisis y susceptibilidad a antimicrobianos. Además, se examinaron los potenciales beneficios a la salud humana determinando la actividad citotóxica de extractos bacterianos contra una línea celular de cáncer de pulmón H1299.

Un total de tres géneros (*Bacillus*, *Cytobacillus* y *Shouchella*) y 8 especies fueron identificadas, siendo *Bacillus pumilus* la especie más común. El 95,45% de las cepas presentaron actividad de enzimas hidrolíticas para al menos uno de los sustratos probados. El 81,81% de las cepas presentaron inhibición del crecimiento de al menos una de las cepas de referencia. Entre las especies con mayor potencial probiótico se incluyen *Bacillus tequilensis*, *Bacillus licheniformis*, *Peribacillus simplex*, *Peribacillus frigoritolerans* y *Priestia megaterium*, aislados desde la esponja *Cliona chilensis*. Estos resultados sientan las bases para futuros estudios in vivo de Bacillaceae marinos probióticos y sus aplicaciones en salud humana, animal, acuícola y ambiental.

Keywords: Probióticos, Bacillaceae, Esponjas marinas

Acknowledgments: Agradecimientos: Este estudio fue financiado por el Proyecto INES-52 de la Universidad Austral de Chile



Identificación de conglomerados espacio-temporales de alta incidencia de criptococosis en Colombia y su asociación con factores ambientales y socioeconómicos (2009–2023)

Natalia Andrea Davila Garcia¹, Juan David Gutierrez^{2,3}, Johanna Tapias Rivera⁴

(1) Universidad de Santander UDES, Maestría en Investigación en Enfermedades Infecciosas, Salud, Calle 70 #55-210, Bucaramanga, Colombia

(2) Universidad de Santander UDES, Facultad de Ciencias Médicas y de la Salud, Calle 70 #55-210, Bucaramanga, Colombia

(3) Instituto Masira, Facultad de Ciencias Médicas y de la Salud, Carrera 19 No. 36-20, piso 10, Bucaramanga, Colombia

(4) Universidad de Santander UDES, Facultad de ciencias exactas naturales y agropecuarias, Calle 70 #55-210, Bucaramanga, Colombia

La criptococosis, micosis sistémica causada por el complejo *Cryptococcus neoformans/gattii*, continúa siendo una enfermedad desatendida pese a su elevada morbilidad en poblaciones inmunocomprometidas. En Colombia, la incidencia anual estimada es de 0,3 a 0,5 casos por 100.000 habitantes, aunque esta cifra probablemente está subestimada debido a limitaciones en la notificación y el diagnóstico oportuno. El país presenta una alta carga de VIH, con una prevalencia aproximada de 0,5 % en adultos, y una creciente incidencia de cáncer, factores que incrementan la vulnerabilidad frente a infecciones oportunistas como la criptococosis. A ello se suma una marcada variabilidad climática: la región Andina con temperaturas templadas y lluvias estacionales, la Amazonía con alta humedad y el Caribe con periodos de sequía e intensas precipitaciones, condiciones que favorecen la persistencia y dispersión de *Cryptococcus* en el ambiente. El objetivo de este trabajo fue identificar conglomerados espacio-temporales de criptococosis en Colombia (2009–2023) y explorar su relación con factores ambientales y socioeconómicos.

Se desarrolló un estudio ecológico, observacional y retrospectivo a nivel municipal. Se aplicaron Sistemas de Información Geográfica (SIG) y el modelo de escaneo espacial de Kulldorff (SaTScan), integrando datos de vigilancia con variables climáticas y sociales. Se registraron 1.805 casos, con una incidencia acumulada nacional de 4,07 por 100.000 habitantes, principalmente en hombres entre 29 y 59 años. Se identificaron nueve conglomerados estadísticamente significativos. Brotes focales de alto riesgo se presentaron en municipios pequeños como Tinjacá (Boyacá), Aracataca (Magdalena) y Carurú (Vaupés), sugiriendo condiciones ambientales y poblacionales particulares. Paralelamente, se detectaron focos endémicos de amplia extensión y persistencia en Cundinamarca y Nariño, mientras que en Sucre se evidenció un conglomerado emergente de significancia marginal.

Estos hallazgos aportan la primera evidencia robusta de heterogeneidad espacio-temporal de la criptococosis en Colombia, y refuerzan la necesidad de estrategias de vigilancia y control adaptadas a contextos locales. La integración de epidemiología espacial y determinantes sociales permite avanzar hacia un abordaje de “Una Salud”,



clave para enfrentar las micosis invasivas en la región.

Keywords: Criptococcosis, Epidemiología espacial, Análisis por conglomerados, Determinantes Sociales, Ambiente

Financing: No cuenta con financiamiento.

Acknowledgments: A mi familia, por su amor y apoyo permanente, mis tutores, por su valiosa orientación en cada etapa de este proyecto, la Universidad de Santander y al Programa de Maestría en Enfermedades Infecciosas, por enriquecer mi formación académica e investigativa.



Polymyxin Resistance in *Aeromonas* spp. in Rio de Janeiro: A One Health Perspective

Elizabeth Rabelo¹, Júlia Silva¹, Heloisa Rosa¹, Felipe Simão¹, Tatiane Xavier¹, Jade Colomer¹, Robson Leão¹, Mara Queiroz¹, Angela Freitas -Almeida¹

(1) State University of Rio de Janeiro;, Department of Microbiology, Immunology and Parasitology (DMIP), Faculty of Medical Sciences, UERJ, Blvd. 28 de Setembro, 87 - Vila Isabel, Rio de Janeiro, BRAZIL

Aeromonas spp. are Gram-negative bacteria ubiquitous in aquatic environments and recognized as opportunistic pathogens in humans and animals. In light of the emergence of antimicrobial resistance, the study of these bacteria fits within the One Health approach, which acknowledges the interconnection between human, animal, and environmental health. Polymyxins, considered one of the last therapeutic options against infections caused by multidrug-resistant bacteria, have shown reduced efficacy due to the increasing number of resistant strains, posing a significant threat to public health. Resistance can be mediated by chromosomal mutations or by the acquisition of plasmid-mediated genes, such as those from the *mcr* family, which facilitate dissemination among different bacterial species. This study aimed to evaluate resistance to polymyxins B and E in *Aeromonas* spp. strains isolated from different sources in the municipality of Rio de Janeiro between 1994 and 2022. A total of 46 strains were analyzed, previously screened by broth macrodilution with colistin (4 µg/mL) and subsequently tested by broth microdilution to determine the Minimum Inhibitory Concentration (MIC), according to BrCAST (2022) guidelines. Detection of the *mcr*-1, *mcr*-2, *mcr*-3, *mcr*-4, *mcr*-5, and *mcr*-9 genes was performed by PCR. Among the 46 strains, 34 (74%) were resistant to colistin. Of these, seven were of clinical origin (feces and blood), six from environmental samples (water from Rodrigo de Freitas Lagoon), and 21 from food sources (mainly fish and fresh Minas cheese). The MIC range varied from 4 µg/mL to ≥128 µg/mL. The clinical strains (n=16) were also tested against polymyxin B, with 56.25% (n=9) showing resistance. Most of the resistant strains were identified as *A. hydrophila* and *A. caviae*. One *mcr*-3-positive strain, susceptible to colistin, was isolated from brackish water. The results highlight the need to monitor polymyxin resistance in *Aeromonas* spp., especially in aquatic environments and food, which may serve as reservoirs and vectors of resistance genes. These findings represent a risk to both human and animal health, reinforcing the importance of integrated measures within the One Health framework. Genomic studies are essential to elucidate the mechanisms involved.

Keywords: *Aeromonas* spp.; Polymyxin resistance; Antimicrobial resistance; *mcr* genes; One Health

Financing: This study was supported by the Brazilian Federal Agency for Support and Evaluation of Graduate Education (CAPES).

Acknowledgments: This work was supported by the Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel (CAPES) and by the teams of Laboratory 6 and LabMiFC of the Department of Microbiology at the State University of Rio de Janeiro (UERJ).



Comparación de bacterias y levaduras aisladas de mucosa oral en individuos con y sin periodontitis

María Fernanda Coronado González¹, Ana Lourdes Zamora Perez², Alfonso Castañeda Martínez³, Cesar Arturo Nava Valdivia⁴, Luis Alfonso Muñoz Miranda⁴, Claudia Berenice Tinoco Cabral⁵

(1) Universidad de Guadalajara, Maestría en Microbiología Médica, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, México

(2) Universidad de Guadalajara, Instituto de Investigación en Odontología, Departamento de clínicas Odontológicas Integrales, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(3) Universidad Autónoma de Nayarit, Instituto de investigación odontológica, Universidad Autónoma de Nayarit, Ciudad de la Cultura "Amado Nervo" C.P. 63155, Tepic, Nayarit, México

(4) Universidad de Guadalajara, Centro de Investigación en Enfermedades Infectocontagiosas (CIEIC), Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(5) Universidad de Guadalajara, Doctorado en Microbiología Médica, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

INTRODUCCIÓN:

La periodontitis es una enfermedad inflamatoria crónica que compromete los tejidos de soporte dental, siendo causada principalmente por la acumulación de biopelículas bacterianas. Aunque la investigación se ha enfocado tradicionalmente en las bacterias subgingivales, se ha identificado que la mucosa oral también funciona como reservorio microbiano. Estudios recientes sugieren que tanto bacterias como levaduras, en particular del género *Candida*, pueden intervenir en la progresión de esta enfermedad al influir en la respuesta inmune del huésped y fomentar la disbiosis. El objetivo de este estudio fue comparar el aislamiento de bacterias y levaduras en la mucosa oral de personas con y sin periodontitis.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se llevó a cabo un estudio observacional y transversal con dos grupos: 20 individuos sin periodontitis y 16 con diagnóstico clínico de periodontitis. Todos los participantes firmaron consentimiento informado. Las muestras de mucosa oral se recolectaron y conservaron en medio de transporte Stuart. Posteriormente, se cultivaron en diferentes medios: agar sangre, chocolate, hemina-menadiona, eosina-azul de metileno, sal y manitol, y Biggy, incubándose a 37 °C por 24 horas. La identificación macroscópica se realizó según las características de las colonias, mientras que la clasificación microscópica se hizo mediante tinción de Gram. El sistema automatizado MicroScan permitió confirmar los géneros y especies, y la presencia de *Candida* fue verificada con la prueba del tubo germinativo.



RESULTADOS:

En los individuos con periodontitis se observó mayor diversidad de microorganismos, destacando bacterias gramnegativas y mayor frecuencia de *Candida*. En cambio, los individuos sanos mostraron una microbiota más equilibrada, con predominio de *Streptococcus* spp. Además, se observó mayor frecuencia de *S. aureus*, *S. alfa*-hemolítico y *E. coli* en pacientes con periodontitis, mientras que en los sanos predominó *S. gamma*-hemolítico, indicando un perfil microbiano distinto según el estado periodontal.

CONCLUSIÓN:

La mucosa oral en pacientes con periodontitis presenta una composición microbiana más compleja y patógena. Estos resultados apoyan la hipótesis de que la mucosa podría actuar como reservorio de microorganismos que favorecen la progresión periodontal, siendo clave su control en estrategias terapéuticas.

Keywords: Periodontitis, bacterias, *Candida*, mucosa oral

Financing: Se obtuvieron recursos a través de la Universidad Autónoma de Nayarit



Caracterización de Cepas α EPEC/STEC de *Escherichia coli* Relacionadas con *Shigella boydii* 16 Aisladas de Agua de Riego Agrícola

Yessica Enciso-Martínez¹, Edwin Barrios Villa¹, Manuel Gerardo Ballesteros Monrreal¹, Armando Navarro Ocaña², Jesús Fernando Ayala Zavala³, Dora Valencia¹, Gustavo A. González Aguilar³, Miguel A. Martínez Téllez³

(1) Universidad de Sonora, Ciencias Químico-Biológicas y Agropecuarias, Interdisciplinaria de Ciencias Biológicas y de la Salud, 83621, Caborca, México

(2) Universidad Nacional Autónoma de México, Salud Pública, Medicina, 04510, Ciudad de México, México

(3) Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C., Coordinación de Alimentos de Origen Vegetal, 83304, Hermosillo, México

La calidad del agua de riego es un factor determinante para la productividad agrícola y la seguridad alimentaria, ya que puede actuar como vía de transmisión de microorganismos patógenos como *Escherichia coli*, representando un riesgo considerable para la salud pública. Este estudio evaluó la presencia de cepas patógenas de *E. coli* en agua de riego utilizada en la producción agrícola en Hermosillo, Sonora, México. Para ello, se recolectaron y analizaron 445 muestras provenientes de diferentes puntos del sistema de producción de melón Honeydew, incluyendo campos agrícolas, agua de riego, agua de lavado, mesas de empaque, cajas de empaque y manos de trabajadores. A partir de este muestreo, se aislaron 32 cepas de *E. coli*. Dos de ellas, denominadas A34 y A51, fueron recuperadas específicamente del agua de riego y seleccionadas para su caracterización por su alto potencial patogénico. El análisis molecular reveló que ambas portaban los genes de virulencia *bfpA* y *stx1*, clasificándolas como pertenecientes al patotipo híbrido α EPEC/STEC. Ensayos de adherencia en líneas celulares HeLa mostraron patrones agregativos y difusos. El análisis filogenético indicó que la cepa A34 pertenecía al grupo filogenético B2, reconocido por su elevada virulencia y resistencia antimicrobiana, mientras que A51 no se agrupó en un clado filogenético específico. La serotipificación demostró que ambas cepas compartían antígenos somáticos con *Shigella boydii* 16. Además, las pruebas de susceptibilidad antimicrobiana revelaron resistencia a múltiples antibióticos, incluidas cefalosporinas y β -lactámicos, y la presencia de los genes *blaCTX-M15* y *blaCTX-M9*. No se detectaron genes de resistencia a quinolonas, sugiriendo otros mecanismos, como la acción de bombas de eflujo o mutaciones en *gyrA* y *parC*. Estos hallazgos subrayan la importancia de implementar medidas estrictas para el control de la calidad del agua de riego, a fin de salvaguardar la salud pública y la inocuidad alimentaria.

Keywords: bacterias patógenas, agua de riego, virulencia, resistencia antimicrobiana, patotipos



Identification and genomic analysis of virulence factors in *Burkholderia cenocepacia* associated with cepacia syndrome in a cystic fibrosis patient

Tatiane Xavier¹, Heloisa Rosa¹, Felipe Simão¹, Jade Colomer¹, Elizabeth Rabelo¹, Tânia Folescu², Renata Cohen², Fabiola Kegele², Robson Leão¹, Elizabeth Marques¹

(1) State University of Rio de Janeiro, Microbiology, Immunology and Parasitology, School of Medical Sciences, Av. 28 de Setembro, 87. 3rd floor. Vila Isabel. Postal Code: 20551-030, Rio de Janeiro, Brazil

(2) Fernandes Figueira Institute, Pediatrics Department, Av. Rui Barbosa 716. Flamengo. Zip code: 22250-020, Rio de Janeiro, Brazil

Cystic fibrosis (CF) is a multisystemic genetic disorder characterized by a defect in the CFTR protein, leading to thick secretions and a predisposition to chronic respiratory infections. The *Burkholderia cepacia* complex (Bcc), comprising 27 species, stands out as a group of Gram-negative, opportunistic, multidrug-resistant bacilli. *Burkholderia cenocepacia* is one of the most virulent species within the Bcc and is among the main etiological agents of cepacia syndrome (CS), a severe condition associated with intense pulmonary inflammation, bacteremia, respiratory failure, and high mortality rates. Given the clinical impact of *B. cenocepacia* in individuals with CF, this study – conducted at a pediatric reference institute in Brazil – aimed to compare, with emphasis on virulence factors, the genomes of five clinical isolates obtained from sputum and blood cultures of a patient who progressed to CS, and two epidemic strains associated with global outbreaks (*B. cenocepacia* J2315 and ST32), to elucidate potential associations with disease severity. Initially, using MALDI-TOF, the isolates were phenotypically characterized as members of the Bcc and identified as *B. cenocepacia*. Whole-genome sequencing enabled precise identification of the isolates as *B. cenocepacia* genomovar III-A, confirmed by *recA* gene alignment. MLST genotyping revealed a novel sequence type (ST2424), described for the first time in this study and not associated with any known clonal complex. Phylogenomic analysis (dDDH, ANI, and AAI) confirmed species identification and demonstrated the genetic relation among the isolates to epidemic reference strains. A total of 188 virulence genes were identified, including those related to secretion systems, adhesion, capsule formation, biofilm production and siderophores. Comparative analysis with epidemic strains revealed a conserved core genome, but with gene variations in capsule and cell wall components, suggesting genetic adaptations. Moreover, a unique gene, *gipA*, was identified exclusively in the clinical isolates, associated with intracellular replication in macrophages and immune evasion. The observed genomic plasticity may be related to clonal diversification and coexistence of multiple phenotypes, potentially influencing pathogenicity. These findings contribute to the understanding of *B. cenocepacia* virulence mechanisms in CF patients, highlighting the importance of epidemiological surveillance and characterization of emerging lineages.

Keywords: Cystic Fibrosis, *Burkholderia Cenocepacia*, Cepacia syndrome, Genomic analysis, Virulence



Financing: This work was supported by the Brazilian Federal Agency for Support and Evaluation of Graduate Education (CAPES).

Acknowledgments: This work was supported by the Brazilian Federal Agency for Support and Evaluation of Graduate Education (CAPES), and by the team of the Cystic Fibrosis Microbiology Laboratory (LabMiFC).



Detección de *Listeria monocytogenes* en quesos artesanales comercializados en diferentes establecimientos de Poxtla, Estado de México, México.

Maribel Lerín-Tovar¹, Suzette Juárez-Contreras², Jaime Bustos-Martínez¹, Aida Hamdan-Partida¹

(1) Universidad Autónoma Metropolitana, Departamento de Atención a la Salud, Unidad Xochimilco, Calz. del Hueso 1100, Coapa, Villa Quietud, Coyoacán, 04960 Ciudad de México, México, Ciudad de México, México

(2) Universidad Autónoma Metropolitana-Xochimilco, Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud, Calz. del Hueso 1100, Coapa, Villa Quietud, Coyoacán, 04960 Ciudad de México, México, Ciudad de México, México

Listeria monocytogenes es una bacteria patógena de gran impacto en salud pública asociada a la contaminación alimentaria. Esta bacteria puede ser aislada de diversos productos lácteos que son elaborados a partir de leche cruda, lo que representa el mayor riesgo de diseminación del patógeno. *L. monocytogenes* provoca la enfermedad "listeriosis" para la que se estiman 1600 casos y 260 muertes por año en el mundo; pese a que es relativamente rara (0.1 a 10 casos anuales por millón de habitantes) existen altas tasas de mortalidad (20% - 30%) especialmente en grupos poblacionales de alto riesgo como embarazadas, ancianos, neonatos e inmunocomprometidos. El objetivo de este estudio fue determinar la presencia de *L. monocytogenes* en quesos artesanales comercializados en diferentes establecimientos de Poxtla, Estado de México, México. Se obtuvieron 10 muestras de 4 tipos de quesos artesanales (3 quesos panela de leche descremada, 1 queso panela de leche semidescremada, 3 quesos de aro y 3 estilo quesillo). Los quesos se homogeneizaron, se colocaron 25 g de muestra en caldo de enriquecimiento para *Listeria* y se sembraron por duplicado en medio selectivo Oxford; luego fueron incubados durante 24 horas a 35°C. A los cultivos presuntivos se les realizaron pruebas macroscópicas, microscópicas y bioquímicas. También se realizó identificación molecular para lo cual se extrajo ADN de las cepas y se amplificó el gen 16S rRNA mediante PCR punto final; el producto de PCR fue enviado a secuenciar. Se obtuvieron 10 cepas que mostraron características macroscópicas y morfología microscópica de bacilo corto grampositivo. Solo 3/10 cepas mostraron características bioquímicas referentes a *L. monocytogenes* siendo catalasa positiva, β - hemolisis, movilidad en SIM positiva y ramnosa positiva; de las cuales, solo una cepa perteneciente a queso de aro mostró movilidad giratoria. La secuenciación del gen 16S rRNA mostró que la cepa obtenida no correspondió a *L. monocytogenes* si no a *Raoultella ornithinolytica*, por lo que es necesario hacer una revisión de la normativa metodológica que se utiliza para la identificación de *L. monocytogenes*. En conclusión, los quesos artesanales analizados de Poxtla, Estado de México, no están contaminados por *L. monocytogenes* sino por *Raoultella ornithinolytica*.

Keywords: *Listeria monocytogenes*, Quesos, Salud pública, Contaminación



Evaluación de la actividad desinfectante y etiquetado de productos comerciales a base de ácidos orgánicos

Montserrat Delgado Quintero¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, María Guadalupe Zamudio Sainz¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Calz. de las Américas Nte 2771, Cd Universitaria, Burócrata, 80030, Culiacán Sinaloa, México

Introducción: Los desinfectantes a base de ácidos orgánicos surgen como una alternativa ecológica y segura para la reducción y eliminación de los microorganismos en alimentos y objetos. **Objetivo:** El objetivo del estudio es la evaluación de la actividad antimicrobiana y etiquetado de los productos comerciales a base de ácidos orgánicos distribuidos en Culiacán, Sinaloa, México. **Metodología:** Para ello, se recolectaron 9 productos desinfectantes (A - I) a base de ácidos orgánicos comercializados en supermercados locales. Primeramente, se realizó un cotejo de cumplimiento de las disposiciones oficiales mexicanas de etiquetado y envasado para productos de aseo de uso doméstico según la NOM-189-SSA1/SCFI-2018. El poder antimicrobiano de los desinfectantes frente a *Escherichia coli* ATCC25922 y *Staphylococcus aureus* ATCC14028 se evaluó mediante la prueba de pozo, y la actividad antimicrobiana se interpretó mediante la medición del halo de inhibición expresada en mm. **Resultados:** El 56 % (5/9) de los desinfectantes (D-F, H, I) cumplen parcialmente con las disposiciones evaluadas, siendo los atributos principalmente incumplidos: "lote", "leyendas precautorias de uso" y "declaración de ingredientes". La actividad antimicrobiana del desinfectante varió según el producto comercial ($P < 0.05$) y la bacteria empleada ($P < 0.05$). *S. aureus* se mostró sensible a todos los desinfectantes y con halos de inhibición que oscilaron de 11.7 a 28.7 mm. Mientras que, *E. coli* fue resistente a dos desinfectantes (D y H). **Conclusiones:** Los ácidos orgánicos son un compuesto biodegradable potencialmente útil para el control microbiológico. No obstante, el etiquetado y la actividad frente a diversos microorganismo requieren ser revisados para garantizar la seguridad de uso.

Keywords: Control, Desinfección, Inocuidad, Microbio

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico (LiDIM) de la Universidad Autónoma de Sinaloa.



Microbiological and Genetic Profile of Gram-Negative Bacilli Isolated from Blood Cultures: Comparative Evaluation of the BioFire® BCID2 Panel and the VITEK2® System from 2022 to 2024

Mirliene Gomes¹, Silvia Castro², Roberta Gama², Elizabeth Rabelo¹, Breno Ambrosio¹, Elizabeth Marques¹, Robson Leão¹

(1) State University of Rio de Janeiro, Department of Microbiology, Immunology and Parasitology (DMIP), Faculty of Medical Sciences, UERJ, Blvd. 28 de Setembro, 87 - Vila Isabel, Rio de Janeiro, Brazil

(2) Pedro Ernesto University Hospital, Clinical Bacteriology Laboratory (LABAC), Faculty of Medical Sciences, UERJ, Blvd. 28 de Setembro, 87 - Vila Isabel, Rio de Janeiro, Brazil

Rapid microbiological evaluation plays a crucial role in achieving accurate clinical diagnoses. In this context, syndromic molecular tests, capable of detecting multiple targets simultaneously, have transformed the diagnostic landscape by significantly reducing the time required to identify pathogens, enabling the early initiation of more effective antimicrobial therapy. This study aimed to compare the effectiveness of the BioFire® BCID2 molecular panel with the VITEK2® automated phenotypic system in the identification of Gram-negative bacilli (GNB) and the detection of resistance genes, using blood samples from patients admitted to ICUs and critical care units. A total of 562 positive blood cultures, collected between 2022 and 2024, were analyzed. Of these, 500 (88.96%) represented monomicrobial infections and 62 (11.03%) polymicrobial infections. The main species identified by the BioFire® BCID2 panel were *Klebsiella pneumoniae* (28.81%), *Escherichia coli* (19.10%), *Pseudomonas aeruginosa* (12.69%), and the *Acinetobacter baumannii*-*calcoaceticus* complex (13.28%). Agreement between methods was high (PPA = 90.04%). Discrepancies were found in 56 samples (9.96%), including both polymicrobial and monomicrobial cases. These were analyzed using the Chi-square test, which revealed a statistically significant difference between the variables, indicating that the discrepancies did not occur randomly. These findings are consistent with records from 2022, when a technical issue with blood culture bottles led to multiple misidentifications by the BioFire® BCID2 panel. A total of 195 (34.69%) isolates carrying resistance genes were identified, notably *bla*CTX-M (27.69%), *bla*KPC (56.14%), *bla*NDM (24.56%), and *bla*OXA-48-like (19.29%), predominantly in *K. pneumoniae* and other members of the Enterobacterales order. In 82 samples, simultaneous amplification of resistance genes was observed, with the combination *bla*CTX-M + *bla*KPC being the most prevalent (37.8%). Four samples also showed phenotypic profiles of ESBLs detected by VITEK2®, without genotypic correspondence in the BioFire® BCID2 panel. The BCID2 panel demonstrated high agreement when compared to VITEK2® and proved effective in detecting microorganisms and resistance genes. However, the identified discrepancies underscore the need to integrate phenotypic and molecular approaches to achieve more comprehensive and reliable diagnoses of bacterial resistance.

Keywords: (1) Microbiological diagnosis; Gram-negative bacilli; Bloodstream infection; BioFire® BCID2; VITEK2



Financing: This study was supported by the Brazilian Federal Agency for Support and Evaluation of Graduate Education (CAPES).

Acknowledgments: This work was supported by CAPES, the Clinical Microbiology Laboratory (LabMiFC), and the Bacteriology Laboratory (LABAC) at Pedro Ernesto University Hospital, affiliated with the Microbiology Department of the State University of Rio de Janeiro (UERJ).



INTERACTION OF BACTERIA ISOLATED FROM KOMBUCHA FERMENTED TEA WITH *Saccharomyces cerevisiae* AND *Limosilactobacillus fermentum* IN ETHANOLIC FERMENTATION

Julieny Aline da Siva Nascimento¹, José Machado da Silva Neto¹, Sandra Regina Ceccato-Antonini²

(1) UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO, CIÊNCIA, TECNOLOGIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS, ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA LUIZ DE QUEIROZ, Av. Pádua Dias, 11 - Agronomia, SP, 13418-900, PIRACICABA, BRASIL

(2) UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS, Tecnologia Agroindustrial e Sócio-Economia Rural, CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, RODOVIA ANHANGUERA, KM 174, ARARAS- SP, BRASIL

The sugar-alcohol industry often experiences reduced efficiency in the ethanolic fermentation process due to the presence of undesirable microorganisms, which affect the viability of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. In systems such as kombucha, synergistic interactions are observed between acetic acid bacteria, lactobacilli, and yeasts, including *S. cerevisiae*. The objective of this study was to explore the use of this symbiotic consortium in developing microbial formulations capable of enhancing the performance of process yeast and acting as antagonists against *Limosilactobacillus fermentum*. In this study, bacteria isolated from fermented tea of *Camellia sinensis* (kombucha) were tested for their ability to support the process yeast and ethanol yield and/or to control the contaminant bacterium. The assays were carried out in sugarcane broth at 30 °C under agitation for 24 h. Yeast counts were determined using a Neubauer chamber, and bacterial counts by plating on MRS medium; ethanol content was measured using a densimeter after distillation. Results showed that, in the condition with pure *S. cerevisiae*, cell viability increased with ethanol production reaching 3.0% (w/v). In the presence of *L. fermentum*, yeast viability decreased, although ethanol rose to 3.6% (w/v). With the addition of strain K4, yeast viability increased along with ethanol production to 7.0% (w/v). When co-inoculated with *L. fermentum*, yeast growth was further enhanced and the bacterium was drastically reduced, with ethanol reaching 7.2% (w/v). Strain K15 also promoted yeast viability, resulting in 6.1% (w/v) ethanol, and under co-inoculation, further increased yeast growth and reduced the contaminant bacterium, yielding 4.9% (w/v) ethanol. The data indicate that strains isolated from kombucha acted as biocontrol agents against *L. fermentum*, enhancing ethanol production by *S. cerevisiae*.

Keywords: Ethanolic fermentation; kombucha; *Saccharomyces cerevisiae*; microbial control; bioprocesses.

Acknowledgments: Centro de Ciências Agrárias da UFSCar (CCA) - projeto FAI RTI-CCA.



Evaluación del Cobas® 4800 System para la detección cualitativa del VIH-1

Alicia Fleites Vázquez¹, María Teresa Pérez Guevara², Liuber Yans Machado Zaldívar³, Madeline Blanco de Armas³

(1) Laboratorio de Investigaciones del Sida LISIDA, Laboratorio de Control de la Calidad, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba

(2) Laboratorio de Investigaciones del Sida LISIDA, Subdirección Gestión de la Calidad, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba

(3) Laboratorio de Investigaciones del Sida LISIDA, Laboratorio de Biología Molecular, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba

El virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), causante del Síndrome de Inmunodeficiencia Adquirida (SIDA), afecta a millones globalmente. En niños menores de 18 meses, hijos de madres seropositivas, las pruebas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) aplicadas a muestras de sangre seca (DBS) han revolucionado el diagnóstico, superando las limitaciones de las pruebas serológicas, influenciadas por anticuerpos maternos. Estas técnicas son esenciales para un diagnóstico temprano y la implementación del tratamiento antirretroviral. En Cuba, el Laboratorio Nacional de Referencia para el diagnóstico de retrovirus (LISIDA) evaluó el desempeño de la prueba cualitativa Cobas® HIV-1 en el sistema Cobas® 4800 System como reemplazo al COBAS® AmpliPrep / Cobas® TaqMan®, ambos de Roche Diagnostics. Este sistema automatizado permite la extracción, amplificación y detección de ácidos nucleicos, optimizando el diagnóstico del VIH-1. El estudio incluyó 388 muestras humanas positivas y negativas al VIH-1. Se evaluaron parámetros como sensibilidad, especificidad, concordancia, robustez y precisión; en el análisis de la linealidad se empleó el panel AccuSpan™ HIV-1 RNA Linearity 2410-0221 desarrollado por SeraCare Life Sciences. Las muestras positivas abarcaron diversos subtipos y formas recombinantes presentes en Cuba. Los resultados mostraron una sensibilidad y especificidad diagnósticas superiores al 99%, alta robustez ante variaciones controladas y ausencia de contaminación cruzada. La linealidad del sistema demostró su capacidad para detectar el VIH-1 de manera precisa y consistente en diferentes niveles de concentración del analito. Adicionalmente el índice kappa, interpretado según lo propuesto por Landis y Koch en 1977, reveló una concordancia casi perfecta con el sistema anterior, validando su confiabilidad y consolidando la transición tecnológica. La implementación del Cobas® 4800 System no solo refuerza la capacidad diagnóstica en Cuba, sino que también contribuye al cumplimiento de las metas ONUSIDA 95-95-95, enfocadas en diagnóstico temprano, tratamiento efectivo y supresión viral. Este avance responde a los desafíos de salud pública, fortaleciendo las herramientas disponibles para el control de la epidemia del VIH.

Keywords: VIH-1, DBS, Cobas® 4800 System, diagnóstico molecular



Desarrollo una bebida fermentada a base de cañihua (*Chenopodium Pallidicaule*) utilizando bacterias lácticas

Alex Danny Chambi Rodriguez¹, Marcial Ibo Silva jaimes², Úrsula Gonzales Barrón³

(1) Universidad Nacional Agraria la Molina, Facultad de Zootecnia, Av La Molina S/N, Lima, Perú

(2) Universidad Nacional Agraria La Molina, Laboratorio de Microbiología de Alimentos, Facultad de Industrias Alimentarias, Av. La Molina S/N, Lima, Peru

(3) Instituto Politécnico de Braganza, Centro de Investigación de Montaña CIMO, Escuela de Agricultura, Bragança, Portugal

En los últimos años, las bebidas probióticas han cobrado relevancia debido a su potencial para regenerar la microbiota intestinal y contribuir al tratamiento de diversas enfermedades; sin embargo, muchos de estos productos son lácteos, lo que dificulta su consumo por personas intolerantes a la lactosa, haciendo necesario el desarrollo de alternativas libres de este componente. Por lo antes expuesto, el objetivo de la presente investigación fue desarrollar una bebida fermentada a base de cañihua utilizando bacterias lácticas. Se formularon cuatro tratamientos variando el cultivo iniciador (*Lactobacillus bulgaricus*, *Streptococcus thermophilus* y *Lactobacillus rhamnosus*, siendo este último un probiótico) y la concentración de sacarosa. Durante la fermentación se realizó el conteo celular de las cepas inoculadas a intervalos de una hora hasta completar siete lecturas, y con estos datos se construyeron curvas cinéticas de crecimiento utilizando la ecuación de Gompertz. Además, se midieron propiedades fisicoquímicas como el pH y la acidez, y al final del proceso se evaluaron la reología y la composición proximal. Los resultados indicaron que el tratamiento T4 presentó la mayor concentración de microorganismos (2.33 LN UFC/mL) y el mejor ajuste al modelo ($R^2 = 0.98$); el pH osciló entre 5.8 y 4.79; en cuanto al comportamiento reológico, T1 y T3 mostraron un comportamiento pseudoplástico, mientras que T2 y T4 fueron dilatantes; finalmente, no se encontraron diferencias significativas en la composición proximal. En conclusión, se desarrolló una bebida con potencial probiótico apta para personas intolerantes a la lactosa.

Keywords: Bebida fermentada, cañihua, probióticos, *Lactobacillus rhamnosus*

Acknowledgments: El estudio fue financiado por el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados – PROCIENCIA en el marco del proyecto ALIANZAS INTERINSTITUCIONALES PARA PROGRAMAS DE DOCTORADO – ETAPA II, “NUTRICIÓN”, CONTRATO N° PE501092713-2024 PROCIENCIA-BM



Estrategias domésticas para el control de la calidad microbiológica de fresas frescas para el consumo (Fragaria x ananassa)

Paloma De Fatima Alvarado Castro¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Aniela Lizeth Peñuelas Alvarez¹, Lucio De Jesús Hernández Díaz¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Calz de las Americas Nte 2771, Cd Universitaria, Burócrata, 80030, Culiacan, Sinaloa, México

Introducción: La fresa (Fragaria x ananassa) fresca es una fruta para el consumo humano, que puede verse vulnerable a daños mecánicos y contaminación microbiológica durante la cadena de producción. Las estrategias de descontaminación en el hogar surgen como una necesidad para mantener la integridad y la inocuidad de la fresa. **Objetivo:** El objetivo del estudio fue evaluar algunas estrategias domésticas para el control microbiológico de las fresas frescas. **Metodología:** Se adquirieron paquetes de fresas frescas (≈ 10 g/unidad) de un proveedor local. Las fresas se desinfectaron, secaron e inocularon con una suspensión de Salmonella ATCC14028 (5 Log UFC/g), y se sometieron a las diferentes estrategias domésticas: NaOCl (instrucción de fabricante), CH₃COOH/NaHCO₃ (inmersión), lavado con agua purificada estéril (0.5, 1 y 5 min), refrigeración (4 °C por 7 días) y congelación (-20 °C por 7 días). La cuantificación (Log UFC/g) de Salmonella en las muestras (sin inocular, inoculadas y tratadas) se realizó por cuenta total en agar selectivo. **Resultados:** El efecto de reducción de la concentración de Salmonella en las muestras de fresas inoculadas depende de la estrategia doméstica ($P \leq 0.05$). La solución de NaOCl, lavado, y CH₃COOH/NaHCO₃ mostraron una reducción del 99.999 %, <90.0 %, y 55.8 %, respectivamente. La refrigeración y congelación permitieron el control de Salmonella durante el almacenamiento de la fresa ($P \leq 0.05$). **Conclusiones:** El lavado con agua purificada por 1 min, seguido de la solución de NaOCl y la refrigeración de las fresas se sugiere como una práctica doméstica idónea para la eliminación y control de la proliferación microbiana.

Keywords: Desinfección, fresas, inocuidad, Salmonella

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, además a la Facultad de Ciencias Químico Biológicas de la Universidad Autónoma de Sinaloa por sus instalaciones.



Production of Protocatechuic Acid by *Burkholderia sacchari* via Synthetic Biology

Raoní Kempfer Pantoja¹, Amanda Silva Santos¹, José Gregório Cabrera Gomez¹, Luiziana Ferreira da Silva¹

(1) University of São Paulo, Institute of Biomedical Sciences, Laboratory of Bioproducts, 05508-000, São Paulo, Brazil

Protocatechuic acid (PCA) is an aromatic compound derived from the shikimate pathway, with growing interest due to its antioxidant and antimicrobial properties, as well as its potential as a monomer for biopolymer synthesis. In this study, it was employed a constructed plasmid pJN101, designed to express a synthetic pathway for the biosynthesis of gallic acid, PCA, and related metabolites in *Pseudomonas* species. *Burkholderia sacchari* was evaluated as an alternative microbial chassis for PCA production, due to its metabolic versatility and industrial relevance. The pJN101 plasmid was introduced into *B. sacchari* LFM 422 by electroporation, and the recombinant strain was evaluated in shake flasks with defined medium containing glucose. The expression of the heterologous pathway resulted in the accumulation of PCA, validating the functionality of the plasmid in the new host. To further characterize the system, two glucose fed-batch bioreactor cultivations were performed under controlled conditions. Transformants were cultivated in shake flasks using a defined medium supplemented with glucose as the sole carbon source. This cultivation was designed as a proof of concept to verify whether the synthetic pathway remained functional in the new host. Metabolite production was assessed through high-performance liquid chromatography (HPLC). The engineered strain of *B. sacchari* successfully expressed the heterologous pathway, leading to the production of PCA after 48 hours of growth. The ability to express complex metabolic pathways in *B. sacchari* opens new perspectives for its application in industrial biotechnology, particularly in the biosynthesis of aromatic compounds from renewable feedstocks. Ongoing work aims to optimize this production by genetic modification to ensure greater yield and scalability in future bioprocesses.

Keywords: Synthetic biology, Protocatechuic acid, *Burkholderia sacchari*, Microbial production

Financing: Capes foundation

Acknowledgments: Authors acknowledge CAPES Foundation. CNPq productivity fellowships 302821/2022-8 to LFS, 308714/2019-9 and 311932/2022-3 to JGCG are also acknowledged



Holobiome Structure and Microbial Core Assemblages of *Deschampsia antarctica* Across the South Shetland Islands

Rodrigo Rodriguez^{1,2}, Manuel Saldivar², Matias Garcia², Giovanni Larama², Maria Alvarado^{1,2}, Daniel Lopez², Julieta Orlando⁴, Romulo Osés⁵, Mabel Delgado³, Carolina Merino^{3,6}, Patricio Barra^{2,3}, Paola Duran^{1,2}

(1) Universidad de La Frontera, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medio ambiente, Temuco, Chile

(2) Biocontrol Laboratory Research, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

(3) Universidad de La Frontera, Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology, Scientific and Technological Bioresource Nucleus, Temuco, Chile

(4) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecologicas, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile

(5) Universidad de Atacama, Centro Regional Investigación y Desarrollo Sustentable de Atacama, Copiapó, Chile

(6) Universidad de La Frontera, Laboratory of Geomicrobiology, Department of Chemical Sciences and Natural Resources, Temuco, Chile

Deschampsia antarctica, one of the only two vascular plant species native to Antarctica, persists under extreme environmental conditions where plant-microbe interactions are thought to play a key role in adaptation and survival. In this study, we characterized and compared bacterial and fungal communities associated with *D. antarctica* across three distinct South Shetland Islands (King George Island, Robert Island, and Livingston Island). Samples were collected from three plant compartments, the rhizosphere, root endosphere, and phyllosphere and subjected to metabarcoding analyses of the 16S rRNA and ITS regions. Additionally, soil physicochemical properties were evaluated to explore environmental drivers of microbial composition. Our results revealed that microbial diversity and structure are shaped by both plant compartment and geographic location. Bacterial communities exhibited a well-defined core of 20 genera shared across all samples and compartments, including *Pseudomonas*, *Mucilaginibacter*, and *Rhodoferrax*. In contrast, fungal communities were more heterogeneous, with a smaller core of five genera (*Mortierella*, *Linnemannia*, *Volucrispora*, *Rozellomycota* and *Helotiales*) consistently detected across all islands and compartments. We also identified exclusive genera for specific sites (e.g., *Hypocreales* in Livingston, *Clathrosphaerina* and *Zymoseptoria* in Robert Island) and compartments (e.g., *Antarctomyces* in the rhizosphere and *Herpotrichia* in the endosphere), suggesting localized selection pressures. Notably, the phyllosphere hosted fewer unique taxa but shared dominant groups with other compartments. This study provides a comprehensive view of the microbial holobiont associated with *D. antarctica* in maritime Antarctica, highlighting both conserved and divergent microbial patterns. These findings advance our understanding of how plant-microbe-soil interactions contribute to the ecological success of native flora in polar environments and offer promising leads for biotechnological exploration under extreme conditions.

Keywords: Plant Holobiont, *Deschampsia antarctica*, Plant-microbe interactions, Maritime



Antarctica

Financing: This study was supported by Concurso Anillos de Investigación en Áreas Temáticas Específicas ATE220038

Acknowledgments: The authors also thank to the Fondecyt Postdoctoral project 3230478.



Rizobacterias Promotoras de Crecimiento Vegetal: Solución Biotecnológica para Combatir el Estrés Salino en Tomate (*Solanum lycopersicum*)

Jorge Alberto Oliveros Rojas¹, Camilo Racedo Pulido¹, Natalia Hernández Alcántara¹, Maira Alejandra Bernal Lopez¹, Adriana Bernal Giraldo¹

(1) Universidad de los Andes, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias, Cra. 1 #18a-12, Bogotá D.C., Colombia

El tomate (*Solanum lycopersicum*) es uno de los cultivos hortícolas más importantes a nivel mundial, fundamental en términos socioeconómicos y seguridad alimentaria. Sin embargo, este cultivo es susceptible al estrés salino, lo que afecta negativamente su crecimiento y rendimiento. La salinización de los suelos, exacerbada por el cambio climático y las prácticas agrícolas insostenibles, representa un desafío que amenaza la productividad de muchos cultivos, incluido el tomate. Por lo cual, el uso de rizobacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPR) surge como una estrategia favorable para mitigar los efectos negativos de la salinidad en las plantas. Este estudio evaluó el impacto de seis morfotipos bacterianos con propiedades PGPR previamente estudiados en el laboratorio, sobre el crecimiento y desempeño fisiológico de plantas de tomate bajo condiciones de salinidad. Las plantas fueron expuestas a tres niveles de NaCl (0, 100 y 300 mM), y se midieron variables de crecimiento como altura, área foliar y biomasa (peso fresco y seco de hojas, tallo y raíces), así como parámetros fisiológicos, incluyendo la conductancia estomática y la eficiencia del fotosistema II. Los resultados mostraron que dos de las seis bacterias son capaces de mejorar el desempeño de las plantas frente al estrés salino en comparación con el control negativo y las otras bacterias. Estas bacterias ayudaron a mitigar los efectos del NaCl, promoviendo un crecimiento vegetal más robusto incluso bajo niveles elevados de salinidad. La capacidad de las PGPR para mejorar la acumulación de biomasa en tomate bajo condiciones de estrés salino sugiere que ciertos aislamientos bacterianos pueden desempeñar un papel clave en la mejora de la tolerancia al estrés abiótico en cultivos hortícolas. En conclusión, los resultados respaldan el potencial de estas dos bacterias como PGPR que pueden llegar a ser una herramienta eficaz y sostenible para mejorar la tolerancia al estrés salino en el tomate. Esta estrategia podría ofrecer soluciones clave para enfrentar los desafíos de la salinización de los suelos y contribuir a la seguridad alimentaria global.

Keywords: PGPRs, Salinidad, Tomate, Tolerancia, Crecimiento

Financing: Agradezco sinceramente a la Universidad de los Andes por el apoyo financiero brindado a través del proyecto semilla INV-2024-192-3162, que ha sido clave tanto en la realización de esta investigación como en la socialización de sus resultados.

Acknowledgments: Agradezco al equipo del Laboratorio de Interacciones Moleculares de Microorganismos Agrícolas (LIMMA), a la líder del grupo y mi directora, la Dra. Adriana Bernal Giraldo, y a mis compañeros Camilo, Natalia y Maira, por su apoyo en este estudio.



Putative Role of Lytic Phages in the Pathogenesis of Infectious Bovine Keratoconjunctivitis

Daniel Thompson Sanhueza¹, Pablo Bruna^{1,2}, Michel Abanto Marín¹

(1) Scientific and Technological Bioresource Nucleus BIOREN-UFRO, Universidad de La Frontera, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco 4811-230, Chile

(2) Doctoral Program in Science Major in Applied Cellular and Molecular Biology, Universidad de La Frontera, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco 4811-230, Chile

Infectious Bovine Keratoconjunctivitis (IBK) is a contagious ocular disease affecting cattle worldwide, characterized by corneal ulcers, conjunctivitis, and in severe cases, blindness. It causes significant economic losses due to decreased productivity and treatment costs. Although *Moraxella* bacteria is the main pathogen of IBK, its pathogenesis remains poorly understood.

Considering the role of phages in different pathologies, we proposed that healthy and IBK-affected OBMs (ocular bovine microbiomes) present distinctive phageomes related to IBK pathogenesis. To investigate this hypothesis, we analyzed shotgun metagenomic sequencing data retrieved from NCBI, comprising 49 bovine ocular swab samples (37 IBK-affected, 12 healthy). Reads were trimmed using Trimmomatic, and contaminants were removed with Hostile. Assembly was conducted with MEGAHIT both on individual samples and on the combined dataset. Bacteriophages were identified from the co-assembly using VIBRANT and validated with CheckV. Annotation was conducted with Pharokka, Phold, and PHAbox, while lifestyle and host predictions were obtained using VIBRANT, PhageGE, and PHAbox. Taxonomic classification was performed through PHAbox's PhaGCN and geNomad. Finally, phage abundance was estimated with CoverM.

Our analysis identified a total of 66 bacteriophages, all belonging to the Caudoviricetes class. Of these, 48 were predicted to be lytic and 18 lysogenic. IBK-affected samples showed significantly higher overall phage abundance compared to healthy samples, with lytic phages being more prevalent than lysogenic phages in both conditions.

Given their relevance to bacterial lysis, we focused subsequent analyses on the 48 lytic phages. Those shared in both conditions may act through a protective role, maintaining pathogen population. In contrast, lytic phages exclusively present in IBK-affected samples may play a role in disease pathogenesis. We identified 27 lytic phages unique to IBK-affected samples, 20 shared between both conditions, and one exclusive to healthy samples. Genetic analysis revealed encoded structural viral proteins, and methyltransferases.

Our findings revealed clearly distinct phageome profiles in the OBMs between healthy and IBK-affected cattle. The significantly higher abundance of lytic phages in IBK-affected samples, together with the identification of exclusive IBK lytic phages, supports the notion that certain phages may contribute to IBK pathogenesis, either by modulating bacterial communities or by interacting directly with bacterial virulence mechanisms.



Keywords: Ocular microbiome, Metagenomics, Bioinformatic analysis

Acknowledgments: This research was supported by the Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) Chile, by FONDECYT Regular Project N° 1251164.



Comparative Study of Different Yeast Strains in Glucose and Xylose Co-Fermentation at High Concentrations for Ethanol Production

Lina M. Durán¹, Inês C. Roberto¹

(1) Universidade de São Paulo, Departamento de Biotecnologia, Escola de Engenharia de Lorena, Estrada Municipal do Campinho, 100, Campinho, CEP:12602-810, Lorena, São Paulo, Brasil

In second-generation (2G) ethanol production, enzymatic hydrolysates from lignocellulosic biomass typically contain a mixture of glucose and xylose at varying concentrations and ratios. To achieve economic feasibility, ethanol titers of approximately 50 g/L are required, which demands culture media containing around 100 g/L of fermentable sugars. A significant challenge in the fermentation step is identifying microorganisms capable of efficiently co-fermenting glucose and xylose at high concentrations. In this regard, the objective of this study was to assess glucose and xylose co-fermentation in a semi-defined medium simulating a lignocellulosic enzymatic hydrolysate, utilizing three yeast strains: *Kluyveromyces marxianus* Y-6860, *Saccharomyces cerevisiae* PE-2, and *Scheffersomyces stipitis* Y-7124. Monoculture fermentations were performed in 125 mL Erlenmeyer flasks containing 50 mL of semi-defined medium with a sugar mixture of approximately 70 g/L glucose and 30 g/L xylose, supplemented with nutrients. The fermentations were conducted at 30 °C, pH 4.8, and 150 rpm for 48 hours. All three yeasts completely consumed glucose and produced ethanol with yields (YP/S) ranging from 0.19 to 0.29 g/g and productivities (QP) from 0.83 to 1.12 g/L·h. As expected, *S. cerevisiae*, which lacks the metabolic pathway for xylose fermentation, did not consume xylose. On the other hand, *K. marxianus* and *S. stipitis*, both capable of xylose metabolism, exhibited limited xylose consumption (<10%), likely due to glucose-induced catabolite repression. Among the three strains, *S. stipitis* showed the highest ethanol production (24 g/L) and was therefore selected for fermentation in a stirred-tank bioreactor (Biostat A plus, Sartorius Stedim) with a 0.5 L working volume, operated at 30 °C, pH 4.8, with agitation at 170 rpm and 0.05 vvm (KLa of 5.4 h⁻¹) for 69 hours. In the bioreactor, *S. stipitis* completely consumed glucose and 27% of the xylose, achieving an ethanol concentration of 25 g/L, with QP = 0.8 g/L·h, YP/S = 0.34 g/g, and a conversion efficiency (η) of 68%. These findings suggest that *S. stipitis* holds promise for glucose and xylose co-fermentation; however, further studies for optimization of KLa values is required to enhance xylose fermentation efficiency.

Keywords: Yeasts, Glucose/xylose mixture, Co-fermentation, Ethanol

Financing: This research was supported by Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 001 and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - Brasil (CNPq) - Grant number 305515/2021-7.



Microbial Succession During the Life Cycle of *Euborellia annulipes* (Dermaptera): From Nymphal Instars to Functional Maturity

Yoelvis Sulbaran-Bracho¹, Juan Pablo Martinez¹, Andres F. Sarrazin², Paula Irles¹

(1) Universidad De O'Higgins, Instituto de Ciencias Agroalimentarias, Animales y Ambientales (ICA3), Av. General Bernardo O'Higgins, 611, Rancagua, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Química, Facultad de Ciencias, Co-De LAB, Valparaíso, Chile

The insect gut microbiome plays a fundamental role in host development, digestion, immunity, and ecological adaptation. Understanding how microbial communities change across life stages is key to uncovering functional associations between hosts and their symbionts, particularly in hemimetabolous insects. *Euborellia annulipes* (Lucas, 1847) is a cosmopolitan earwig species inhabiting diverse ecosystems, where it acts both as a predator and herbivore. Its dark brown body with distinct banded legs is evident from the first nymphal instar. This dual role as pest and predator has increased interest in its use as a model for studying pest insect biology. Here, we characterize the gut microbiome dynamics of *E. annulipes* across nymphal development and adult maturation using high-throughput 16S rRNA and ITS sequencing. We observed stage-specific shifts in gut microbial communities throughout development. Actinobacteria dominated early nymphal stages, whereas Proteobacteria became the most abundant phylum during late development and adulthood. In adult females, bacterial genera such as *Myxococcus*, *Pseudomonas*, and *Enterobacter* were particularly dominant during vitellogenic stages, but declined post-vitellogenesis. The fungal community also exhibited significant changes, with a higher abundance of *Saccharomyces* yeasts in adults compared to early developmental stages. Additionally, males consistently harbored higher microbial diversity than females, and significant differences in microbial community structure and composition were observed between sexes, indicating the presence of a sex-specific core microbiome. These findings uncover a dynamic and ontogenetically structured gut microbiota in *E. annulipes*, with taxonomic and potential functional transitions associated with developmental and reproductive stages. The identification of sex-specific and diversity-linked microbial patterns suggests that the microbiome may contribute to physiological differentiation between sexes. Altogether, our results establish *E. annulipes* as a valuable model for investigating host-microbiota interactions in hemimetabolous insects.

Keywords: *Euborellia annulipes*, Gut microbiome, Developmental succession, Sex-specific microbiota, Hemimetabolous insects

Financing: proyecto FONDECYT POSTDOCTORADO 3240225



Compuestos Basados en Micelio en Uruguay: un abordaje con especies nativas y residuos locales

Matias Gu Bauza¹, Guillermo Morera³, Claudia Marcela Ibañez²

(1) Universidad de la República, Facultad de Ingeniería, Instituto de Ingeniería Mecánica y Producción Industrial, Julio Herrera y Reissig 565, Montevideo, Uruguay

(2) Universidad de la República, Centro Universitario Regional Noreste, Instituto Superior Estudios Forestales, Ruta 5. km: 386,500, Tacuarembó, Uruguay

(3) Universidad de la República, Facultad de Ciencias, Sección Micología, Iguá 4225, Montevideo, Uruguay

Los plásticos son un preocupante factor en la crisis climática, ya que su degradación natural tarda cientos de años y la quema -su única degradación viable hasta el momento- produce gases de efecto invernadero y gases contaminantes. Los Compuestos Basados en Micelio surgen como posible sustituto de algunos plásticos, específicamente, los que se suelen usar como espumas.

Se aislaron tres grupos de cultivos de basidiomicetes de madera de la colección del Laboratorio de la Sección Micología de la Universidad de la República de Uruguay. Los grupos fueron: 5 aislamientos de *Ganoderma*, 3 aislamientos de *Hymenochaetales* y 2 aislamientos de *Inonotus*. Dentro de cada uno, fueron seleccionados según su velocidad de crecimiento diametral en placa de Petri en MEA 2%. Los aislamientos seleccionados: CGM15 (*Ganoderma* sp.), CGM27 (*Inonotus* sp.) y CGM 62 (*Oxyporus* sp.), fueron luego cultivados en residuos industriales lignocelulósicos locales (*Pinus* sp., *Eucalyptus* sp. y *Cannabis sativa*). El objetivo fue buscar las combinaciones hongo-sustrato de crecimiento más veloz y uniforme que puedan derivar en posibles aplicaciones prácticas del compuesto basado en micelio.

Se pudo observar que CGM62 puede crecer en todos los sustratos, pero su crecimiento es preferencialmente superficial, lo cual no sirve para la fabricación de un material tipo espuma. En contraste, CGM27 solo creció en *Cannabis sativa* pero su crecimiento es más uniforme y permite la formación de una red tridimensional que funciona como un adhesivo y se mantiene unido al sustrato. Por último, CGM 15 no forma una red densa de micelio que permita la unión del material de forma satisfactoria.

En conclusión, la combinación de *Inonotus rickii* y *Cannabis sativa* es la que mostró las mejores propiedades cualitativas de red micelar interior y exterior en el sustrato, lo cual es una innovación pues no se han encontrado antecedentes en la bibliografía de uso de hongos de su familia. En las próximas etapas se espera avanzar en identificación molecular de las cepas seleccionadas y la búsqueda de formas posibles de aumento de la resistencia mecánica de forma que se puedan ampliar las condiciones para su uso.

Keywords: MBC, *Inonotus*, Revalorización de Residuos

Financing: Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII)



Productividad y calidad de biomasa de *Arthrospira platensis* en condiciones ambientales reales: caso Chimichagua, Colombia

Jasmín Lorena Durán Ortiz^{1,2}, Alexander Meneses Jácome², Jesus Manuel Epalza¹

(1) Universidad de Santander, Maestría en Biotecnología, Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Cl. 70 #Nº 55-210, Bucaramanga, Colombia

(2) Universidad Autónoma de Bucaramanga, Centro de Investigación en Bioeconomía Circular (ϵ -BiO): Grupo de Biotecnología y Ambiente, Avenida 42 No. 48 – 11, Campus El Jardín, Bucaramanga, Colombia

Este trabajo presenta los resultados preliminares de la evaluación del cultivo en un biorreactor tipo raceway ubicado en el municipio de Chimichagua, Cesar, bajo condiciones ambientales propias de la región tropical del Caribe colombiano. El objetivo fue analizar el rendimiento y la calidad de la biomasa producida en este entorno natural, caracterizado por temperaturas entre 30 y 40 °C, alta irradiancia solar y variaciones propias de climas tropicales secos y húmedos.

Durante 45 días se cultivó *A. platensis* en un sistema abierto con agitación constante, se midieron parámetros clave como temperatura, pH, turbidez, sólidos suspendidos volátiles y concentración de pigmentos (clorofila *a*, ficocianina), evaluando así la productividad del cultivo en relación con las condiciones externas. Además, se registraron datos fisicoquímicos del agua utilizada, proveniente de fuentes naturales de la zona.

Los resultados muestran patrones claros en la producción de biomasa y la acumulación de pigmentos, estrechamente relacionados con las condiciones ambientales del entorno. El biorreactor instalado en Chimichagua, por su cercanía a la Ciénaga de Zapatosa, ofrece un contexto propicio para evaluar la adaptabilidad y eficiencia de *Arthrospira platensis* en condiciones reales de campo. Durante el periodo de estudio, se alcanzó una concentración promedio de 600 mg/L de biomasa (expresada como sólidos suspendidos volátiles), en comparación con los 960 mg/L obtenidos bajo condiciones controladas de laboratorio. A pesar de la limitada capacidad de control sobre las variables externas, estos resultados evidencian un rendimiento significativo y posicionan al sistema como una alternativa viable para la producción a escala en ambientes tropicales.

El estudio contribuye al conocimiento aplicado de la biotecnología de microalgas en contextos rurales, con potencial para fortalecer cadenas productivas locales mediante el aprovechamiento de recursos endógenos. Asimismo, abre posibilidades para la implementación de tecnologías de bajo costo y bajo impacto ambiental en la producción de bioproductos con valor comercial y nutricional, como suplementos alimenticios, colorantes naturales o insumos para la acuicultura.

Estos hallazgos iniciales sientan las bases para futuras investigaciones sobre escalabilidad, calidad de producto y sostenibilidad en sistemas raceway adaptados a regiones cálidas.



Caracterización microbiológica y molecular de la resistencia a la vancomicina en *Staphylococcus* spp. y *Enterococcus* spp. en aislamientos clínicos procesados en el Distrito Nacional, Santo Domingo – República Dominicana en los meses de Abril – Julio 2025.

Michelle Castro^{1,2}, Hosmery Rizik^{1,2}

(1) Universidad Autónoma de Santo Domingo, Escuela de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias, Santo Domingo 10105 Edificio Administrativo Universidad Autónoma Santo Domingo UASD, Distrito Nacional, República Dominicana

(2) Fundación Etikos, Unidad de Investigación Laboratorio Clínico y Microbiología, Calle Enrique Henríquez, #15, Distrito Nacional, República Dominicana

Aunque la resistencia de *Staphylococcus aureus* a la vancomicina no es frecuente, su aparición constituye una amenaza creciente para la salud pública. Esta resistencia, generalmente mediada por genes como *vanA* y *vanB*, compromete tratamientos eficaces, incrementando la morbilidad, la mortalidad y los costos hospitalarios. La OMS ha clasificado a *S. aureus* y *Enterococcus faecium* como patógenos prioritarios debido a su capacidad de adquirir y transmitir resistencia. En América Latina, la escasez de datos sobre estos mecanismos limita las estrategias de control. Este estudio tiene como objetivo identificar y caracterizar la resistencia a vancomicina en *Staphylococcus* spp. y *Enterococcus* spp. mediante pruebas fenotípicas y moleculares, en muestras clínicas de pacientes ambulatorios y hospitalizados del Distrito Nacional, República Dominicana. Se trata de un estudio descriptivo y experimental, utilizando aislamientos clínicos de sangre, orina, secreciones y otros fluidos con CMI ≥ 32 µg/mL, identificados por el sistema automatizado VITEK® 2. Se evaluó la sensibilidad antimicrobiana y se detectaron los genes *vanA*, *vanB* y *mecA* mediante qPCR. Se analizará la concordancia entre métodos usando los índices de Kappa de Cohen y la prueba de McNemar. El estudio cuenta con aval ético y busca fortalecer la vigilancia microbiológica y la respuesta sanitaria ante cepas multirresistentes. Los resultados de esta investigación nos permitirán dilucidar los mecanismos de resistencias moleculares presentes en las cepas locales y confirmar la certeza del diagnóstico microbiológico presuntivo.

Financing: Este proyecto se realizó sin financiamiento externo.

Acknowledgments: Queremos expresar nuestro sincero agradecimiento a nuestras asesoras, doctorandas Madelin de la Cruz y Aidé Cornielle, por su orientación durante el desarrollo de este proyecto. Agradecemos también a la Fundación Etikos y al Dr. Julio Canario por su mentoría.



Caracterización de la respuesta inmune en la capa adventicia de quistes de equinococosis quística en bovinos: impacto de la coinfección con Fasciola hepatica

Rodolfo José Paredes Esparza^{1,2}, María Soledad Baquedano², Carol Stoor², Christian Hidalgo³

(1) Universidad Andres Bello, One Health Institute, Faculty of Life Sciences, República 440, Santiago, Chile

(2) Universidad Andres Bello, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, República 440, Santiago, Chile

(3) Universidad de las Américas, Núcleo de Investigación en One Health (NIOH), Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Providencia, Santiago, Chile

La equinococosis quística (EQ), causada por el estadio larval de *Echinococcus granulosus* sensu lato, es una zoonosis parasitaria que afecta tanto a humanos como a animales de abasto. Estos quistes se componen de tres capas: la germinal y laminar, de origen parasitario, y la adventicia, generada por el hospedero. Esta última representa la respuesta inmune local. En bovinos, la mayoría de los quistes son no fértiles, lo que interrumpe el ciclo de vida del parásito. A diferencia de los quistes fértiles, los no fértiles presentan una respuesta granulomatosa marcada en la capa adventicia, caracterizada por una empalizada de macrófagos y fibrosis periférica.

En regiones endémicas como Chile, la coinfección con *Fasciola hepatica* (FH) es frecuente y podría modular la respuesta inmune del hospedero frente a la EQ. En este estudio, se caracterizó la respuesta inmune en la capa adventicia de quistes de EQ en bovinos, con énfasis en las células T $\gamma\delta$ y la polarización de macrófagos, considerando el efecto de la coinfección con FH. Se utilizaron técnicas de inmunohistoquímica, inmunofluorescencia y citometría de flujo para cuantificar y caracterizar las células inmunes presentes.

Los resultados revelaron un enriquecimiento de células T $\gamma\delta$ en quistes no fértiles, con predominio del subtipo WC1.1⁺ y mayor producción de IFN- γ respecto a IL-10, indicando una respuesta inmune de tipo 1. Esta población fue significativamente menor en animales coinfectados con FH. Además, se evidenció una polarización predominante hacia macrófagos M1 en la capa adventicia de quistes bovinos, localizada en una zona separada de la fibrosis.

En conjunto, estos hallazgos sugieren que la respuesta inmune en la capa adventicia de los quistes no fértiles en bovinos está mediada por células T $\gamma\delta$ y macrófagos proinflamatorios, y que la coinfección con *F. hepatica* puede interferir con este perfil, potencialmente favoreciendo mecanismos de evasión inmunológica del parásito.

Keywords: *Echinococcus granulosus*, *Fasciola hepatica*, adventitial layer, immune response

Financing: FONDECYT 1231620, ANID, Chile.



Presencia de parásitos en aguas superficiales del río Yubazo en la provincia San Cristóbal, República Dominicana y análisis de factores antropogénicos asociados.

Alfonsina Clase¹, Modestina Alcantara¹, Edita Aquino¹, Modesto Cruz¹, Akemi Tabata¹

(1) Instituto de Microbiología y Parasitología, Ciencias, Santo Domingo, República Dominicana

La contaminación parasitológica en fuentes de agua naturales está principalmente asociada a actividades de origen antropogénico. El río Yubazo, uno de los afluentes más importantes de la provincia de San Cristóbal, República Dominicana, presenta un alto nivel de deterioro, a pesar de que continúa utilizándose con fines recreativos y para el riego de cultivos. Ante esta situación, se realizó un estudio con el objetivo de analizar la presencia de parásitos en el río Yubazo e identificar las posibles fuentes de contaminación. Para ello, se recolectaron y procesaron 10 muestras de agua mediante técnicas de sedimentación espontánea, filtración y centrifugación. La detección de parásitos se realizó utilizando tinción de Ziehl-Neelsen modificada, preparación en húmedo con Lugol e inmunofluorescencia directa. Asimismo, se observaron y registraron los posibles factores contaminantes en el entorno. Los resultados evidenciaron la presencia de diversos géneros de parásitos, indicativos de contaminación fecal. Entre los principales factores que podrían favorecer esta contaminación se identificaron la presencia de animales domésticos y de cría, asentamientos humanos de tipo comercial y residencial, vertido de desechos sólidos y la actividad agrícola en la zona. En conclusión, el río Yubazo se encuentra actualmente contaminado con parásitos de origen fecal, como resultado de las actividades humanas desarrolladas en su entorno.

Keywords: parasisos, agua, calidad, contaminación

Financing: FONDOSCYT

Acknowledgments: Instituto de Microbiología y Parasitología, Proyecto Waterborne Pathogens of One Health Significance in the Dominican Republic. Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Santo Domingo. FONDOSCYT, Ministerio de Educación Superior Ciencia y Tecnología.



Diversidad bacteriana asociada al suelo de las distintas ecorregiones de Costa Rica

Diego Hidalgo Badilla¹, Darling Mora¹, Jeffry Ortiz¹, Marlon Clark³, Max Chavarría^{1,2}

(1) Centro Nacional de Innovaciones Biotecnológicas (CENIBiot), CeNAT-CONARE, Laboratorio de Genómica, 1174-1200, San José, Costa Rica

(2) Escuela de Química & Centro de Investigaciones en Productos Naturales (CIPRONA), Universidad de Costa Rica, 11501-2060, San José, Costa Rica

(3) Basecamp Research, London, United Kingdom

La diversidad microbiana del suelo desempeña un papel fundamental en los ciclos biogeoquímicos y en la fertilidad del suelo, por lo que su estudio proporciona información valiosa sobre el estado de salud de los ecosistemas. Este estudio caracterizó las comunidades bacterianas presentes en suelos de diferentes regiones del país mediante análisis de metabarcoding del gen 16S ARNr, con el objetivo de establecer una línea base que permita el monitoreo a lo largo del tiempo del estado de salud de los ecosistemas costarricenses. Para ello, se recolectaron cerca 150 muestras de suelos en al menos 10 regiones distintas de Costa Rica, abarcando una amplia variedad de condiciones ecológicas. Mediante el análisis de secuencias, se identificó una alta diversidad bacteriana en los suelos analizados, siendo los filos Proteobacteria, Acidobacteriota, Actinobacteriota y Verrucomicrobiota los más abundantes. El análisis de diversidad alfa mostró variaciones en la riqueza microbiana entre muestras. En cuanto a la diversidad beta, se observaron diferencias significativas tanto en la presencia/ausencia de taxones como en su abundancia relativa, en función de la ubicación geográfica ($p = 0.002$ y $p = 0.041$, respectivamente) y de la ecorregión ($p = 0.002$ y $p = 0.015$, respectivamente). Estos resultados sugieren que la composición microbiana del suelo está fuertemente influenciada por factores como el tipo de vegetación, el clima y las propiedades fisicoquímicas del sustrato. Este trabajo representa la primera fase del estudio del microbioma del suelo de Costa Rica, y que pretende recolectar muestras en todo el país para establecer una línea base que permita el monitoreo continuo de la biodiversidad y la salud de los distintos ecosistemas.

Keywords: Microbioma, ecorregiones, diversidad, factores ambientales



Análisis in-silico del pansecretoma intestinal de Akkermansia muciniphila y su interacción inmunogénica asociado a diabetes tipo 2

Boris Vidal-Veuthey¹, Lorena Melet^{1,2}, Nathan R. Johnson^{1,2}, Elena A. Vidal^{1,2}, Felipe Villanelo^{3,4}, Juan P. Cárdenas^{1,5}

(1) Universidad Mayor, Centro de Genómica y Bioinformática, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Santiago, Chile.

(2) Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo–Millennium Science Initiative Program, Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Santiago, Chile.

(3) Fundación Ciencia y Vida, Santiago, Chile.

(4) Universidad San Sebastián, Escuela de Ingeniería, Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Diseño, Santiago, Chile.

(5) Universidad Mayor, Escuela de Biotecnología, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Santiago, Chile.

Introducción: La diabetes tipo 2 (DT2) se caracteriza por una alteración fisiológica en la regulación de la glucosa en sangre y se asocia con disbiosis de la microbiota intestinal. Una de las modificaciones más frecuentes incluye cambios en la abundancia de Akkermansia, un género bacteriano con efectos beneficiosos sobre la salud metabólica. En particular, se ha demostrado que Akkermansia muciniphila, viva o pasteurizada, mejora la sensibilidad a la insulina. Algunas de sus proteínas también desempeñan funciones clave en la integridad de la barrera intestinal, metabolismo del huésped e inmunorregulación. Esta última propiedad puede estar mediada por la interacción con células presentadoras de antígenos, que procesan péptidos y presentan a linfocitos T CD4⁺ a través del complejo mayor de histocompatibilidad clase II (MHCII). Con el propósito de explorar este aspecto no investigado, este estudio tuvo como objetivo analizar el pansecretoma intestinal de A. muciniphila en metagenomas de pacientes con DT2, en comparación con controles sanos, para identificar diferencias en diversidad genética, funcionalidad e interacción inmunogénica.

Métodos: Desde la base de datos pública ENA, se obtuvieron 337 metagenomas y sus reads fueron clasificados con Kraken2, para luego extraer secuencias asignadas a Akkermansiaceae. Se ensamblaron con MetaSPAdes y se obtuvieron MAGs con MetaWRAP. Se seleccionaron MAGs de A. muciniphila usando criterios alimentados por resultados GTDB-Tk y CheckM2. El ORFeoma fue anotado con Prokka y EggNOG-mapper, y se predijo la localización subcelular (PSORTm), regiones transmembrana y péptidos señal (Phobius y SignalP). Proteínas “no citoplasmáticas” se evaluaron con NetMHCIIpan (HLA-DRB1*07:01). Se descartaron péptidos predichos como tóxicos (ToxinPred) o alergénicos para el humano (AllergenFP), y los complejos MHCII-péptido fueron modelados con LocalColabFold y analizados mediante acoplamiento molecular con AutoDock-Vina.

Resultados: Se identificaron proteínas de A. muciniphila con péptidos de alta afinidad al MHCII. Las categorías COG más representadas incluyeron funciones desconocidas, metabolismo de compuestos inorgánicos y transducción de señales. Los péptidos



mostraron métricas de acoplamiento que respaldan su interacción con MHCII.

Conclusión: Péptidos del pansecretoma de *A. muciniphila* podrían unirse al MHCII, sugiriendo un papel potencial inmunomodulador en el contexto de la DT2. Estos resultados abren la posibilidad de validar experimentalmente su relevancia en la enfermedad.

Keywords: Akkermansia spp., microbiota intestinal, proteínas secretadas, probióticos, diabetes tipo 2

Financing: Fondecyt/ANID Proyecto 11200209 (Juan P. Cárdenas), ANID Doctorado Nacional/2021-21211564 (Boris Vidal-Veuthey).



Evaluación inmunogénica de un antígeno recombinante derivada de una proteína de membrana externa de *Pasteurella multocida* en crías de alpacas

Luis Ramiro Luna Espinoza¹, Jose Luis Hurtado Flores¹, Abelardo Lenin Maturrano Hernández¹, Raúl Héctor Rosadio Alcántara¹, Hector Abat Guevara Pineda², Alberto Ccama Sullca²

(1) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Departamento de Producción Animal, Facultad de Medicina Veterinaria, Av. Circunvalación s/n cuadra 26. San Borja, Lima, Perú

(2) Universidad Nacional del Altiplano, Laboratorio de Microbiología Veterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Av. Floral N° 1153, Puno, Perú

Las infecciones por *Pasteurella multocida* afectan significativamente la salud de las alpacas, en especial a las crías jóvenes, causando brotes de neumonía aguda, siendo necesario el desarrollo de estrategias vacunales que permitan generar anticuerpos que puedan proteger a los animales de sufrir mortalidad por neumonía. Por ello, en este estudio, se evaluó la capacidad inmunogénica, en términos de niveles de anticuerpos, contra un antígeno recombinante derivada de una proteína de membrana externa (omp) de *P. multocida* (P6-Like) en crías de alpacas (2 semanas de edad) mantenidas en un sistema de producción semi intensivo en Puno, Perú. Fueron evaluados tres esquemas de vacunación (G1-G3) frente a un esquema control (G4): crías vacunadas de madres vacunadas (G1), crías no vacunadas de madres vacunadas (G2), crías vacunadas de madres no vacunadas (G3) y crías no vacunadas de madres no vacunadas (G4). Las madres y las crías fueron vacunadas vía subcutánea a dos dosis con 10 µg de proteína recombinante diluido en 1 ml de hidróxido de aluminio al 0.8%. Los anticuerpos específicos contra el antígeno vacunal fueron evaluados mediante un ELISA indirecto, cuantificándose los anticuerpos séricos al día 0 (pre-vacunación) y 3 días post - segunda dosis, analizando los datos con pruebas no paramétricas. Todos los 4 grupos mostraron incrementos significativos en títulos de anticuerpos ($p < 0.05$), destacándose el grupo G3 ($p = 0.0023$). Los resultados demuestran que la vacunación directa de crías sin inmunidad materna previa induce una respuesta serológica robusta contra *P. multocida*, proponiéndose como estrategia preventiva de la neumonía en hatos con infecciones endémicas.

Keywords: vacuna recombinante, *Pasteurella multocida*, crías de alpacas, ELISA indirecto

Financing: Este trabajo fue financiado por PROCENCIA-CONCYTEC en el marco de la convocatoria "Proyectos de Investigación aplicada, 2023-02 [CONTRATO N° PE501083631-2023-PROCENCIA]".



Evaluación del efecto antagónico in vitro de cepas de *Bacillus* spp. y *Pseudomonas* spp. aisladas de la rizósfera de cultivos de cítricos frente a *Fusarium oxysporum*: Estudios preliminares

Esther Julissa Hernández Aguilar^{1,2}, Luciana Almendra Chavéz Silva^{1,2}, Juan Carlos Ramos Gorbeña^{1,2}

(1) Universidad Ricardo Palma, Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

(2) Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentaria (ICISA-URP), Ciencias Biológicas, Av. Alfredo Benavides 5440, Santiago de Surco 15039, Lima, Perú

La agricultura enfrenta desafíos críticos asociados a la sanidad vegetal, donde las enfermedades fúngicas representan una amenaza global para la seguridad alimentaria y la sostenibilidad de los sistemas productivos. Entre estos, el género *Fusarium* destaca por su persistencia en suelos agrícolas y su capacidad para afectar múltiples etapas fenológicas. Particularmente, *Fusarium oxysporum* se constituye como un fitopatógeno de preocupación agronómica al colonizar el sistema vascular vegetal mediante invasión del xilema, desencadenando el marchitamiento vascular. Actualmente la creciente restricción al uso de fungicidas químicos, los cuales están asociados a resistencia microbiana, toxicidad ambiental y riesgos para la salud humana y animal, la búsqueda de alternativas basadas en biocontroladores rizosféricos emerge como un eje prioritario para la agricultura resiliente. Por lo que, evaluar la capacidad antagónica in vitro de cepas de *Bacillus* spp. y *Pseudomonas* spp., aisladas de la rizósfera de mandarinas (*Citrus unshiu*) en Huaral (Lima, Perú), frente a *Fusarium oxysporum*. Se reactivaron cepas criopreservadas de *Fusarium oxysporum*, *Bacillus* spp. y *Pseudomonas* spp. Para la prueba de antagonismo, se prepararon placas de agar Sabouraud (SDA), delimitando una línea central de referencia. Las bacterias se inocularon mediante estrías paralelas a la línea, mientras que el hongo se sembró mediante picadura en puntos opuestos. Las placas se incubaron a 25 °C durante 6 días, evaluándose la inhibición del crecimiento fúngico. De las 80 cepas bacterianas evaluadas (40 de *Bacillus* spp. y 40 de *Pseudomonas* spp.), 9 cepas de *Bacillus* spp. (22.5%) y 12 de *Pseudomonas* spp. (30%) exhibieron un potencial antagónico, manifestado por la inhibición del hongo fitopatógeno. Las *Pseudomonas* spp. demostraron una mayor eficacia en la supresión del crecimiento micelial de *F. oxysporum* comparado con *Bacillus* spp.

Keywords: Efecto antagónico, *Bacillus* spp., *Pseudomonas* spp., *Fusarium oxysporum*, in vitro

Financing: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentaria de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)

Acknowledgments: Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentaria de la Universidad Ricardo Palma (ICISA-URP)



Bioprospection of iron-reducing bacterial consortia in different canga environments from Amazon

Patrick Romano Monteiro¹, Rayara do Socorro Souza da Silva², Douglas de Sousa Barros¹, Markus Gastauer¹

(1) Vale Institute of Technology, Rua Boaventura da Silva, 955, Belém, Pará, Brasil

(2) SENAI Innovation Institute for Mineral Technologies, Travessa Doutor Moraes, 78, Belém, Pará, Brazil

The biogeochemical cycling of iron occurs in diverse environments, primarily mediated by bacterial redox processes. These processes influence not only organic matter decomposition and soil ion dynamics but also the formation of iron-rich duricrusts (canga) – an endemic ecosystem of the Carajás National Forest (Pará, Brazil), a region recognized for its geodiversity and high-grade Fe deposits. Despite the ecological relevance of these microorganisms, their distribution in tropical geo-environments remains poorly explored, particularly in mined areas. In this study, we investigated the functional diversity of Fe(III)-reducing bacteria consortia across 12 geo-environments in this region, comprising soils, sediments, and surface waters. For this purpose, 98 samples were collected and subjected to Fe(III) reduction assays in anaerobic conditions in modified DSMZ 579 medium containing Fe(III) oxide (12.5 mM) and glucose (1 g/L) as electron acceptor and donor, respectively. Microbial growth was monitored for 21 days by assessing Fe(III) reduction rates through the ferrozine assay. Chemical elemental analyses (XRF, ICP-MS/OES) enabled evaluation of the relationship between environmental geochemical composition and microbial activity. Results indicate ubiquitous presence of Fe-reducing microorganisms, with maximum Fe(II) production ranging from 0.19 to 39.88 mM among consortia. The types of lake sediment samples proved most promising for hosting iron-reducing microorganisms, while surface water samples showed no efficient consortia. Streams, pond sediments, and rock outcrops environments displayed the highest averages reduction rates (10.54, 8.70, and 7.43 mM, respectively). In contrast, geo-environments like tall and ombrophilous forest and buriti palm stands showed low reduction potential (<3 mM). Multiple linear regression revealed that Mg and S favored and supported Fe(III)-reducing organisms, while Al, Si, Sr and Zr exerted inhibitory effects ($p < 0.05$). Therefore, the Carajás National Forest region hosts microorganisms with distinct iron-reducing capacities, establishing itself as an important ecological resource for studying the functional diversity of Fe(III)-reducers, and offering support for future research on biotechnological applications in bioremediation and restoration of mining-impacted environments.

Keywords: canga, iron cycle, microbial functional diversity, iron-reducing bacteria

Financing: Vale S.A., Vale Technological Institute, SENAI Institute of Innovation in Mineral Technologies, Fundação de Amparo e Desenvolvimento de Pesquisa (FADESP)

Acknowledgments: The authors thank Vale S.A. for providing grants to PRM and DB and travel expenses, and Vale Technological Institute and the SENAI Institute of Innovation in Mineral Technologies for their facilities to analytical procedures.



Radiocesio en el ambiente e implicaciones de corte ambiental: Detección en hongos ectomicorrícicos

Andri Binet Álvarez¹

(1) Universidad Autónoma de Santo Domingo, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias

El radiocesio fue liberado a la atmosfera principalmente por distintos accidentes en plantas nucleares. Este nucleido artificial en relación con aerosoles aprovechó la dinámica de los vientos para dispersarse en el ambiente. Varios estudios abordaron la integración y dinámica del Cs-137 en distintos componentes en las zonas próximas a los eventos, encontrando el ¹³⁷Cs en la cadena trófica detrítica de un bosque aledaño, también en animales como jabalís y osos negros. En este estudio se evalúa su integración en algunos hongos silvestres ectomicorrícicos, para su detección se empleó espectrometría HGPe. Con las implicaciones estocásticas que suponen los radionucleidos artificiales en componentes bióticos silvestres, además de la respuesta de las unidades biológicas ante el flujo del radiocesio y sobre las regulaciones internacionales en vigilancia ambiental radiológica.

Keywords: Vigilancia radiológica ambienta., radiocesio., hongos

Financing: N/A

Acknowledgments: Comisión Nacional de Energía de República Dominicana



Bacterial composition in a laying hen farm in Rio Grande do Sul, Brazil

Mariana Costa Torres¹, Gabriela Merker Breyer¹, Marisa Ribeiro de Itapema Cardoso¹, Franciele Maboni Siqueira¹

(1) Federal University of Rio Grande do Sul, Faculty of Veterinary Medicine, Bento Gonçalves, 9090, Porto Alegre, Brazil

Given the limited information regarding the bacterial community present in laying hen farms, this study aims to characterize the environmental microbiota of an egg-producing farm located in Rio Grande do Sul, Southern Brazil, covering all stages of production (chick, pullet, and laying hen) (referred to as the pre-treatment group). Furthermore, samples from the manure and carcass treatment system via composting were also assessed (designated as the treatment group). DNA extraction was conducted using the DNeasy PowerSoil kit following the manufacturer's protocol. Subsequently, polymerase chain reaction targeting the V4 region of the 16S-rDNA gene and sequencing were performed using the MiSeq v2 500 cycle kit in a MiSeq System. Raw reads underwent quality assessment using FastQC software, and single-end FASTQ files were imported into Quantitative Insights Into Microbial Ecology version 2 (QIIME 2). Taxonomic analysis was carried out using the DADA2 package with the SILVA 138 database. R 4.1.1 software was employed, utilizing the microbiome, phyloseq, microeco, and microDecon packages. Eukaryotic, archaeal, chloroplast, mitochondrial, unassigned taxa, and taxa with a confidence level < 0.8 were excluded. Metataxonomic analyses revealed a relatively uniform bacterial diversity across production stages. In terms of differential abundance between the evaluated groups, Halanaerobiaceae was enriched in the treatment group, while Lachnospiraceae was more abundant in the pre-treatment group. In summary, this research underscores the bacterial families influencing the overall egg production environment on a farm in southern Brazil. Although our data originates from a single farm, it provides valuable insights for a more comprehensive study of the egg production industry.

Keywords: Poultry, Animal production, Environment, 16S-rDNA analysis

Acknowledgments: The authors are grateful to the National Council for Scientific and Technological Development (CNPq) – Controle da disseminação de resistência antimicrobiana – process n. 408693/2022-3, process n. 140540/2022-9, Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel (CAPES), Finance code 001.



Identification of Metabolite Biomarkers Through Correlation Network Analysis of *Staphylococcus warneri* Mastitis in Goats

Ana Julia Silva Moreira¹, Luiz Felipe Marques Rodrigues², Richard Costa Polveiro³, Bianca Uliana Picolo⁴, Arlene Bispo Dos Santos Nossol⁴, Hebréia Oliveira Almeida-Souza⁴, Luiz Ricardo Goulart Filho⁴, Maria Aparecida Scatamburlo Moreira¹

(1) Bacterial Diseases Laboratory (LDBAC), Department of Veterinary Medicine, Federal University of Viçosa (UFV), Av. P.H. Rolfs, Viçosa, Brazil

(2) Study Group on Biotechnology and Immunochemistry of Lipids (GEBIL), Department of Chemistry, University of São Paulo (USP), Prof. Aymar Batista Prado Street, Ribeirão Preto, Brazil

(3) Research and Innovation Group in Microbiology and Biotechnological Intelligence (GOBIOTA), Faculty of Veterinary Medicine and Animal Science, Federal University of Uberlândia (UFU), Ceará Street, Uberlândia, Brazil

(4) Laboratory of Nanobiotechnology Prof. Dr. Luiz Ricardo Goulart Filho, Institute of Biotechnology, Federal University of Uberlândia (UFU), Acre Street, Uberlândia, Brazil

Mastitis remains a prevalent disease compromising milk quality and production. This study aimed to identify potential metabolite biomarkers for *Staphylococcus warneri*-induced mastitis using a controlled unilateral challenge model in six primiparous Pardo Alpina goats. Health and infected udder halves were sampled during pre-infection (D-1-0), early (D+1-+3), and late (D+5-+7) infection stages. Milk metabolomes were profiled using GC-MS and annotated using Metaboanalyst v6.0 and Sirius v6.1. Following Pareto scaling normalization, a sequential filtering pipeline combining univariate (ROC; AUC $\geq$ 0.70, $p < 0.05$) and multivariate methods (VIP $>$ 1.0, PCA/PLS-DA loadings $>$ |0.07|) was employed to identify biomarker candidates. Metabolomes were analyzed using a differential correlation network approach. Infection-specific network changes were isolated by comparing infected vs. control groups at early (vs. baseline) and late (vs. early) stages. To identify central hubs in metabolic response at each period, Impact Score (IS) for each metabolite was calculated by multiplying the number of its altered connections by their average magnitude, and Δ IS (=IS_{infected}-IS_{control}) quantified the network disruption attributable to infection. A panel of 27 potential biomarkers were selected. During early stage, metabolites significant correlation network (Spearman, $p < 0.05$) expanded, growing from 163 to 180 pairs (52 infected-only; 35 control-only), with minor increase in Δ IS (+0.41), indicating that key metabolites increased their network influence during early stages of infection. As disease progressed, the network restructured (143 significant pairs for both infected and controls, 57 unique for each) and metabolic impact decreased (-1.33) indicating some stabilization probably due to disease self-limitation and metabolic resolution. Analysis of top 10% Δ IS metabolites ($n=5$) revealed an acute-response by Deoxycholyhistidine (PubChem 156963151) as it peaked early as inflammation hub (Δ IS_{early}=15.9; Δ IS_{late}=6.3). Tert-butyl carbamate (PubChem 44141994) marked a chronic progression, with its impact intensifying late in the infection (Δ IS_{early}=5.3; Δ IS_{late}=18.5). Suppression was observed for physiological hubs 3-lauroyl-sn-glycerol (PubChem 71598538; Δ IS_{early}=-25.8; Δ IS_{late}=-13.6) and



Gallinamide A (PubChem 25209862; Δ ISearly=-10.8; Δ ISlate=15.2). PE20:3/22:6-2OH (PubChem 156965566), an oxidized phosphatidylethanolamine involved in lipid remodeling, autophagy, and disease signaling, sustained a consistently high impact (Δ ISearly=24.7; Δ ISlate=22.7), emerging as a key biomarker candidate. Altogether, this study identified and characterized the metabolic signature of *S. warneri* mastitis, highlighting potential biomarkers with diagnostic value for caprine mastitis.

Keywords: Caprine mastitis, Correlation Network Analysis, Diagnostic Biomarkers, Metabolomics

Financing: FAPEMIG, CAPES and CNPq

Acknowledgments: UFV, PPGMV, FAPEMIG, CNPq and CAPES



Formulation of a Nanoemulsion Based on Thyme Essential Oil and Tebuconazole for the Control of *Fusarium oxysporum*.

Javiera Parada¹, Camila Burdiles¹, Gonzalo Tortella^{1,2}, Olga Rubilar^{1,2}

(1) Universidad de La Frontera, Centro de Excelencia en Investigación Biotecnológica Aplicada al Medio Ambiente (CIBAMA), Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Temuco, Chile

Pesticide inefficiency remains a major challenge in agriculture, often requiring high chemical inputs that contribute to environmental contamination. Nanoemulsion-based formulations offer a promising strategy to enhance the stability of fungicides and enable the co-delivery of additional antimicrobial agents, such as essential oils, to boost overall efficacy.

This study aimed to develop a nanoemulsion containing the fungicide tebuconazole (Teb) and thyme essential oil (TEO) for the control of *Fusarium oxysporum*, a phytopathogenic fungus responsible for considerable crop losses worldwide. The interaction between Teb and TEO was first assessed using Abbott's method. Subsequently, the optimal concentrations of TEO and the surfactant Tween 20 for nanoemulsion (TEO-Nem) formulation were determined through response surface methodology (RSM), with the goal of minimizing polydispersity index (PDI) and particle size. Once optimized, Teb was incorporated into the oily phase to obtain the TEO/Teb-Nem formulation. The antifungal efficacy of TEO/Teb-Nem was then evaluated by measuring its inhibitory effect on the mycelial growth of *F. oxysporum*, and compared to the individual effects of Teb and TEO.

Results revealed a synergistic interaction between Teb and TEO (synergism factor: 1.3). Nanoemulsification increased the inhibitory effect of TEO by 27%, and incorporation of Teb led to over 70% inhibition. The combined formulation showed significantly greater antifungal activity compared to individual agents, suggesting that the required dose of fungicide can be substantially reduced.

This combined nanoemulsion-based approach offers a safer and more sustainable alternative to conventional pesticide use, reducing environmental release of tebuconazole while maintaining effective control of phytopathogenic fungi.

Keywords: fusarium, nanoemulsion, fungicide, essential oil

Financing: Fondecyt Iniciación 1161713

Acknowledgments: Fondecyt Iniciación 1161713, Centro de Excelencia en Investigación Biotecnológica Aplicada al Medio Ambiente (CIBAMA)



Metabarcoding Analysis of the 16S rRNA Gene in the Gut Microbiome of *Aedes fulvus* (Diptera: Culicidae) Collected from Yasuní National Park

Steven Guerra¹, Alfonso Molina¹, Magdalena Díaz², Sandra Enriquez³, Franklin Vaca³

(1) Universidad Central del Ecuador, Instituto de Investigación en Zoonosis, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Quito, Ecuador

(2) Universidad Central del Ecuador, Instituto de Investigación en Zoonosis, Facultad de Ingeniería Química, Quito, Ecuador

(3) Universidad Central del Ecuador, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Quito, Ecuador

The mosquito gut microbiome plays a crucial role in their physiology, immunity, and vector competence. This study provides the first description of the gut microbiome composition of *Aedes fulvus* collected in Yasuní National Park, and includes additional data from *Psorophora albipes* and *Psorophora ferox* due to availability. A metabarcoding analysis of the 16S rRNA gene from raw sequences was used to characterize the bacterial communities in 10 pooled samples. At the phylum level, Proteobacteria dominated most samples, although notable proportions of Firmicutes and Bacteroidota were observed in specific cases. At the family level, Enterobacteriaceae, Pseudomonadaceae, Moraxellaceae, and Acetobacteraceae stood out, with genera such as Enterobacter, Cedecea, Yokenella, Pseudomonas, Acinetobacter, and Asaia associated with metabolic functions, immune responses, and potential insecticide resistance mechanisms. Alpha diversity analysis revealed variations in bacterial community richness and evenness among species, while PCoA indicated heterogeneous microbial compositions among *Aedes fulvus* samples and notable differences between *Psorophora* spp. Finally, a core microbiome composed of seven shared OTUs was identified, with a predominance of Proteobacteria, in line with previous findings in *Aedes* mosquitoes. The findings contribute to a broader understanding of gut microbial ecology in understudied wild mosquito species, highlighting the potential influence of the microbiome on the biology, vector competence of these invertebrates, and human health.

Keywords: *Aedes*, Microbiome, Yasuní, 16S, Analysis

Financing: Proyecto inactivo Ensamble "Relación entre la presencia de arbovirus silvestres con la microbiota intestinal de Culicidae en dos reservas de bosque de la Amazonía ecuatoriana"

Acknowledgments: Instituto de Investigación en Zoonosis (CIZ), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Central del Ecuador



Genómica comparativa de *S. aureus* ST672 en México: una clona emergente con potencial invasivo en niños previamente sanos

David Eduardo Juárez Hinojos^{1,2}, Nancy Evelyn Aguilar Gómez¹, Jocelin Merida Vieyra¹, Ma. Guadalupe Aguilera Arreola², Alejandra Aquino Andrade¹

(1) Instituto Nacional de Pediatría, Microbiología Molecular, Av. Insurgentes Sur 3700-Letra C, Insurgentes Cuicuilco, Coyoacán, 04530, Ciudad de México, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Bacteriología Médica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Manuel Carpio, Plutarco Elías Calles, Miguel Hidalgo, 11350, Ciudad de México, México

Staphylococcus aureus ST672 es una clona recientemente reportada en México, que tiene la capacidad de causar infecciones invasivas en pacientes pediátricos previamente sanos. Esta clona está ampliamente distribuida en Asia. El objetivo de este estudio fue describir la frecuencia de *S. aureus* ST672 aislada de infecciones invasivas en pacientes pediátricos y realizar filogenia y genómica comparativa de factores de virulencia (FV) con otras ST672 reportadas en Asia y diversas ST invasivas reportadas en NCBI. Se caracterizaron 26 aislamientos de *S. aureus* sensibles a meticilina (SAMS) provenientes de pacientes pediátricos del Instituto Nacional de Pediatría. Se determinó la secuencia tipo (ST) y se seleccionaron dos cepas ST672 para secuenciación de genoma completo. Los FV, resistencia y plásmidos fueron identificados con plataformas bioinformáticas. De los 26 aislamientos, el 30 % ($n=8$) fue ST672. Entre las cepas ST672, seis fueron positivas para el gen *pvl* (75%). El 87.5% de los pacientes con ST672 fueron previamente sanos sin comorbilidades. Las dos cepas secuenciadas por genoma completo portaron el plásmido pN315 Inc18 con el gen de resistencia *bla_Z*. Todas las ST672, incluidas las mexicanas, mostraron menos FV en comparación con las ST30, ST8 y ST5. Ningún genoma analizado tuvo los genes de adhesión *sdrF*, *sdrG* ni *sdrH*. El gen *icaD* solo se encontró en una cepa ST672 mexicana (O43), una ST8 y una ST151. Solo las ST5, ST8 y ST30 tuvieron las enzimas *splA* a *splF*. En el sistema de evasión inmunológica, el gen *chp* estuvo ausente en todas las ST672 (mexicanas y asiáticas). En cuanto al sistema de secreción tipo VII, ST30 fue la única que no portó todos los genes. De las ST672, solo una cepa mexicana tuvo el gen *pvl*, el cual fue común en ST5 y ST8. Aunque ST672 presentó menos genes de virulencia que otras ST, sigue causando infecciones graves, lo que sugiere mecanismos patogénicos alternativos.

Keywords: Pediatría, Invasión, ST672, *S. aureus*

Financing: Protocolo INP 2019/007



Aislamiento de microorganismos autóctonos de suelo agrícola de Culiacán, Sinaloa, con potencial para la degradación de glifosato

Edoardo Gastelum Chairez¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Programa de Posgrado Integral en Biotecnología, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Josefa Ortiz de Domínguez, Cd. Universitaria, Universitaria, 80040 Culiacán Rosales, Sinaloa, Culiacán, Sinaloa

El glifosato es un herbicida utilizado para el control de maleza. Sin embargo, debido a su impacto negativo en la salud humana y ambiental, es importante desarrollar estrategias que favorezcan la degradación de este plaguicida. El objetivo de este estudio fue aislar microorganismos tolerantes a glifosato del suelo agrícola de Culiacán, Sinaloa, México. Para ello se utilizó la técnica de cultivo enriquecido al mezclar 50 g de suelo con 450 mL de medio de sales minerales (MSM) enriquecido con glifosato (100 ppm), se incubó a 28 °C con agitación (120 rpm) durante una semana. Posteriormente, se transfirió 1 mL del cultivo a 9 mL de medio fresco con glifosato (150 mg/L), y se repitió el proceso con un aumento en la concentración del plaguicida (200 y 300 mg/L) como única fuente de carbono. Las colonias puras se almacenaron en agar nutritivo para su posterior estudio. La evaluación de la tolerancia a glifosato se realizó mediante cultivos en agar nutritivo con glifosato a 50 y 100 mg/L, y en agar MSM con glifosato a 300 mg/L. Se logró obtener cinco aislados, de los cuales el 100 % fueron capaces de crecer a las diferentes concentraciones de plaguicida probadas en el estudio, incluyendo el medio donde la única fuente de carbono fue glifosato. El aislamiento de microorganismos autóctonos con potencial para la degradación de glifosato en suelo agrícola abre la posibilidad de la generación de una estrategia de biorremediación de suelo contaminado por este plaguicida, así como el posterior estudio de parámetros de cultivo críticos para mejorar la degradación del plaguicida.

Keywords: Contaminación de suelo, glifosato, microorganismos autóctonos, biorremediación



Phosphate Solubilization by Bacteria Isolated from Maize Mucilage and Banana Pseudostem Using Different Phosphorus Sources

Felipe Campos Silva¹, Bianca Resende Santos², Victor Alef Rodrigues², Christiane Abreu Oliveira Paiva³

(1) Universidade Federal de Viçosa – UFV, Microbiologia Agrícola, Vila Matoso, 205 – Santo Antonio, 36570-000, Viçosa – MG, Brasil

(2) Universidade Federal de São João del-Rei – UFSJ, Rodovia MG-424– km 47, 35701-970, Sete Lagoas – MG, Brasil

(3) Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG 424, Km 45, Bairro Esmeraldas II, CEP 35702-098, Sete Lagoas – MG, Brasil

Bacteria play essential roles in the nutrient cycle, including phosphorus solubilization, a limiting nutrient for plant growth. In agricultural contexts, certain bacterial strains have shown potential in solubilizing poorly soluble phosphates, thereby enhancing phosphorus availability for plants. This study evaluated phosphorus solubilization in vitro by four bacterial strains, two isolated from maize mucilage (Ym1-6b and Ym2-23a) and two from banana pseudostem (FCS-4 and FCS-5), using three distinct phosphorus sources: FePO_4 , reactive natural phosphate (RNP), and $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$. The experiments were conducted at Embrapa Maize and Sorghum's Soil Microbiology and Bioactivity Laboratory, following standardized protocols for microbial phosphorus solubilization assays. For the solubilization assays, 100 μL of bacterial culture, adjusted to a concentration of approximately 10^8 CFU/mL, was transferred to flasks containing 50 mL of NBRIP medium. The flasks were incubated at 28°C under agitation (100 rpm) for 10 days. After the incubation period, the samples were filtered to determine the solubilized phosphorus concentration using the colorimetric method of Murphy & Riley. For reactive natural phosphate (RNP), the uninoculated control showed 0.60 mg/mL of phosphorus, whereas the bacterial strains solubilized 0.72 mg/mL (YM1-6b, maize mucilage), 0.53 mg/mL (FCS-4, banana), 0.53 mg/mL (FCS-5, banana), and 12.86 mg/mL (YM2-23a, maize mucilage). In the case of calcium phosphate ($\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$), the uninoculated control had 11.20 mg/mL, and the strains solubilized 10.29 mg/mL (YM1-6b, maize mucilage), 52.52 mg/mL (FCS-4, banana), 43.22 mg/mL (FCS-5, banana), and 371.39 mg/mL (YM2-23a, maize mucilage). Regarding iron phosphate (FePO_4), the uninoculated control presented 0.76 mg/mL, and the strains solubilized 0.38 mg/mL (YM1-6b, FCS-4, and FCS-5, banana) and 1.38 mg/mL (YM2-23a, maize mucilage). The strain YM2-23a (maize mucilage) stood out by solubilizing all three phosphorus sources tested (RNP, $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$, and FePO_4), demonstrating its broad potential. Strains FCS-4 and FCS-5 (banana) showed good performance in calcium phosphate solubilization. Future studies should identify these strains at the species level and evaluate their plant growth-promoting traits to assess their potential for sustainable fertilization strategies.

Keywords: Phosphorus solubilization, Diversity, Plant growth promotion

Acknowledgments: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG; Embrapa Milho e Sorgo; Universidade federal de Viçosa – UFV



Detección de anticuerpos Anti-Glicolípido Fenólico 1 en personal de salud en contacto con pacientes con enfermedad de Hansen

Amiliana Pineda¹, Rosa Meza², Monserrat Aldama¹, Melisa Florentín¹, Idalina Franco¹, Fernando Arévalos¹, Hernan Barrios¹, Virgilio Lezcano³, Amanda Guerrero³, Olga Aldama¹, José Pereira¹

(1) Centro de Especialidades Dermatológicas - Programa Nacional de Control de la Lepra - Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Paraguay

(2) Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Químicas, Paraguay

(3) Instituto de Medicina Tropical, Asunción, Paraguay

La lepra, o enfermedad de Hansen, es causada por *Mycobacterium leprae* y representa un desafío en salud pública debido a su capacidad de transmisión y las complicaciones crónicas que genera. En poblaciones expuestas, la detección de anticuerpos anti-Glicolípido Fenólico 1 (anti-PGL-1) es una herramienta clave para evaluar exposición e impacto ocupacional. Este estudio se centra en la frecuencia de seropositividad en trabajadores de salud, analizando su asociación con factores de riesgo y tiempo de exposición.

Metodología

Se realizó un estudio observacional de corte transversal. El objetivo del trabajo consistió en evaluar la frecuencia de seropositividad a anticuerpos Anti-Glicolípido Fenólico 1 (anti-PGL-1) en el personal de salud de un Centro de Referencia, quienes tienen contacto directo con pacientes con enfermedad de Hansen, utilizando la técnica de ELISA, y analizar su asociación con posibles factores de riesgo. Se evaluaron variables como sexo, edad, tipo de contacto, uso de medidas de bioseguridad y tiempo de exposición. La presencia de anticuerpos IgM anti-PGL-1 fue determinada mediante ELISA, estableciendo un punto de corte con 100 sueros de donantes sanos y controles positivos y negativos.

Resultados

La muestra analizada estuvo compuesta por 48 trabajadores del Centro de Especialidades Dermatológicas, de los cuales 11 eran de sexo masculino (22,9 %) y 37 de sexo femenino (77,1 %), con un rango etario de 22 a 65 años y una mediana de edad de 38 años. La frecuencia de seropositividad a anticuerpos IgM anti-PGL-1 fue del 47,2 %, lo que evidencia una considerable exposición al *Mycobacterium leprae* en este entorno ocupacional. Se observó una mayor prevalencia en personal con contacto prolongado con pacientes infectados. El análisis estadístico mostró asociación significativa ($p < 0.05$) entre seropositividad y sexo. Se detectaron tendencias en la respuesta serológica según profesión, tipo de contacto y medidas de bioseguridad utilizadas.

Conclusiones

Este estudio enfatiza la importancia de la detección de anticuerpos anti-PGL-1 como herramienta epidemiológica en vigilancia ocupacional. La caracterización del personal expuesto permite fortalecer estrategias preventivas y protocolos de bioseguridad, minimizando el riesgo de transmisión en entornos clínicos.



Keywords: *Mycobacterium leprae*, Anticuerpos anti-Glicolípidos Fenólicos 1 (anti-PGL-1), Exposición ocupacional

Acknowledgments: Agradecemos a la Asociación Alemana de Asistencia al Enfermo con Lepra y Tuberculosis (DAHV) por financiar el proyecto y al Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud (IICS) por la capacitación y suministro de controles fundamentales para el estudio.



Tamizaje farmacológico in vitro de compuestos de la Pandemic Response Box® con actividad frente a promastigotes de Leishmania mexicana

María José Merino Duque¹, Juan Diego Guarimata⁶, Jorge Humberto Heredia Moya³, Javier Rodrigo Santamaría Aguirre^{1,2}, Javier Carrión⁵, Henry David Naranjo Benavides^{1,2}, Christian David Alcívar León^{1,2}, Saegerman Claude⁴, Christian Vinicio Vinueza Burgos², Martín Lavecchia⁶, Michelle Alejandra Ávalos Loayza², Ana María Poveda Gabaldón^{1,2}, Magdalena de los Ángeles Díaz Altamirano^{2,7}

(1) Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Químicas, Calle Jerónimo Leyton S/N y Gato Sobral S/N, Quito, Ecuador

(2) Universidad Central del Ecuador, Grupo de Investigación GIPCIZ – Instituto de Investigación en Zoonosis – CIZ, Calle Jerónimo Leyton S/N, Edificio del Hospital del Día, 3er. Piso, Ciudadela Universitaria, Quito, Ecuador

(3) Universidad UTE, Campus Occidental, en la Mariscal Sucre s/n y Mariana de Jesús, Quito, Ecuador

(4) Université de Liège, Pl. du Vingt Août 7, 4000 Liège, Bélgica

(5) Universidad Complutense de Madrid, Av. Complutense, s/n, Moncloa – Aravaca, 28040, Madrid, España

(6) Universidad Nacional de la Plata, Departamento de Química, Facultad de Ciencias Exactas, Av. 7 776, B1900 La Plata, Buenos Aires, Argentina

(7) Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ingeniería Química, Universidad Central del Ecuador, Ritter S/N y Bolivia, Quito, 170521, Pichincha, Quito, Ecuador

La leishmaniasis es una enfermedad tropical desatendida causada por protozoos del género *Leishmania*, cuya prevalencia es especialmente alta en zonas rurales de América Latina. Las terapias actuales, basadas principalmente en antimoniales pentavalentes, miltefosina y anfotericina B, enfrentan serias limitaciones: toxicidad hepática y cardíaca significativa, rutas de administración poco prácticas, desarrollo de resistencia parasitaria y altos costos de adquisición, lo que dificulta su adherencia y eficacia clínica. Frente a este panorama, el reposicionamiento de fármacos surge como una estrategia eficaz para acelerar el descubrimiento de nuevas terapias alternativas.

El presente estudio tiene como objetivo realizar un tamizaje farmacológico in vitro de los 400 compuestos químicos de la Pandemic Response Box® provista por Medicines for Malaria Venture (MMV), con el fin de identificar moléculas con actividad leishmanicida. Para ello, se emplean ensayos de susceptibilidad al fármaco en placas de 96 pocillos con los promastigotes de *Leishmania mexicana*, utilizando un fluoróforo para cuantificar la viabilidad celular mediante la medición de la intensidad de fluorescencia. En paralelo se determina la citotoxicidad de estos mismos compuestos frente a dos modelos celulares (una de ratón Raw 264.7 y otro humano Thp1).

Este tamizaje tiene carácter preliminar y constituye una primera fase dentro del proceso de descubrimiento de nuevas alternativas terapéuticas. Se enfoca en la caracterización de la actividad fenotípica de compuestos bioactivos ya existentes, lo cual permite



reducir tiempos y costos de desarrollo al tratarse de entidades con perfiles toxicológicos previamente evaluados. Los resultados de esta investigación podrán orientar futuros estudios y ensayos en modelos celulares más complejos e incluso en fases in vivo, contribuyendo al desarrollo de nuevas terapias para enfermedades relegadas como la leishmaniasis.

Keywords: Leishmania mexicana, Tamizaje farmacológico, Pandemic Response Box, Reposicionamiento farmacológico, Enfermedades tropicales

Financing: Belgium Academy of Research and Higher Education (ARES – Académie de Recherche et d’Enseignement Supérieur) bajo el proyecto ARES-DI-CONV-2023-03, a través del ARES-UCE funding program

Acknowledgments: Centro de Investigación en Zoonosis, Universidad Central Ecuador Belgium Academy of Research and Higher Education (ARES – Académie de Recherche et d’Enseignement Supérieur) bajo el proyecto ARES-DI-CONV-2023-03, a través del ARES-UCE funding program



Respuestas de *Macrocystis pyrifera* a la limitación de nitrato: Contribución funcional de las bacterias epífitas bajo condiciones de estrés

July Z. Florez Guerrero^{1,2}, Ana María Zárate Riveira³, Verónica Molina Trincado^{2,4}, Benjamín Leyton-Carcaman⁵, Pablo Bruna⁵, Alejandro H. Buschmann Rubio¹

(1) Centro i~mar, CeBiB and MASH, Universidad de Los Lagos, Puerto Montt, Chile.

(2) Departamento de Ciencias y Geografía, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas y HUB Ambiental UPLA, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile.

(3) Facultad de Ciencias de la Salud, Instituto de Ciencias Aplicadas, Universidad Autónoma de Chile, Temuco, Chile.

(4) Centro de Investigación Oceanográfica COPAS COASTAL, Universidad de Concepción, Concepción 3349001, Chile.

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

El concepto de holobionte, que considera la unidad funcional hospedero-microbioma, es clave en especies formadoras de hábitat como *Macrocystis pyrifera*. Esta macroalga, con alta demanda de nitrógeno (N), enfrenta limitaciones estacionales en la costa chilena durante verano, pero el rol de sus comunidades bacterianas epífitas (CBEs) bajo ese escenario es poco conocido. Este estudio evaluó el efecto combinado de la disponibilidad de NO_3^- y la carga bacteriana sobre respuestas fisiológicas/bioquímicas/transcriptómicas de *M. pyrifera*, y su relación con el perfil funcional de las CBEs. El experimento incluyó tratamientos combinados de NO_3^- y carga bacteriana (T1: Alta-CargaBacteriana + Bajo- NO_3^- ; T2: Baja-CargaBacteriana + Bajo- NO_3^- ; 4 tanques-réplica de 60 L; 15 días). Se midieron respuestas algales y se analizó el perfil funcional de las CBEs utilizando metagenómica shotgun. Los resultados mostraron que la carga bacteriana, el NO_3^- y su interacción influyeron significativamente sobre las variables del alga ($p < 0,001$). En T1, los esporofitos mostraron mejor desempeño que en T2: TCE $4,03 \pm 1,09$ vs. $1,58 \pm 1,05$ % d⁻¹; Clorofila-a $90,5$ vs. $20,8$ $\mu\text{g} \cdot \text{g}^{-1}$ PF; Fv/Fm $0,60 \pm 0,03$ vs. $0,41 \pm 0,04$; fenoles $3,84$ vs. $0,96$ $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ PS; expresión gen asimilación de NH_4 -GluSyn $16,30 \pm 3,35$ vs. $0,98 \pm 0,50$ fold-change. El análisis funcional mostró enriquecimiento de genes bacterianos asociados a la captación, reducción y asimilación de N (napA, nirB, nirD, gdh, glsA, ureC) en T1. Lo anterior coincide con una mejor respuesta algal, evidenciando que las CBEs disponen N asimilable bajo condiciones de estrés. Estos hallazgos refuerzan el valor adaptativo del holobionte y su rol en la resiliencia del kelp frente al cambio climático.

Keywords: Interacción biológica, holobionte, kelp gigante, perfil funcional, metagenómica

Financing: FONDECYT Postdoctoral 3220102 y 3220504; Fondecyt Iniciación N°11250731; Núcleo Milenio MASH (NCN2024_037); Centro de Biotecnología y Bioingeniería (CeBiB, FB0001); FONDECYT Regular 1211977, 1221161; Beca Doctorado Nacional ANID 202321230832 y 2023-21232282; COPAS COASTAL ANID FB210021.

Acknowledgments: Agradecimiento al Centro de Modelación y Computación Científica de la UFRO (Chile), por uso de la infraestructura de supercomputación de Soroban (Proyecto-SATREPS MACH).



Evaluación del microondas y la cadena de frío como prácticas domésticas para el control microbiológico de jamón serrano.

Aniela Lizeth Peñuelas Álvarez¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Paloma de Fátima Alvarado Castro¹, Lucio De Jesús Hernández Díaz¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de investigación y diagnóstico microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Calz de las Americas Nte 2771, Cd Universitaria, Burócrata, 80030, Culiacán, Sinaloa, México

Introducción: El jamón serrano es un producto cárnico curado listo para el consumo, cuya calidad microbiológica ha sido cuestionada. Para mantener la garantía de la inocuidad previo a su consumo se sugiere la aplicación de medidas prácticas de control microbiológico. **Objetivo:** El objetivo del estudio fue evaluar distintas prácticas domésticas para el control microbiológico del jamón serrano.

Metodología: Se adquirieron muestras de jamón serrano empaquetadas de distintos proveedores locales. Las muestras de jamón serrano (1 g) fueron inoculadas con una suspensión de *Escherichia coli* ATCC 25922 (5 Log UFC/g), y se sometieron a las siguientes prácticas domésticas: microondas (potencia media y alta por 5 y 10 s), refrigeración (4° C) y congelación (-20° C) por 14 días. La cuantificación (Log UFC/g) de *E. coli* en las muestras (sin inocular, inoculadas y tratadas) se realizó por cuenta total en agar MFC.

Resultados: Todos los tratamientos de microondas permitieron eliminar totalmente la concentración de *E. coli* inoculada en las muestras de jamón serrano ($P > 0.05$). Mientras que, la refrigeración y la congelación permitieron la reducción gradual (≤ 2 Log UFC/g) y control (≤ 0.5 Log UFC/g) de *E. coli* durante el almacenamiento ($P < 0.05$), respectivamente.

Conclusiones: Se sugieren como prácticas domésticas idóneas y rápidas para garantizar la calidad microbiológica del jamón serrano previo a su consumo el uso de microondas a potencia media por 5 s, y el respeto de la cadena de frío durante su almacenamiento.

Keywords: Alimento, Control, inocuidad, *E. coli*

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, además a la facultad de Ciencias Químico Biológicas de la Universidad Autónoma de Sinaloa por sus instalaciones.



Evaluación de la sobrevivencia al etanol en cepas de *Saccharomyces cerevisiae* con potencial industrial

Emmanuel Beltrán Lupercio¹, Dra. Gloria Marisol Castañeda-Ruelas¹, Lourdes Aimara Valle Verdugo¹, Dra. Maribel Jiménez-Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Culiacán, Sinaloa, México

Introducción: *Saccharomyces cerevisiae* es una levadura ampliamente utilizada en la fermentación industrial debido a su capacidad para la producción de etanol. No obstante, la tolerancia a altas concentraciones de etanol es un indicador para la selección de las cepas y la optimización de procesos en la industria alimentaria y biotecnológica.

Objetivo: Evaluar la sobrevivencia y estrés oxidativo al etanol en tres cepas silvestres de *S. cerevisiae*.

Materiales y Métodos: Para la sobrevivencia, se cultivaron tres cepas (I, II, y III) de levadura diferentes en caldo YM suplementado con etanol (v/v) al 0 %, 10 %, 12 %, 14 % y 16 %. Se midió el crecimiento celular a través de siembra por goteo en agar YPD, y los resultados se expresaron en Log UFC/mL. El estrés oxidativo se evaluó en caldo YM suplementado con etanol al 20 % para determinar la sobrevivencia (%) después de 24 h de exposición.

Resultados: La concentración de alcohol y la cepa de levadura utilizada condicionan la sobrevivencia del microbio en el medio ($P < 0.05$). Las concentraciones de etanol 14 % y 16 % favorecieron la proliferación de la mayoría de las levaduras (II y III), excepto cepa I. En el estrés oxidativo se observó una sobrevivencia del 84.4 %, 63.8 % y 50.4 % para las cepas III, II y I, respectivamente.

Conclusiones: La sobrevivencia al etanol de las levaduras evaluadas se observó como una propiedad no estable. No obstante, las levaduras muestran la capacidad de tolerar hasta un 20% de etanol, lo que puede favorecer su uso industrial.

Keywords: *Saccharomyces cerevisiae*, Levaduras, Etanol, Industria Alimentaria

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Agradecemos el apoyo del equipo técnico del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico de la Facultad de Ciencias Químico Biológicas de la Universidad Autónoma de Sinaloa.



Diagnóstico molecular de bacterias atípicas causantes de síndromes respiratorios en pacientes pediátricos de diferentes grupos etarios en México

CESAR ARELLANO-ARELLANO^{1,2}, GRACIELA VILLEDA-GABRIEL³, FRANCISCO JAVIER PRADO-GALBARRO⁴, PAOLA ALEJANDRA BARRIENTOS-GONZALEZ⁵, MAGALI REYES-APODACA⁶, URIEL GOMEZ-RAMIREZ^{1,2}, DINA VILLANUEVA-GARCIA⁵, ARACELI CONTRERAS-RODRIGUEZ¹, MA. GUADALUPE AGUILERA-ARREOLA¹, MARIA ISABEL FRANCO-HERNANDEZ⁷, ISRAEL PARRA-ORTEGA⁷, ALMA LIDIA OLIVARES-CERVANTES², NORMA VELAZQUEZ-GUADARRAMA^{1,2}

(1) INSTITUTO POLITECNICO NACIONAL, DEPARTAMENTO MICROBIOLOGIA, ESCUELA NACIONAL DE CIENCIAS BIOLOGICAS, PROLONGACIÓN DE CARPIO Y PLAN DE AYALA S/N, MEXICO, MEXICO

(2) Hospital Infantil de México Federico Gómez, Laboratorio de Investigación en Microbiología y Resistencia Antimicrobiana, Mexico City 06720, MEXICO, MEXICO

(3) Instituto Nacional de Perinatología "Isidro Espinosa de Los Reyes", departamento de Inmunología e Infectología, Mexico City 11000, MEXICO, MEXICO

(4) Hospital Infantil de México Federico Gómez, Dirección de Investigación, Mexico City 06720, MEXICO, MEXICO

(5) Hospital Infantil de México Federico Gómez, departamento de Neonatología, Mexico City 06720, MEXICO, MEXICO

(6) Hospital Infantil de México Federico Gómez, Unidad de Investigación y Diagnóstico en Nefrología y Metabolismo Mineral Óseo, Mexico City 06720, MEXICO, MEXICO

(7) Hospital Infantil de México Federico Gómez, Laboratorio Clínico, Mexico City 06720, MEXICO, MEXICO

Chlamydia pneumoniae (Cp), *Mycoplasma pneumoniae* (Mp), *M. hominis* (Mh), *Ureaplasma urealyticum* (Uu), *U. parvum*, *Legionella pneumophila* (Lp) y *Bordetella pertussis* (Bp) son bacterias que causan enfermedades respiratorias, y se han relacionado con casos de neumonía atípica (NA) y síndrome de dificultad respiratoria (SDR) en neonatos y pacientes con fibrosis quística. Aunque existen métodos inmunológicos, microbiológicos y moleculares, son poco sensibles y costosos por lo que la identificación de estas bacterias no se hace de rutina. El objetivo de este trabajo fue diseñar y validar una prueba diagnóstica molecular a través de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para identificar a Cp, Mp, Mh, Uu, Up, Lp y Bp en pacientes pediátricos de diferentes grupos etarios y calcular su prevalencia. Se analizaron 609 muestras (aspirado bronquial, esputo, exudado nasofaríngeo, aspirado traqueal) de pacientes con SDR, neumonía, fibrosis quística y otras enfermedades respiratorias. Se realizó la PCR punto final con iniciadores diseñados y validados con DNA tipo de Cp, Mp, Mh, Uu, Up, Lp y Bp. Se calculó la prevalencia de las especies bacterianas por tipo de enfermedad respiratoria, y por grupo etario. Además, se validó una PCRm empleando 410 muestras. Se calculó la sensibilidad, especificidad y exactitud comparando con otros métodos. Los resultados mostraron que 139 muestras (22.82%) fueron positivas por PCR punto final. U. u se identificó en 18 muestras (2.95%), U. p en 57 (9.35%), M. h en 21 (3.44%), L. p en 3 (0.49%), M. p en 39 (6.40%), C. p en 23 (3.77%) y B. p en 5 (0.82%). U. u, M. h y U. p fueron más frecuentes en neonatos. La frecuencia de M. p y C. p fue significativa en lactantes mayores y en el grupo de lactantes menores L. p y B. p mostraron diferencia



significativa. En todos los grupos de edad pediátrica se identificaron a las especies bacterianas durante todo el año. Solo M. p mostró diferencia significativa durante el verano. La PCRm tuvo una sensibilidad de 83.3 a 100%, especificidad del 100% y exactitud de 97.7-100%. La prematuridad y bajo peso fueron las variables clínicas que se relacionaron a la infección con micoplasma.

Keywords: diagnostico, PCR MULTIPLEX, neumonia atípica

Financing: Este trabajo recibió apoyo de fondo federal en el Hospital Infantil de México Federico Gómez, número de proyecto HIM/2017/110 SSA.1434, y proyecto SIP-IPN. 20164883, 20241088, y 20240514.



Determinación de la calidad microbiológica de salsas servidas en establecimientos de Culiacán, Sinaloa, México y las implicaciones en su consumo.

Michelle Villegas Beltrán¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Jeraldine Guadalupe Ceballos Aguirre¹, Maribel Jimenéz Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Josefa Ortíz De Domínguez, Cd Universitaria, Universitaria, 80040 Culiacán Rosales, Sinaloa, México., Culiacan, Mexico

Introducción: La salsa mexicana es la "composición o mezcla de varias sustancias comestibles desleídas, que se hace para aderezar o condimentar la comida". Las salsas se elaboran con una variedad de verduras y especias cuyo propósito fundamental es complementar al platillo principal, realzando y equilibrando su sabor, color y textura. En México, es habitual el consumo de salsas en establecimientos informales de tacos, donde suelen estar expuestas a la intemperie y personas, vulnerando su calidad y seguridad. **Objetivo:** El objetivo de este trabajo fue la cuantificación de *Escherichia coli* en muestras de salsas en comercios informales de tacos en Culiacán, Sinaloa, México. **Metodología:** Se recolectaron 18 muestras de salsas clasificadas como salsas crudas (n = 6), salsas cocidas (n = 6) y guacamole (n = 6). El análisis microbiológico consistió en la cuantificación (Log UFC/mL) de *E. coli* mediante cuenta total en agar selectivo. Adicionalmente, se realizó un análisis cuantitativo del riesgo microbiológico por consumo (5 g/evento) de salsa contaminada con *E. coli* utilizando un modelo de b-Poisson. **Resultados:** En el 72.3 % (15/30) de las muestras se cuantificó *E. coli*, incluyendo: guacamole (100 %), salsa cruda (83.3 %) y salsa cocida (66.7 %). La cuantificación de *E. coli* (2.0 a 8.0 Log UFC/g) varió entre las salsas ($P < 0.05$), siendo las muestras de guacamole la categoría con peor calidad microbiológica (6.4 ± 1.7 Log UFC/g). Suponiendo que la salsa estuviera contaminada con los niveles de *E. coli* determinados y que todos los individuos consumieran una porción anual, el riesgo estimado es de 5.29×10^{-5} a 0.62, lo que representa de 53 a 626,495 casos en Culiacán, Sinaloa, México. **Conclusiones:** Los hallazgos señalan la importancia de investigar la posible presencia de agentes patógenos en las salsas. Así como la aplicación de operaciones de control e higiene para garantizar las condiciones sanitarias de las salsas en los establecimientos, ya que su consumo puede representar un riesgo para la salud pública.

Keywords: Contaminación, *E. coli*, Inocuidad, Salsa, Verdura

Financing: Sin financiamiento.

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico de la Facultad de Ciencias Químico Biológicas en la Universidad Autónoma de Sinaloa.



Characterization of Bacteriophages with Therapeutic Potential Against Multidrug-Resistant *Klebsiella pneumoniae*.

Pablo Fernández¹, Diego Abarzúa¹, Francisca Martínez¹, Francisco Fuentes-Villalobos¹, Víctor Campos¹

(1) Universidad de Concepción, Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile

The growing threat of multidrug-resistant bacteria has been recognized by the WHO, which has identified *Klebsiella pneumoniae* as one of the critical priority pathogens for the development of new therapeutic alternatives. In this context, bacteriophages are re-emerging as promising tools due to their specificity and effectiveness against resistant pathogens. This study aimed to isolate and characterize bacteriophages with specific lytic activity against multidrug-resistant *K. pneumoniae*, evaluating their stability and specificity as potential candidates for phage therapy.

Wastewater samples were collected and subjected to double-layer agar (DLA) assays on LB medium using *K. pneumoniae* ATCC 1706 as the host strain. The resulting lysis plaques were treated with DNase and RNase, confirming that the phage genome consists of DNA. Phage stability was assessed under varying pH conditions (3 to 11), revealing viability in acidic and environments. A host range assay was also conducted using selected Enterobacteriaceae, showing high specificity for *K. pneumoniae*.

Additionally, a thermal stability assay was performed by incubating the phages at temperatures ranging from 4 °C to 60 °C. The results indicated that the isolates maintained optimal lytic activity between 4 °C and 37 °C, with progressive reduction at 50 °C and complete loss of activity at 60 °C, suggesting a functional thermal range suitable for clinical applications.

In conclusion, these preliminary findings demonstrate that the isolated bacteriophages exhibit specificity, stability under pH and temperature variations, and potential for development as therapeutic agents against multidrug-resistant *K. pneumoniae*. Future studies will include genomic characterization, endotoxin analysis, in vivo testing, and evaluation of synergy with antibiotics, aiming to design personalized phage therapies for hard-to-treat infections.

Keywords: Phage therapy, Multidrug resistance, *Klebsiella pneumoniae*

Acknowledgments: We thank the Environmental Microbiology and Immunovirology Laboratory team and the culture media technicians from the Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences, University of Concepción, for their valuable technical support and collaboration in this study



Identificación molecular de micobacterias del complejo *Mycobacterium tuberculosis* y micobacterias atípicas en muestras clínicas de Puebla, México durante el periodo 2018–2025.

Amairani Kiabeth Ham Tirado¹, Mandy Juárez Rodríguez¹, Sergio Sánchez Sosa¹

(1) LABOPAT, Biología molecular, Av. Kepler 2143, Reserva Territorial Atlixcáyotl, 72190 Heroica Puebla de Zaragoza, Pue., Puebla, México

En las últimas décadas la infección y enfermedad por micobacterias del complejo *Mycobacterium tuberculosis* (CMTB) y no tuberculosas (MNT) ha incrementado a nivel mundial. Aunque la tuberculosis pulmonar continúa siendo la forma más común, los casos extrapulmonares también han aumentado. Algunas MNT pueden generar sintomatología similar a la tuberculosis, por lo que su diferenciación es crucial para un tratamiento adecuado. En este sentido, el diagnóstico molecular es una herramienta clave para la identificación precisa y oportuna de estos patógenos. Lo anterior es importante para un país donde la información sobre la prevalencia e incidencia de MNT es limitada. El objetivo de este trabajo es describir la frecuencia de detección de micobacterias CMTB y MNT en muestras clínicas analizadas en el periodo de 2018 a 2025 en Puebla, México. Un total de 878 especímenes fueron procesados para la detección de ambos patógenos. La obtención de material genético se realizó mediante columnas de sílice. Para cada muestra, 90 ng de ADN fueron amplificados mediante PCR anidada dirigida a los genes IS6110 y hsp65 de CMTB y MNT respectivamente. Del total de muestras, el 18.3% resultaron positivas. Entre éstas, el 64.6% correspondió a CMTB, el 16.77% a MNT y el 18.63% a las coinfecciones. La localización pulmonar fue la más frecuente (CMTB 39.42%, MNT 33.33%), seguida de la ganglionar (CMTB 15.38%, MNT 18.52%) e intestinal/peritoneal (CMTB 10.58%, MNT 14.81%). Las mujeres presentaron mayor proporción de resultados positivos (CMTB 52.88%, MNT 70.37%) respecto a los hombres (CMTB 47.12%, MNT 25.93%). El rango de edad de la población analizada se encontró entre 0 a 87 años, siendo 30–34, 45–49 y 65–69 los rangos de edad con mayor porcentaje de positividad. Las muestras con mayor tasa de coinfección fueron las pulmonares (30%) y óseas (16.67%). Nuestros hallazgos muestran que las micobacterias pueden infectar cualquier sistema, con 63.35% de casos positivos extrapulmonares. Observamos una tendencia de incremento en la frecuencia de detección de MNT a lo largo del período estudiado, destacando la importancia de su diferenciación diagnóstica y vigilancia epidemiológica, especialmente en contextos donde las MNT no son de notificación obligatoria.

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis*, PCR, Micobacterias atípicas, Diagnóstico molecular



Impact of *Bacillus* spp. Inoculation and Phosphorus Fertilization on the Rhizosphere Microbial Diversity of Maize

Jonnathan Whiny Moraes Dos Santos¹, Raquel Gomes de Oliveira², João Vitor Silvério Avelar^{2,3}, Flavia Cristina dos Santos², Christiane Abreu de Oliveira Paiva², Ubiraci Gomes de Paula Lana², Eliane Aparecida Gomes², Sylvia Morais de Sousa Tinoco^{1,2,3}

(1) Genomics for Climate Change Research Center (GCCRC), Av. Cândido Rondon, 400, Cidade Universitária, Campinas, SP, Brazil

(2) Embrapa Maize and Sorghum, Rodovia MG 424 - KM 65, Bairro Esmeraldas. Caixa Postal 151, Sete Lagoas, MG, Brazil

(3) Federal University of São João del-Rei, São João del-Rei, MG, Brazil

The use of bioinoculants is a key component of sustainable management strategies, promoting the ecological intensification of agriculture. This study evaluated the effects of inoculation with the bioinoculant BiomaPhos®, comprising the phosphate-solubilizing strains *Bacillus* CNPMS B119 and CNPMS B2084, and phosphorus fertilization on the microbial diversity of the maize rhizosphere. The field experiment was conducted in clay soil at the Embrapa Maize and Sorghum Experimental Station in Sete Lagoas, Minas Gerais, Brazil, during the 2023 and 2024 growing seasons. A randomized block design was used with three replicates. Treatments included the presence or absence of the inoculant, combined with two phosphorus sources (rock phosphate and triple superphosphate) applied at four rates (0, 60, 120, and 180 kg ha⁻¹ of P₂O₅). Rhizospheric and bulk soil samples were collected at the flowering stage and analyzed using T-RFLP targeting 16S rDNA (bacteria) and 28S rDNA (fungi). Microbial communities were profiled using three restriction enzymes (AluI, HhaI, HaeIII) and analyzed with GeneMapper 5.0, T-REX, and MiCA3 software. Bacterial diversity showed significant differences ($p < 0.05$) between inoculated and non-inoculated treatments across all phosphorus doses and sources, with notable shifts in the phyla Actinomycetota, Bacillota, and Pseudomonadata. Shannon and Simpson diversity indices were consistently higher in inoculated treatments. For arbuscular mycorrhizal fungi, a significant interaction was observed between inoculation and phosphorus source across different application rates. Fungal diversity was particularly influenced by treatments with 120 kg ha⁻¹ of P₂O₅, especially under the combination of inoculant and triple superphosphate. These results demonstrate that inoculation with *Bacillus* spp. significantly alters the structure and diversity of rhizosphere microbial communities, with responses varying according to phosphorus source and application rate. This study advances our understanding of the interactions between bioinoculants and fertilization practices, contributing to the optimization of biological and nutritional management in maize cultivation.

Keywords: Rhizobacteria, Microbial diversity, Agricultural sustainability

Financing: Financial support: Embrapa, Fapemig, Finep, CNPq.



DETECCIÓN DE OCRATOXINA A EN ARROZ PADDY Y COMERCIAL: ESTUDIO EN NORTE DE SANTANDER, COLOMBIA

Liliana Rojas Contreras¹, Jorge Luis Ortiz², Ramón Ovidio García Rico¹

(1) Universidad de Pamplona, Microbiología, Ciencias Básicas, Ciudadela Universitaria Km. 1 vía Bucaramanga, Pamplona

(2) Universidad de Pamplona, Ingeniería Ambiental, De Ingenierías y Arquitectura, Ciudadela universitaria, Km 1 vía Bucaramanga, Pamplona, Colombia

El arroz es uno de cereales de mayor relevancia en extensión y consumo, posicionándose como un alimento básico en la dieta diaria de la población mundial. Un manejo inadecuado del arroz durante su almacenamiento o transporte, especialmente en ambientes con altas temperaturas y humedad, puede propiciar la aparición de hongos que producen sustancias tóxicas. La ocratoxina A (OTA) es una micotoxina que se produce en estos contextos por hongos como *Aspergillus ochraceus* y *Penicillium verrucosum*. La presencia de OTA en alimentos representa un riesgo para la salud humana y animal, ya que es nefrotóxica, inmunosupresora, genotóxica, carcinogénica y teratogénica, siendo imperativo tomar medidas para controlar y prevenir su contaminación.

Debido a la importancia de la presencia de OTA en cereales, en el presente estudio se determinaron los niveles de esta micotoxina mediante la técnica de inmunoensayo enzimático (ELISA) en 40 muestras de arroz paddy, de las cuales el 72,5 % resultaron positivas, con concentraciones alrededor de $1,22 \pm 0,80 \mu\text{g/kg}$. Ninguna de las muestras superó el límite máximo permitido por la UE ($5 \mu\text{g/kg}$). En cuanto a las 15 muestras de arroz comercial, el 33,3 % presentó contaminación con OTA, con una concentración máxima de $1,66 \mu\text{g/kg}$. El promedio más alto de OTA para arroz paddy se encontró en muestras provenientes del municipio de El Zulia ($1,80 \pm 0,55 \mu\text{g/kg}$), seguido de Puerto Santander ($1,33 \pm 1,15 \mu\text{g/kg}$). El arroz comercial evidenció una media de $0,33 \mu\text{g/Kg}$ ($\pm \text{SD} = 0,49$).

En conclusión, el arroz paddy y comercial producido en Norte de Santander, Colombia, no representa un riesgo en salud pública respecto a las concentraciones de OTA determinadas en este estudio. No obstante, es necesario monitorear y asegurar la correcta implementación de las Buenas Prácticas Agrícolas (BPA) para minimizar el riesgo de contaminación por hongos toxigénicos durante toda la cadena productiva.

Keywords: Arroz, hongo, inmunoensayos, micotoxinas, ocratoxina A

Financing: Universidad de Pamplona, Vicerrectoría de Investigaciones, proyecto 400-156.012-020(GA312-BP-2019)

Acknowledgments: Agradecimiento a la Universidad de Pamplona, a la Vicerrectoría de Investigaciones y al Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología [GIMBIO].



Thermophilic Bacterial Exopolysaccharides from Chilean Hot Springs: Natural Additives for the Food Industry

Aparna Banerjee¹

(1) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, 5 poniente 1670, Talca, Chile

In the extreme geothermal niches of Chilean hot springs, thermophilic bacteria produce exopolysaccharides (EPS) as an integral part of their biofilm network of remarkable structural complexity and functional potency. This study presents a multidisciplinary exploration of EPSs derived from four novel thermotolerant strains—*Bacillus licheniformis* Toll, *Pseudomonas alcaligenes* Medl, *Staphylococcus* sp. BSP3, and *Bacillus paralicheniformis* CamBx3—isolated from Tolhuaca, Medano, San Pedro, and Campanario hot springs located in central to southern Chile, a location that has not been reported before. Through an interdisciplinary study of genomics, structural analyses, and functional assays, we unveil their potential as sustainable, multifunctional food-grade additives. The EPS from *B. paralicheniformis* CamBx3 forms heat-stable, viscoelastic acid gels and exhibits potent antioxidant and β -glucosidase inhibitory activity—traits ideal for active food packaging and functional ingredient development with a focus on dairy products or carbonated beverages. The mannan-rich EPS of *Staphylococcus* BSP3, with thermal stability of 287 °C, shows strong flocculation, emulsification, and water-holding properties, all critical for food formulation and texturisation. Meanwhile, *B. licheniformis* Toll EPS demonstrated superior emulsifying and antioxidative behaviour, and the EPS from *P. alcaligenes* Medl, a novel galactoglucomannan, exhibited high thermal stability of 315 °C, potent antioxidant activity, and superior emulsification, flocculation, and water/oil-holding capacities. These properties position it as a promising stabiliser and antioxidant for food applications. Genome sequencing revealed robust EPS biosynthetic gene clusters, sugar metabolism pathways, and stress-response elements that underpin their adaptive and biosynthetic capacities in extreme environments of hot springs. Collectively, these EPSs emerge as powerful candidates for replacing synthetic food stabilisers, emulsifiers, and antioxidants, offering a climate-resilient and health-conscious alternative for the food processing industry, supporting SDG2, aiming to achieve food security and improved sustainable nutrition. This work elevates extremophilic EPSs from microbial survival tools to next-generation biopolymer solutions—designed by nature, decoded by science, and destined for the future of sustainable food innovation.

Keywords: Thermophilic bacteria, Exopolysaccharides, Hot springs, Food additives

Financing: Fondecyt Regular 1231917 by ANID, Govt. of Chile

Acknowledgments: FONDEQUIP-ANID EQM200122 for the confocal microscopy.



Evaluación de la actividad antimicrobiana de extractos obtenidos de *Pithecellobium dulce* contra bacterias patógenas de transmisión alimentaria.

Angel Ivan Amarillas-Arredondo¹, Maribel Jimenez-Edeza¹, Diana Yarel Ramirez-Raya¹, Gloria Marisol Castañeda-Ruelas¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnostico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico-Biológicas, Culiacán, Sinaloa, México.

Introducción: La resistencia antimicrobiana es un problema creciente en la salud pública y la seguridad alimentaria, lo que ha incentivado la búsqueda de alternativas naturales con propiedades antimicrobianas. Los extractos de plantas han mostrado efectos inhibitorios contra diversas bacterias patógenas. **Objetivo:** En este estudio se evaluó la actividad antimicrobiana de extractos obtenidos del fruto de guamúchil (*Pithecellobium dulce*) mediante tres métodos de extracción (fermentación, infusión y decocción) contra *Salmonella* spp. ATCC14028 y *Staphylococcus aureus* ATCC29213. **Metodología:** Porciones (10 g) de semilla, fruto y cáscara de guamúchil se sometieron a tres métodos de extracción en fase acuosa (90 mL): fermentación (24 y 48 h con probióticos), infusión (80 - 90 °C por 10 min) y decocción (90 °C por 1 h). La actividad antimicrobiana se evaluó frente a suspensiones (0.5 MacFarland) de *Salmonella* spp. ATCC14028 y *Staphylococcus aureus* ATCC29213 mediante el método de pozos en agar, midiendo el halo de inhibición (mm). Adicionalmente, se midieron los valores de pH de los extractos para analizar su relación con la actividad antimicrobiana. **Resultados:** Se obtuvieron 12 extractos acuosos, cuyo poder antimicrobiano varió según el extracto (método y porción de la planta) ($P = 0.00$) y la bacteria ($P = 0.007$). *S. aureus* fue sensible al 50 % de los extractos obtenidos, mostrando la mayor sensibilidad (7.33 ± 0.6 mm) al extracto de semilla fermentada por 48 h. Mientras que, *Salmonella* mostró halo de inhibición (18.3 ± 2.5 mm) solo con el extracto de infusión de fruta. El pH del extracto se correlacionó con la inhibición de *S. aureus* ($R = -0.68$, $P < 0.05$). Pero, se descarta la influencia del pH con la inhibición de *Salmonella* ($P > 0.05$). **Conclusiones:** Estos hallazgos respaldan el potencial antimicrobiano del guamúchil como fuente de compuestos con aplicación en la conservación de los alimentos y el control de patógenos. No obstante, la actividad antimicrobiana fue selectiva dependiendo del método de extracción, la bacteria evaluada, y el pH del extracto.

Keywords: *Pithecellobium dulce*, Resistencia antimicrobiana, Bacterias patógenas, Extractos vegetales

Financing: No aplica.

Acknowledgments: Los autores agradecen al laboratorio LIDiM de la FCQB, UAS, por su apoyo en este estudio, así como a las Dras. Maribel Jiménez Edeza y Gloria Marisol Castañeda Ruelas por su asesoría, y a nuestros compañeros por su colaboración experimental.



EXPLORANDO NUEVAS ESTRATEGIAS ANTIBIOFILM: APORTES DE LAS NANOPARTÍCULAS MICROBIANAS

María Belén Estevez¹, Sofía Raffaelli¹, Noheilly Vasquez^{1,3}, Scott Mitchell², Gustavo Mourglia³, Ricardo Faccio⁴, Silvana Alborés¹

(1) Universidad de la República, DEPBIO, Área de Microbiología, Facultad de Química, Gral. Flores 2124, Montevideo, Uruguay

(2) Universidad de Zaragoza, CSIC, Instituto de Nanociencia y Materiales de Aragón, C/ Pedro Cerbuna, 12, Zaragoza, España

(3) Universidad de la República, Departamento de Biociencias, Área de Inmunología, Facultad de Química, Gral. Flores 2124, Montevideo, Uruguay

(4) Universidad de la República, DETEMA, Centro NanoMat – Área Física, Facultad de Química, Gral. Flores 2124, Montevideo, Uruguay

El desarrollo y aplicación de nanomateriales antimicrobianos ha cobrado gran relevancia en áreas clave como la salud humana y animal, la agricultura y la industria. Entre los múltiples desafíos microbiológicos actuales, los biofilms microbianos representan una de las mayores amenazas debido a su elevada resistencia a los tratamientos convencionales y su rol central en infecciones persistentes, contaminación industrial y enfermedades de plantas. En este contexto, la búsqueda de estrategias efectivas para prevenir y desestructurar biofilms se ha convertido en una prioridad.

Las nanopartículas, por su baja dimensionalidad y alta relación superficie-volumen, poseen una capacidad única para interactuar con las matrices extracelulares de los biofilms, facilitando su penetración y potenciando su acción antimicrobiana. Esto las convierte en herramientas prometedoras no solo para tratar infecciones causadas por bacterias resistentes a antibióticos, sino también para controlar eficazmente la formación y persistencia de biofilms.

Además, los avances en la síntesis biológica de nanopartículas abren nuevas perspectivas en su aplicación, permitiendo la producción de antimicrobianos y antibiofilm de manera más eficiente y sostenible. Este enfoque biológico, utilizando microorganismos, evita el uso de reactivos tóxicos y costosos, así como condiciones de reacción adversas asociadas a métodos convencionales.

En este sentido, nuestro grupo interdisciplinario ha centrado sus esfuerzos en la síntesis de nanopartículas biogénicas con propiedades antimicrobianas, antibiofilm y baja toxicidad. Utilizando filtrados extracelulares de diversos microorganismos, hemos logrado producir nanopartículas metálicas biogénicas, las cuales han sido exhaustivamente caracterizadas (tamaño, forma, carga, composición) y evaluadas frente a microorganismos multirresistentes y fitopatógenos. Nuestros estudios también han profundizado en las interacciones entre estas nanopartículas biogénicas y las células microbianas, empleando diversas técnicas como microscopía Raman confocal, electrónica o de fuerza atómica, para comprender los posibles mecanismos de acción antimicrobianos y antibiofilm. Los resultados obtenidos han demostrado



la capacidad de estas nanopartículas para inhibir, interrumpir o erradicar biofilms microbianos de importancia clínica, así como para controlar fitopatógenos de relevancia agroalimentaria.

En conclusión, las nanopartículas microbianas sintetizadas en estos trabajos ofrecen un potencial significativo en el desarrollo de nuevos materiales para aplicaciones en salud, agricultura y alimentación, abriendo el camino hacia soluciones más eficaces y sostenibles en el control de microorganismos.

Keywords: nanopartículas microbianas, nanobiotecnología, antimicrobianos, antibiofilm

Acknowledgments: Agradecimientos: Universidad de la República (UDELAR), Uruguay Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA), Uruguay Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII), Uruguay



Hacking the System: Virtual Molecules That Sabotage *Helicobacter pylori* Infection

José Carlos Parada Fabián¹, Alfonso Méndez Tenorio¹

(1) Instituto Politécnico Nacional, Bioquímica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Unidad Profesional Lázaro Cárdenas, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n, Col. Santo Tomás C.P. 11340 Alcaldía Miguel Hidalgo, Ciudad de México, México

In the search for new therapeutic strategies against *Helicobacter pylori*, one of the main bacterial agents associated with chronic gastritis and gastric cancer, increasing attention has been paid to its type IV secretion system (T4SS) and its associated oncoprotein, Cag26. This system enables the translocation of virulence proteins directly into the host's gastric epithelium, contributing significantly to the pathogenesis of infection. In this context, the *in silico* design and selection of antimicrobial peptides (AMPs) targeting both the T4SS and the Cag26 oncoprotein was proposed, with the aim of preventing their activity and translocation into host cells.

To this end, computer-aided rational drug design methodologies were employed, including molecular modeling, molecular docking, ADME-Tox pharmacokinetic property prediction, and molecular dynamics simulations. Two molecular libraries were generated: one aimed at blocking key structural components of the T4SS, specifically the antenna region of the CagY subunit, and another focused on the functional inhibition of the Cag26 oncoprotein. Filtering criteria were then applied to select the most promising molecules, based on binding affinity, stability of the protein-ligand complex, and favorable bioavailability profiles.

The selected molecules showed stable interactions with functional domains of interest, suggesting their potential as effective inhibitors. This *in silico* approach significantly reduced the number of candidate molecules, optimizing resources prior to experimental validation. Furthermore, the clinical relevance of simultaneously inhibiting both the secretion system and its oncoprotein was underscored, as this strategy could reduce *H. pylori* virulence without exerting the selective pressure associated with traditional antibiotics, thereby helping to mitigate antimicrobial resistance.

In conclusion, this study successfully designed and rationally selected peptides capable of inhibiting both the translocation and activity of Cag26 by interfering with the T4SS of *H. pylori*. The resulting libraries provide a solid foundation for future *in vitro* and *in vivo* validation, with the goal of developing novel targeted therapies to complement or replace conventional antibiotic treatments.

Keywords: *Helicobacter pylori*, Type IV secretion system, Cag26 oncoprotein, *In silico* drug design, Antimicrobial peptides

Financing: The funding comes from SECIHTI projects and SAPPI projects of the National



Polytechnic Institute (Instituto Politécnico Nacional).

Acknowledgments: Acknowledgments to the Laboratory of Biotechnology and Genomic Bioinformatics at the National School of Biological Sciences, National Polytechnic Institute.



Identificación de las prácticas higiénico-sanitarias de las esponjas de cocina utilizadas en hogares de estudiantes universitarios de Culiacán, Sinaloa, México.

Jeraldine Guadalupe Ceballos Aguirre¹, Michelle Villegas Beltrán¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de investigación y diagnóstico microbiológico, Facultad de ciencias Químico-Biológicas, Calz de las Americas Nte 2771, Cd Universitaria, Burócrata, 80030, Culiacán Rosales, Sin., México

Introducción: Las esponjas son utensilios de cocina generalmente utilizados para eliminar los residuos en vajilla, superficies y utensilios. Los restos de materia orgánica junto con la humedad retenida en las esponjas ofrecen un ambiente positivo para el crecimiento y la supervivencia de los microorganismos. **Objetivo:** Identificar las prácticas higiénico-sanitarias del uso de esponjas de cocina utilizadas por estudiantes universitarios de Culiacán, Sinaloa, México. **Metodología:** Para ello, se recolectaron 20 esponjas de cocina utilizadas por estudiantes universitarios, y se evaluó la calidad microbiológica mediante la cuantificación (Log UFC/mL) de microorganismos coliformes totales en placa siguiendo la NOM-113-SSA1-1994. Adicionalmente, se realizó una encuesta a los estudiantes participantes para identificar las prácticas higiénicas del uso de la esponja. **Resultados:** En el 100 % de las muestras se cuantificaron el grupo de coliformes totales con un valor promedio y coeficiente de variación de 5.5 ± 1.7 Log UFC/mL y 31.0 %, respectivamente. La concentración de coliformes totales en las muestras de esponjas varió según el participante ($P < 0.05$). Los estudiantes participantes correspondieron a hombres (60 %) y mujeres (40 %), en su mayoría utilizaban la esponja para la limpieza de utensilios (65 %), ollas (100 %) y fregadero (55 %). El tiempo de uso de la esponja fue principalmente (55 %) de < 1 mes. El 75 %, 80 % y 100 % de los participantes no utilizan la esponja para la limpieza del entorno de cocina, refrigerador y derrames en el suelo, respectivamente. La mayor parte de los participantes no desinfectan su esponja (80%) mientras que el resto si lo hace (20%). **Conclusión:** Los hallazgos identifican a las esponjas como vehículos diseminadores de microorganismos, cuyas prácticas higiénicas comprometen la seguridad de uso. La información sobre el uso y desinfección de esponjas favorece el entorno higiénico de los hogares y prevención de enfermedades.

Keywords: Esponjas, microorganismos, higiene, estudiantes universitarios

Financing: sin financiamiento

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico (LiDIM) de la Universidad Autónoma de Sinaloa.



Characterization of organic acids and antifungal activity of *Lactiplantibacillus plantarum* strains isolated from donkey milk

Luana Virgínia Souza^{1,3}, Andressa Falqueto^{2,3}, Cinzia Randazzo³, Antonio Fernandes Carvalho², Cinzia Caggia³, LUÍS AUGUSTO NERO¹

(1) Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Veterinária, Viçosa, Brazil

(2) Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Tecnologia de Alimentos, Viçosa, Brazil

(3) Università di Catania, Catania, Italy

Filamentous fungi can pose significant challenges in the dairy industry, leading to visible problems such as mycelium growth and hidden problems such as gases, strange odors and potential mycotoxin production, which compromise product quality and are concerns for public health. Currently, the increasing consumer demand has driven the search for natural and healthier alternatives, including replacing chemical preservatives with natural compounds and biopreservatives. This shift has heightened scientific interest in microbial cultures with bioprotective properties, particularly lactic acid bacteria (LAB), known for their ability to produce various antimicrobial compounds, mainly organic acids. This study aimed to evaluate the antifungal activity of *Lactobacillus plantarum* strains (n=5) isolated from donkey milk on Sicily- Italy. The in vitro and in situ assays were performed against *Penicillium chrysogenum* IOC 132 and *Aspergillus niger* IOC 207. The in vitro assay was conducted using the dual agar overlay method and inhibition zone measurement. In situ evaluation was performed in simulated cheese matrices. Additionally, organic acids produced by the strains were characterized using high-performance liquid chromatography (HPLC). The *L. plantarum* strains (M3.1, M3.3, M3.6, R3.2 and R3.6) exhibited antifungal effects both in vitro and in simulated cheese matrices, showing more effective inhibition against *Penicillium chrysogenum*. The organic acids identified included acetic, gallic, malic, succinic, propionic, butyric, and formic acids in varying concentrations. The findings suggest that *L. plantarum* strains produce significant antifungal compounds, which may be associated with the combinations of organic acids produced. Therefore, the strains may serve as potential bioprotective cultures in food applications. Further research is warranted to fully explore other metabolic capabilities and pave the way for their potential use as bioprotective agents in the food industry.

Keywords: antifungal compounds, organic acids, lactic acid bacteria, bioprotective cultures

Financing: FAPEMIG, CNPq and CAPES (Finance Code 001)

Acknowledgments: FAPEMIG, CNPq and CAPES (Finance Code 001)



ANÁLISIS DE LA INCIDENCIA DE MICROORGANISMOS PATÓGENOS EN CAMARÓN BLANCO (*PENAEUS VANNAMEI*) EN UNIDADES DE PRODUCCIÓN EN EL ESTADO DE SINALOA, MÉXICO (2020-2024).

Esauí López López¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Edoardo Gastelum Chairez¹, Maribel Jiménez Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Programa de Posgrado Integral en Biotecnología, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Josefa Ortiz de Domínguez, Cd. Universitaria, CP. 80040, Culiacán Rosales, México

Introducción: La producción del camarón blanco (*Penaeus vannamei*) es una actividad económica de importancia a nivel mundial. México es el séptimo país productor de esta especie de camarón. Sinaloa se ha convertido en el estado con la mayor producción nacional. Sin embargo, la creciente actividad también ha sido objeto de afectaciones por enfermedades de origen bacteriano y viral que amenazan la producción local y la competitividad nacional. **Objetivo:** El presente estudio reporta la detección de los patógenos IHNV (Virus de la necrosis infecciosa hipodérmica y hematopoyética), WSSV (Virus de la mancha blanca), *Hepatobacter penaei* y *Vibrio* spp., causantes de enfermedades en *P. vannamei*, en unidades de producción de camarón establecidas en el estado de Sinaloa, México, durante el periodo comprendido entre 2020-2024. **Materiales y Métodos:** Se realizó un análisis de bases de datos de microorganismos patógenos aislados de muestras de camarón blanco durante el periodo 2020-2024, en granjas de camarón blanco en el estado de Sinaloa, México. Para el presente estudio, se tomaron en cuenta los métodos de detección por cultivo microbiológico y PCR tiempo real. **Resultados:** Se registraron 1389 detecciones de patógenos en muestras de camarón, incluyendo IHNV (59.83%), *Vibrio* spp. (30.81%); *Hepatobacter penaei* (8.64%) y WSSV (0.72%). IHNV y *Vibrio* spp. corresponden a los patógenos mayormente incidentes durante 2020 al 2024. Asimismo, se observó que la detección de estos patógenos se registró principalmente en los municipios de Ahome, Culiacán y Navolato. Finalmente, se registró que la incidencia de los patógenos disminuyó gradualmente. **Conclusión:** La detección de estos patógenos resalta los riesgos potenciales en la sanidad del camarón blanco, especialmente en condiciones ambientales no favorables. Además, señalan la necesidad del mejoramiento en las medidas de bioseguridad que garanticen mejor calidad vida de los organismos cultivados, y el crecimiento sostenible de la producción. **Palabras clave:** *P. vannamei*, infección, IHNV, WSSV, *Vibrio*, NHP-B.

Keywords: *P. vannamei*, infección, IHNV, WSSV, *Vibrio*

Financing: No aplica

Acknowledgments: Al soporte técnico del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico (LIDiM), de la Facultad de Ciencias Químico-Biológicas, de la Universidad Autónoma de Sinaloa. Asimismo, al grupo de trabajo del Comité Estatal de Sanidad Acuícola de Sinaloa A.C. (CESASIN A.C.).



Calidad del aire en aulas escolares: correlación significativa entre niveles de CO₂ y carga microbiana aerotransportada

PAOLA SCAVONE¹, Daniela Arredondo¹, María José González¹, Germán Pérez³, Joaquín Villarreal¹, Juan Pablo Oliver⁵, Jonathan Florez⁴, Paula Gómez⁴, Mariana Mendina⁴, Martín Draper⁴, Lorena Pardo²

(1) Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Departamento de Microbiología, Av. Italia 3318, Montevideo, Uruguay

(2) Instituto de Higiene, Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Facultad de Medicina, UDELAR, Alfredo Navarro 3051, Montevideo, Uruguay

(3) Depto Biología General, Laboratorio de Microbiología, Facultad de Agronomía, UDELAR, Eugenio Garzón 780, Montevideo, Uruguay

(4) Instituto de Mecánica de los Fluidos e Ingeniería Ambiental, Facultad de Ingeniería, UDELAR, Julio Herrera y Reissig 565, Montevideo, Uruguay

(5) Instituto de Ingeniería Eléctrica, Facultad de Ingeniería, UDELAR, Julio Herrera y Reissig 565, Montevideo, Uruguay

La calidad del aire en espacios cerrados escolares es un factor crítico para la salud y el rendimiento cognitivo de los niños, especialmente en contextos post-pandémicos. En este estudio interdisciplinario, evaluamos la relación entre parámetros físico-ambientales y la carga microbiana aerotransportada en aulas de escuelas primarias públicas de Montevideo, Uruguay.

Durante los años 2023 y 2024 se realizaron cuatro campañas de muestreo biológico (invierno y primavera) en 11 aulas distribuidas en cuatro escuelas naturalmente ventiladas. Se midieron de forma continua los niveles de dióxido de carbono (CO₂), temperatura y humedad relativa, y se registraron variables contextuales como ocupación, ventilación natural, uso de aire acondicionado, y condiciones edilicias. La carga microbiana fue determinada mediante muestreo por filtración de aire (sistema CAPTUS®) y exposición de placas de sedimentación en medios TSA, SDA y MCA. Las unidades formadoras de colonias (UFC) se cuantificaron y analizaron en relación con los parámetros físicos.

Los resultados mostraron una correlación positiva y significativa entre los niveles de CO₂ y la carga bacteriana total ($r = 0.30$, $p < 0.03$), así como un aumento del 56% en el recuento bacteriano promedio durante el invierno respecto a la primavera. Además, se observó una diferencia estadísticamente significativa entre recuentos bacterianos y concentraciones de CO₂ mayores a 800 ppm ($p = 0.016$), umbral propuesto como nivel de riesgo bajo para la transmisión de infecciones. También se identificaron géneros bacterianos y fúngicos potencialmente patógenos (*Staphylococcus*, *Micrococcus*, *Aspergillus*, *Penicillium*, entre otros).

Estos hallazgos refuerzan el uso del CO₂ como marcador indirecto de ventilación y como herramienta accesible para predecir condiciones de riesgo microbiológico. La integración de datos microbiológicos, físicos y de percepción de confort permite



desarrollar estrategias basadas en evidencia para mejorar la calidad del aire interior y reducir el riesgo de transmisión de patógenos en entornos escolares.

Keywords: aire, CO₂, bacterias, hongos, transmisión

Financing: Programa de Apoyo a Núcleos Interdisciplinarios, EI, UdelAR



Exploring the role of endogenous neuron molecules in two mouse model of herpes simplex virus type 1 brain infection.

Javier Carbone-Schellman^{1,2}, Rodrigo Reyes-Ramírez^{2,3}, Benjamín Rodríguez^{1,2,3}, Nicolás Sales-Salinas^{1,2}, Catalina Andrade^{2,3}, José Muñoz^{2,3}, Patricia Pereira^{2,3}, Alfredo Molina-Berrios⁴, Alexis M. Kalergis^{2,3,5}, Pablo A. González^{2,3}, Luisa F. Duarte^{1,2}

(1) Universidad del Desarrollo, Centro de Medicina Regenerativa, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Instituto Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile

(4) Universidad de Chile, Institute for Research in Dental Sciences, Facultad de Odontología, Santiago, Chile

(5) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Endocrinología, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

Herpes simplex virus type 1 (HSV-1) is a highly prevalent neurotropic virus that causes lifelong infections in humans through its latency in neurons. It can cause recurrent reactivations with the potential of reaching the central nervous system (CNS). HSV-1 acute brain infection can cause herpes simplex encephalitis (HSE), associated with chronic neuroinflammation and neural damage in survivors. On the other side, nearly 35% of infected individuals could develop asymptomatic brain infection, which is associated with chronic neuroinflammation and the development of neurodegenerative diseases. To date, available antiviral drugs can control the infection and reduce the mortality by HSE. However, these fail in preventing the neurological sequelae. Moreover, there is not a prophylactic alternative for reducing chronic neuroinflammation in latently infected individuals. Therefore, there is an important need to understand the neuroimmune components participating in HSV-1 CNS infection for finding better treatment options. Neurons can respond to viral infections by releasing endogenous molecules that play essential roles in cellular communication through endocrine/paracrine pathways and the immune response. These molecules have emerged as potential contributors of the host immune response against viral infection. In this study, we have observed that HSV-1 can alter the expression of two key endogenous neuron molecules differentially during the acute and latent phase in two different strain of mice (resistant and susceptible for HSV-1 brain infection). Furthermore, the exogenous administration of these shown relevant insights of their role in regulating neurocognitive functions and neuroinflammation.

Keywords: Virus, Neuroinflammation, Herpes simplex type 1

Financing: Funding: This work was supported by Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT) grant 11241567 (LFD). Authors were supported by FONDECYT grant 11241567 (LFD, JCS, BR and NS), FONDECYT grant 1240971 (PAG) and Beca Post-Doctorado Nacional grant 3240678 (RRR).



Optimización de la interacción molecular de la región determinante de complementariedad (CDR) de una inmunoglobulina G humana específica al antígeno de superficie 1 (SAG1) de *Toxoplasma gondii*.

Juan David Reyes García^{1,2}, Ailan Farid Arenas²

(1) Universidad del Quindío, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Armenia, Colombia

(2) Universidad del Quindío, GEPAMOL, Facultad de Ciencias de la Salud, Armenia, Colombia

Toxoplasma gondii es un protozoo intracelular con amplia distribución global, siendo el agente causante de la toxoplasmosis, una zoonosis que afecta a la mayoría de los animales homeotermos, incluyendo mamíferos y aves. Asimismo, se estima que aproximadamente un tercio de la población mundial ha estado expuesta a este parásito, provocando complicaciones graves en individuos inmunodeprimidos, mujeres embarazadas o recién nacidos. Una vez en el huésped, el parásito comprende tres estadios principales: (I) taquizoítos, (II) bradizoítos y (III) esporozoítos. Uno de sus antígenos clave es la proteína de superficie 1 (SAG1), expresada en mayor medida en los taquizoítos, capaz de inducir una fuerte respuesta inmune. Sin embargo, el diseño tradicional de anticuerpos para la detección de microorganismos resulta costoso y laborioso. Una alternativa a este problema es el desarrollo de enfoques computacionales que complementan los métodos estándar in vitro. El “deep learning” o aprendizaje profundo (DL) es una técnica avanzada de inteligencia artificial que mejora el procesamiento de datos complejos. En el contexto del diseño de anticuerpos, el DL permite modelar interacciones anticuerpo-antígeno, predecir estructuras o diseñarlas de novo. De igual manera, un aspecto clave es la identificación y optimización de las regiones determinantes de complementariedad (CDRs), que son los segmentos variables de los anticuerpos responsables de la especificidad y afinidad de estas interacciones. Por lo tanto, esta investigación tiene como objetivo optimizar la interacción molecular de las regiones determinantes de complementariedad (CDRs) de una IgG específica humana contra SAG1. Se seleccionará y preparará la estructura cristalográfica de la interacción SAG1-IgG descrita en el PDB, posteriormente se diseñará de novo las regiones CDRs utilizando modelos de aprendizaje profundo, donde finalmente se evaluará la estabilidad, afinidad de unión y dinámica molecular mediante acoplamiento molecular (molecular docking). Se espera entrenar y ajustar el modelo de aprendizaje profundo para generar secuencias de CDRs diseñadas de novo, que maximicen la complementariedad estructural y química con SAG1, comprobando a su vez la efectividad mediante acoplamiento molecular.

Keywords: Inmunoglobulina, Deep learning, *Toxoplasma gondii*, SAG1



Isolation and characterization of *Staphylococcus* spp. from cave-dwelling marine sponges from Fernando de Noronha, PE, Brazil

Thaysa Silva¹, Guilherme Muricy^{2,3}, Pedro Henrique Lemos¹, Ciro Rossi⁴, MARINELLA LAPORT¹, Marcia Giambiagi-deMarval¹

(1) Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, Medical Microbiology, Sciences (Microbiology), Avenida Carlos Chagas Filho 373, Rio de Janeiro, Brasil

(2) Museu Nacional, Invertebrates Department, Quinta da Boa Vista, Rio de Janeiro, Brasil

(3) Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Rua Pacheco Leão 915, Rio de Janeiro, Brasil

(4) Universidade Federal de Viçosa, Department of Biochemistry and Molecular Biology, Rua Purdue 230, Viçosa, Brasil

Antimicrobial resistance (AMR) is a global health concern affecting humans, animals, and the environment. According to the One Health concept, microbiotas across these niches are interconnected. The environment acts as a reservoir of resistance genes (ARGs) that can be transferred to pathogens like *Staphylococcus aureus*. Submarine caves, such as those in the Fernando de Noronha Archipelago, host rare species including sponges (Porifera), which are filter-feeding animals and harbor diverse microbial communities with ecological and biotechnological importance. Understanding the sponge microbiome is crucial, as antimicrobial production may select resistant microorganisms capable of horizontal ARG transfer. However, cave-dwelling sponges remain largely unexplored. This study investigated staphylococci associated with sponges collected by scuba diving in Sapata Cave, Ilha do Meio Cave, and Pedras Secas Tunnell. Samples were plated on Baird Parker agar and Mannitol Salt agar, both supplemented with amphotericin B (1 µg/mL), followed by catalase testing, and identification by MALDI-TOF/MS. Identified *Staphylococcus* isolates were stored at -80°C. A total of 43 isolates were obtained: *S. aureus* (n=5), *S. capitis* (n=3), *S. epidermidis* (n=4), *S. haemolyticus* (n=1), *S. warneri* (n=1), *S. hominis* (n=1), *S. xylosus* (n=12), and *S. ureilyticus* (n=16). Antimicrobial susceptibility testing (disk-diffusion) following BrCAST and CLSI guidelines, and PCR for ARG detection, revealed that 32/43 isolates were resistant to at least one antimicrobial drug. Erythromycin resistance (21/43) was most common. *S. aureus* from a *Gastrophanella* sponge were multiresistant (chloramphenicol, erythromycin, penicillin G, tetracycline), and one *S. aureus* from a *Oscarella* sp. was methicillin-resistant (MRSA, harboring *mecA*). Next steps include completing ARG and CRISPR-Cas (*cas1*) gene detection, plasmid profile analysis, and genome sequencing of methicillin-resistant staphylococci (MRS) and isolates showing resistance without known ARGs, aiming to identify new resistance genes or mechanisms. This work contributes to understanding sponge-associated staphylococci and their resistance determinants, supporting the One Health approach and global efforts against AMR.

Keywords: Antimicrobial resistance, One health, Staphylococci, Porifera, Submarine caves

Financing: CAPES, FAPERJ and CNPq



Acknowledgments: The authors thank the funding agencies (CAPES, CNPq and FAPERJ), the research group from Laboratory of Molecular and Marine Bacteriology, and all collaborators of Molecular Biology Laboratory, whose support was essential for this work.



Identificación de peligros microbiológicos y riesgo de infección por el consumo de helado suave a base de leche comercializado en Sinaloa, México

Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Maribel Jiménez-Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico-Biológicas, Culiacán, Sinaloa, México

Introducción: El helado suave de leche es un postre con alta demanda, que suele comercializarse en máquinas dispensadoras. La falta de buenas prácticas higiénicas durante su comercialización pueden comprometer la inocuidad del alimento. **Objetivo:** El objetivo fue determinar la calidad microbiológica y el riesgo de infección del helado suave comercializados en Culiacán, Sinaloa, México. **Materiales y métodos:** Se recolectaron 30 muestras de helados suave correspondientes a 17 marcas de distintos comercios bajo las condiciones normales de venta. La calidad microbiológica se determinó mediante la detección de *Listeria monocytogenes* y la cuantificación (Log UFC/g) de *Escherichia coli* (EC), coliformes totales (CT), mesófilos aerobios (MA), hongos y levaduras (HYL). Los resultados se cotejaron con las disposiciones sanitarias nacionales (NOM-243-SSA1-2010). El análisis cuantitativo del riesgo microbiológico se realizó utilizando un modelo de b-Poisson y los valores de *E. coli*. **Resultados:** *Listeria monocytogenes* no se detectó en ninguna de las muestras. No obstante, EC (53.3 %), CT (66.7 %), HL (93.3 %) y MA (100 %) se detectaron en las muestras de helado. La contaminación microbiológica se asoció estadísticamente con el comercio y la marca ($P < 0.05$). Solo el 10 % (3/30) de las muestras cumplen con las disposiciones sanitarias de *L. monocytogenes* (ausencia/25 g), MA (< 5.3 Log UFC/g), CT (< 2.0 Log UFC/g) y HYL (< 1.7 Log UFC/g). La concentración de EC (10 – 820 UFC/g) exhibe un riesgo de infección por porción (150 g) de 0.00016 a 0.0125. **Conclusión:** La garantía de la inocuidad del helado suave debe fundamentarse en reforzar y uniformar la aplicación de las buenas prácticas higiénicas durante la venta del producto con la finalidad de prevenir enfermedades infecciosas entre los consumidores.

Keywords: Helado, Inocuidad, Patógeno, Riesgo

Financing: No aplica.

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico (LiDIM) de la Universidad Autónoma de Sinaloa.



Análisis de las Interacciones Proteína-Proteína del efector XopAE y sus implicaciones en el desarrollo del Tizón bacteriano de la yuca

santiago Cortes Calderon¹, Adriana Bernal Giraldo¹, Barbara Zimmerman¹, Paola Reyes Caldas¹, Carlos Rodríguez Mantilla¹, Sofia Contreras Abril¹, Elizabeth Hernández Pérez¹

(1) Universidad de los andes, Ciencias Biológicas, Ciencias, Cra 1 N° 18A - 12, Bogotá D.C., Colombia

La yuca (*Manihot esculenta*) es un cultivo esencial para la seguridad alimentaria global, pero es altamente susceptible al añublo bacteriano de la yuca (CBB) causado por *Xanthomonas phaseoli* pv. *manihotis* (Xpm). Xpm cuenta con un arsenal de alrededor de 30 efectores secretados por el sistema tipo 3 de secreción, siendo XopAE imprescindible para la máxima virulencia de la bacteria. XopAE es una proteína altamente conservada en las poblaciones de Xpm y se ha descrito con la capacidad de suprimir la defensa basal de la planta, conocida como PTI. En estudios previos se sugirió que un posible blanco de XopAE es la proteína de yuca MePATL3, una patelina involucrada en el tráfico de membranas que pertenece a la familia SEC14-GOLD. Este estudio buscó confirmar y caracterizar la interacción proteína-proteína entre XopAEXpm y MePATL3 implementando ensayos de doble híbrido de levadura (Y2H), ensayos de captura por afinidad (Pull-Down) y localización subcelular. En los ensayos de Y2H se visualizó interacción de las proteínas, de forma que para confirmar esto se hicieron los ensayos de Pull-down, donde se purificó XopAEXpm en columna de cobalto con afinidad a "tags" de histidina y se utilizó como cebo para confirmar su interacción con MePATL3. La expresión transitoria de MePATL3 se optimizó en el sistema heterólogo de *Nicotiana benthamiana*, confirmando la expresión mediante Western blot a las 48 horas. Dado que las patelinas son importantes para el tráfico vesicular y algunas han sido descritas como participantes en los mecanismos de defensa y pueden ser sometidas a proceso de fosforilación y ubiquitinación. Para empezar a indagar en el posible mecanismo mediante el que XopAEXpm suprime la defensa vegetal se realizaron ensayos en *Arabidopsis thaliana* y *N. benthamiana* para comprobar si MePATL3 es degradada al interactuar con XopAEXpm todo esto mediante detección de las proteínas usando Western blot. Estos resultados sugieren que XopAEXpm interactúa con MePATL3, potencialmente alterando la formación de vesículas relacionadas con la defensa, contribuyendo a la patogenicidad del CBB. Lo que proporciona información valiosa sobre los mecanismos moleculares de Xpm y que pueden fortalecer el desarrollo de estrategias para mejorar la resistencia de la yuca al CBB.

Keywords: Añublo bacteriano de la yuca, Inmunidad vegetal, Biología Molecular, Interacción proteína-proteína, Expresión transitoria

Financing: Universidad de los andes proyecto semilla INV-2024-192-3172.

Acknowledgments: A la universidad de los Andes, a los integrantes del Laboratorio de Interacciones Moleculares de Microorganismos Agrícolas (LIMMA) y a mi familia por todo el apoyo.



Vigilancia genómica de *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenémicos en Sudamérica: clones epidémicos, genes de resistencia y elementos genéticos móviles

Paulina Martínez Rodríguez^{1,2,3}, Mónica Pávez³, Michel Abanto²

(1) Universidad de La Frontera, Doctorado en Ciencias, mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Francisco Salazar, 1145, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO, Francisco Salazar, 1145, Temuco, Chile

(3) Universidad de La Frontera, Laboratorio de Investigación en Microbiología Clínica (LIMC-CEMT), Av. Alemania N° 0458, Temuco, Chile

Introducción: *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenémicos constituye una de las principales amenazas en la lucha contra la resistencia antimicrobiana, debido a su elevada capacidad de adaptación, persistencia ambiental y resistencia a múltiples fármacos. Este patógeno oportunista es una causa frecuente de infecciones asociadas a la atención en salud, como neumonía asociada a ventilación mecánica y sepsis en pacientes críticos. Su impacto clínico y económico es particularmente grave en regiones como Sudamérica, donde las cepas multirresistentes (MDR) son endémicas y los recursos para vigilancia molecular son limitados. La Organización Mundial de la Salud ha clasificado a *A. baumannii* resistente a carbapenémicos como prioridad crítica para el desarrollo de nuevos antibióticos, dada la escasez de opciones terapéuticas efectivas.

Objetivo: Caracterizar la epidemiología genómica de *A. baumannii* en Sudamérica, evaluando la distribución de genes de resistencia antimicrobiana (ARGs), elementos genéticos móviles (ISs) y clones internacionales (ICs).

Metodología: Se analizaron 203 genomas de *A. baumannii* recolectados entre 1995 y 2022 en siete países sudamericanos presentes en PubMLST. Se aplicaron herramientas bioinformáticas para tipificación multilocus (MLST), detección de ARGs y secuencias de inserción, análisis filogenético y pruebas estadísticas.

Resultados: Los clones IC5 e IC7 fueron predominantes, con Brasil como principal reservorio de diversidad genética. El gen blaOXA-23, asociado a resistencia a carbapenémicos, mostró alta prevalencia en Brasil y Paraguay, mientras que blaNDM-1 se concentró exclusivamente en Argentina. Se identificaron 14 familias de ISs, siendo ISAbal y IS1008 las más frecuentes y asociadas a la movilización de ARGs críticos. Se evidenció una correlación positiva entre el número de ISs y la presencia de sul2, blaOXA-23 y blaNDM-1 ($\rho > 0,3$; $p < 0,001$).

Conclusión: La diseminación de genes de resistencia en *A. baumannii* en Sudamérica está fuertemente influenciada por elementos genéticos móviles y linajes epidémicos. Este estudio subraya la necesidad de fortalecer la vigilancia genómica regional y promover políticas de control antimicrobiano basadas en evidencia molecular.



Keywords: *Acinetobacter baumannii*, resistencia a carbapenémicos, secuencias de inserción, vigilancia genómica, epidemiología molecular

Financing: Beca Doctorado Nacional ANID Folio 21250443, Proyecto Fondecyt Regular N° 1251164

Acknowledgments: Beca Doctorado Nacional ANID Folio 21250443, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO), Centro de Excelencia en Medicina Traslacional (CEMT-UFRO)



Determinación de la eficacia de nanocompuestos de β -glucano con timol encapsulado sobre biopelículas generadas por *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus* en superficies de acero inoxidable.

Javiera Peña¹, Nelson Caro², Marlen Barreto¹

(1) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomedicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Santiago, Chile

(2) Universidad Santo Tomas, Centro de Investigación AustralBiotech, Santiago, Chile

Las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) son una frecuente preocupación debido al impacto que tienen tanto en los costos de atención en salud (directos e indirectos), como en las tasas de morbilidad y mortalidad de los pacientes. *Staphylococcus aureus* y *Pseudomonas aeruginosa*, son bacterias de carácter intrahospitalario, multirresistentes a los antibióticos (AMR), que debido a la frecuencia y gravedad de las infecciones que causan (Bacteriemia, neumonía, infecciones de tejido blandos, etc), son de alta importancia. La capacidad que tiene estas dos bacterias de formar biopelículas es una de las razones de su persistencia en las superficies intrahospitalarias, en estas estructuras las bacterias son más difíciles de eliminar y son resistentes al uso de desinfectantes y antimicrobianos, convirtiéndose en una fuente constante de estos microorganismos. El objetivo de este trabajo fue determinar la eficacia de los nanocompuestos de β -glucano con timol encapsulado en la erradicación de las biopelículas generadas por *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus* sobre superficies de acero inoxidable. Los resultados mostraron que las nanopartículas de β -glucano con timol encapsulado son capaces de erradicar el 90% de la biopelícula formada por *P. aeruginosa* y *S. aureus* sobre superficies de acero inoxidable. Adicionalmente, se demostró mediante tinción con yoduro de propidio y microscopia confocal que los nanocompuestos causaron daño sobre las membranas plasmáticas, causando la muerte de estas bacterias

Keywords: MDR, nanocompuestos, Biopelículas, IAAS

Acknowledgments: Agradezco el apoyo del Proyecto interno DIUA 329-2025



Actividad antiinfecciosa de extractos de *Trametes villosa* sobre *Staphylococcus aureus*.

Andrés Uc-Cachón¹, Hernando Maldonado Pérez¹, Gloria María Molina-Salinas¹, Angel de Jesús Dzul-Beh¹, Juan Pablo Pinzón-Esquivel²

(1) Instituto Mexicano del Seguro Social, Unidad de Investigación Médica Yucatán, Calle 41 No. 439, X 32 y 34 Col. Industrial, Mérida Yucatán, C.P. 97150, Mérida, México

(2) Universidad Autónoma de Yucatán, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Carretera Mérida-Xmatkuil Km. 15.5, Mérida, Yucatán, C.P. 97100., Mérida, México

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es una de las principales amenazas para la salud pública mundial. *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM) es uno de los patógenos con mayor número de muertes atribuibles y tasas de RAM, por lo que la OMS lo ha catalogado como patógeno de prioridad alta para el desarrollo de nuevos agentes antibacterianos. Los hongos basidiomicetos son una fuente de compuestos con estructuras novedosas que poseen importantes actividades biológicas, incluso desde estos organismos se han obtenido importantes antibióticos de uso en veterinaria, agricultura y medicina. En la Península de Yucatán existe una gran diversidad de basidiomicetos sin estudios químicos-farmacológicos, entre ellos *Trametes villosa*. El objetivo de esta investigación fue evaluar la actividad antiinfecciosa de extractos de *T. villosa* sobre *S. aureus* en modelos de anti-crecimiento, anti-fármacorresistencia y anti-virulencia.

El material fúngico se extrajo con etanol mediante maceración dinámica y posteriormente se resuspendió en una mezcla de agua/metanol y se particionó sucesivamente con n-hexano y acetato de etilo. La actividad antibacteriana se evaluó sobre cepas de referencia (ATCC43300 y ATCC29213) y aislados clínicos de *S. aureus* sensibles y resistentes a meticilina. En los ensayos anti-crecimiento se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) mediante el ensayo de microdilución en caldo con resazurina. Para los ensayos de anti-fármacorresistencia y anti-virulencia se determinó la inhibición de formación de biopelículas mediante el ensayo con cristal violeta y la inhibición de producción de hemolisinas por el ensayo de lisis de hematíes, respectivamente.

La actividad anti-crecimiento se concentró en las fracciones de n-hexano y acetato de etilo con CIM entre 1000-500 µg/mL sobre cepas de referencia y aislados clínicos. Las fracciones de n-hexano y acetato de etilo a concentraciones de 250 µg/mL inhibieron el 67.3±0.50 % y 75.8±0.25 % de la producción de las biopelículas de la cepa ATCC43300, así mismo el 93.1±0.20 % y 94.4±0.38 % de la producción de hemolisinas de la cepa ATCC29213, respectivamente.

Nuestro estudio resalta el potencial de *T. villosa* como fuente de compuestos antiinfecciosos sobre *S. aureus*, incluso sobre SARM considerada como de prioridad alta para la OMS.

Keywords: basidiomicetos, *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina, anti-biopelículas bacterianas, anti-he

Acknowledgments: Instituto Mexicano del Seguro Social



Study of the Inhibitory Mechanisms of *Pseudomonas aeruginosa* S7 Against Agriculturally Relevant Fungi

Mariana Pérez López¹, Lester Emmanuel López Cruz¹

(1) Universidad Iberoamericana, Departamento de ciencias e ingenierías, Departamento de ciencias e ingenierías, Blvd del Niño Poblano 2901, Unidad Territorial Atlixcáyotl, Centro Comercial Puebla, 72820 San Andrés Cholula, Pue., Puebla, México

Abstract

Rhizopus oryzae and *Aspergillus niger* are two of the main phytopathogens in Mexico. These fast-growing filamentous fungi affect key crops such as maize, tomato, and potato, causing diseases like soft rot and leading to significant agricultural losses. Conventional control using chemical fungicides has proven unsustainable due to the development of fungal resistance, as well as environmental and human health risks. To address this issue, this study evaluated the antagonistic potential of the *Pseudomonas aeruginosa* S7 strain, isolated from vermicompost soil, as a biocontrol agent against *Rhizopus oryzae* and *Aspergillus niger*. Genetic characterization of the strain was performed through 16S rRNA gene sequencing, and its inhibitory capacity was assessed through both direct contact and the use of bacterial supernatant.

The results demonstrated a high level of fungal growth inhibition for both species. Additionally, various mechanisms of antagonism were identified, including the production of volatile compounds, siderophores, antifungal pigments (such as pyocyanin and pyoverdine), and the activity of enzymes with antagonistic properties. These findings highlight the ability of *Pseudomonas aeruginosa* S7 to directly inhibit the growth of phytopathogenic fungi, positioning it as a viable and sustainable biological alternative to chemical fungicides in agriculture.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa* S7, Phytopathogenic fungi, Biological control, *Rhizopus oryzae*, *Aspergillus niger*

Financing: Laboratorio de Ecología y Biotecnología Aplicada, a través de la dirección de Investigación y Posgrado, con el Instituto de diseño e innovación tecnológica.

Acknowledgments: I thank the Laboratory of Ecology and Applied Biotechnology, the Research and Graduate Studies Office, the Institute of Design and Technological Innovation, and Professor Lester Emmanuel López Cruz for their support and guidance throughout the development of this work.



Isolation of two new azaphilone colorants showing antibacterial and antiviral activity

Fernanda de Oliveira¹, Valéria C. Santos-Ebinuma², Silvio S. da Silva¹

(1) University of São Paulo, Department of Biotechnology, Engineering School of Lorena, Bioprocesses and sustainable products laboratory, 12.602.810, Lorena-SP, Brazil

(2) Sao Paulo State University, Department of Bioprocess Engineering and Biotechnology, School of Pharmaceutical Sciences, Araraquara-Jau km 01, Araraquara-SP, Brazil

Talaromyces amestolkiae is recognized for its ability to produce significant quantities of Monascus-like azaphilone colorants without generating mycotoxins, making it a promising candidate for industrial applications. In this study, two novel azaphilone alkaloids were successfully isolated from the culture broth of *T. amestolkiae*. Through combined analyses including UV-vis spectroscopy, liquid chromatography-high resolution mass spectrometry (LC-HRMS), and nuclear magnetic resonance (NMR), the structures of the compounds were elucidated. The results revealed that these molecules are geometric isomers of an unsaturated aliphatic nitrogenous compound containing a γ -lactone ring, a structural characteristic of azaphilone alkaloids. These new compounds were named *cis*-amestolkin, which is red in color, and *trans*-amestolkin, which displays a purple hue. Structurally, both compounds share strong similarities with known Monascus-derived colorants, specifically PP-O and PP-V. In addition to structural characterization, the bioactivity of the crude fungal culture broth was evaluated. Antimicrobial assays demonstrated effectiveness against both Gram-positive and Gram-negative bacteria, particularly *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, and *Salmonella setubal*. These results indicate a promising application of these colorants as natural antimicrobial agents, contributing to multifunctional formulations. Furthermore, the antiviral potential of the produced colorants was assessed against SARS-CoV-2. Remarkably, the colorants exhibited high levels of antiviral activity: 99.45% inhibition at 100% dosage, 99.54% at 50% dosage, 99.29% at 25% dosage, and 96.02% at 12.5% dosage. These results were consistent across four different SARS-CoV-2 variants at a viral concentration of 1:10. Altogether, these findings represent a significant advancement toward the use of *T. amestolkiae* as a sustainable biofactory for safe, high-performance colorants with dual antimicrobial and antiviral functionality. Such bio-based colorants have strong potential for incorporation into cosmetic, pharmaceutical, and food formulations, meeting the increasing consumer demand for natural, safe, and multifunctional ingredients.

Keywords: colorants, isolation of compounds, antimicrobial, antiviral, *Talaromyces amestolkiae*

Financing: This study was financially supported by Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) Process numbers 2021/09175-4, 2022/14603-8, 2023/01368-3, 2023/09789-8 and CNPq (National Council for Scientific and Technological Development, Brazil) grant #406564/2022-1.



Detección de *Escherichia coli* MDR productora de Betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en aves marinas de Chancay, Lima, en la Costa Central Peruana

Luis Luna¹, Yennifer Lizeth Ignación León¹, Jhonathan Arturo Bazalar Gonzales¹, Gerald Urbano Moreno Morales¹, Raúl Héctor Rosadio Alcántara¹, Abelardo Lenin Maturrano Hernández¹

(1) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Research Group in Biotechnology Applied to Animal Health, Production and Conservation (SANIGEN), Laboratory of Biology and Molecular Genetics, Facultad de Medicina Veterinaria, Av. Circunvalacion s/n cuadra 26. Distrito de San Borja, Lima, Perú

La propagación de bacterias multirresistentes (MDR) en fauna silvestre, particularmente en ecosistemas costeros del litoral peruano expuestos a presión antropogénica, constituye un problema creciente de salud pública y conservación. Este estudio evaluó la presencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en aves marinas de la costa central peruana. Mediante el análisis de hisopados cloacales de piqueros (*Sula variegata*), guanays (*Phalacrocorax bougainvillii*) y lobos marinos (*Otaria flavescens*) en tres playas afectadas por actividades humanas (La Calichera, Peña Nueva y Chacra Mar) fueron identificados aislados de *E. coli*, *Klebsiella pneumonia* y *Enterococcus* sp., los cuales al análisis de la resistencia antimicrobiana mediante el método de Kirby-Bauer reveló altas tasas de resistencia a antibióticos, los cuales correspondieron a ampicilina (58%), cefalotina (47%), oxitetraciclina (47%), doxiciclina (47%), trimetoprima/sulfametoxazol (29%) y cloranfenicol (29%). Mediante la prueba de sinergia de doble disco de Jarlier se confirmaron tres cepas de *E. coli* productoras de BLEE, los cuales fueron caracterizadas por secuenciación genómica. El análisis genómico detectó diversos mecanismos de resistencia, incluyendo la presencia de los genes de resistencia a antibióticos blaCTX-M-65 y blaCTX-M-55 (BLEE), aph(3')-IIa y aac(3)-IIa (aminoglucósidos), sul2 (sulfonamidas), tetA y tetB (tetraciclinas), fosA3 (fosfomicina), así como mutaciones en gyrA (S83L) y parC (S80I) asociadas a resistencia a quinolonas. Adicionalmente, se identificaron factores de virulencia como sistemas de adquisición de hierro (iro, iuc, iut), adhesinas (fdeC, IpfA), toxinas (astA) y componentes de sistemas de secreción (espX1). El estudio también reveló la presencia de genes adaptativos a estrés ambiental, incluyendo sistemas de resistencia a metales pesados (merRTP, silABCFPRS), biocidas (qacL, qacEdelta1) y bombas de eflujo (acrF, mdtM, emrE). Estos hallazgos demuestran la circulación de *E. coli* MDR portadora de BLEE y múltiples determinantes de resistencia y virulencia en aves marinas del Perú, destacando el papel potencial de estas especies como reservorios y dispersores de resistencia antimicrobiana. Los resultados enfatizan la necesidad de implementar sistemas de vigilancia activa en fauna silvestre costera para monitorear la diseminación de resistencia en la interfaz humano-animal-ecosistema, particularmente en zonas con alta influencia antropogénica como el litoral peruano.

Keywords: Aves marinas, genes de resistencia a antibioticos, betalactamasas de espectro extendido



Financing: Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del concurso "E041-2024-03 Proyectos de Investigación Básica" [número de contrato PE 501089096-2024].



Chitosan Nanoparticles as Antimicrobial Agents in Ethanol Production

Bruna Casagrande Amorin da Silva², Bianca Pereira da Silva¹, José Machado da Silva Neto³, Kelly Roberta Francisco Muruci de Paula¹, Sandra Regina Ceccato Antonini¹

(1) Universidade Federal de São Carlos, Departamento de Tecnologia Industrial e Socioeconomia Rural, Centro de Ciências Agrárias, Rodovia Anhanguera, km 174, Araras, Brasil

(2) Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Departamento de Biologia Geral e Aplicada, Instituto de Biociências, Avenida 24 A, 1515 – Bela Vista, Rio Claro, Brasil

(3) Universidade de São Paulo, Departamento de Ciência, Tecnologia e Engenharia de Alimentos, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Av. Pádua Dias, 11 – Agronomia, Piracicaba, Brasil

The industrial process of fuel ethanol production in Brazil employs sugarcane juice and molasses as fermentation substrates. Due to the absence of an aseptic environment, contamination by bacteria such as *Limosilactobacillus fermentum* reduces fermentation efficiency. The traditional method for controlling bacterial contamination in bioethanol industries involves the use of sulfuric acid; however, safer and more sustainable alternatives are desirable to replace it as an antibacterial agent. This study aimed to evaluate the effectiveness of high and low molecular weight chitosan nanoparticles – natural biopolymers derived from chitin with known antimicrobial activity – against this contaminating bacterium. Non-proliferative assays were conducted to assess the efficacy of various concentrations of nanoparticles against *L. fermentum* and *Saccharomyces cerevisiae*, the yeast responsible for ethanol fermentation. Antimicrobial activity of low molecular weight chitosan was confirmed against *L. fermentum*, showing approximately a 1-log cycle reduction in CFU/mL at a nanoparticle concentration of 3000 µg/mL, while exhibiting a much lower effect on *S. cerevisiae* populations. In contrast, high molecular weight chitosan showed reduced antimicrobial activity compared to its low molecular weight counterpart. It is concluded that low molecular weight chitosan nanoparticles are promising for controlling bacterial contamination by *L. fermentum* in the ethanol fermentation process.

Keywords: Chitosan nanoparticles; antimicrobial activity; fermentation.

Financing: FAPESP (2022/03293-8).

Acknowledgments: The authors gratefully acknowledge the support of the Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) for the financial assistance provided for the development of this research.



Molecular Identification and Antimicrobial Resistance of *Klebsiella* spp. in Mexican Wild Birds

Jwerlly Tatiana Pico-Rodríguez¹, Rigoberto Hernández-Castro², Luary C. Martínez-Chavarría¹

(1) Universidad Nacional Autónoma de México, Patología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Av. Universidad #3000, Ciudad de México, México

(2) Hospital General Dr. Manuel Gea González, Ecología de Agentes Patógenos, Calz. de Tlalpan 4800, Ciudad de México, México

Klebsiella spp. is a bacterium of global relevance, associated with infections in humans and animals. Within the *Klebsiella pneumoniae* complex, *K. pneumoniae*, *K. quasipneumoniae*, and *K. variicola* are particularly noteworthy due to their medical significance. However, misidentification of these species may lead to an inaccurate estimation of their prevalence and clinical impact. These species are distinguished by their high virulence and antibiotic resistance, which is driven by genetic diversity. While there is evidence of multidrug-resistant *K. pneumoniae* strains in wild birds, research on their presence in Mexico is limited. To address this knowledge gap, a study was conducted to characterize *Klebsiella* isolates from wild birds in Mexico to assess their potential impact on human, animal, and environmental health.

A total of 36 *Klebsiella* spp. isolates were subjected to a comprehensive analysis. The genus was identified using MALDI-TOF MS, species by multiplex PCR, and subspecies by sequencing the *rpoB* gene. The antimicrobial susceptibility of the isolates was evaluated using the disc diffusion method with 20 antibiotics. The study's findings confirmed the presence of *Klebsiella* in 31 samples, identifying 26 strains of *K. pneumoniae*, one *K. quasipneumoniae*, and five strains for which the results were inconclusive. Subsequent analysis of the *rpoB* gene sequence revealed that the latter group included three *K. variicola* and two *K. oxytoca*. Furthermore, the strains exhibited resistance to all antibiotics that were examined. The findings highlighted the necessity for further investigation into the epidemiology and resistance mechanisms of these isolates, underscoring the importance of in-depth research in this field.

Keywords: *Klebsiella* spp., Virulence, Resistance, PCR, Wild Birds



Resistencias a los antibióticos antifólicos en la microbiota del roedor *Ctenomys pearsoni* procedente de un ambiente con alta influencia antrópica

Ludmila Berrueta¹, Ma. Eloísa Poey¹, Ivanna Tomasco², Ma. Fernanda Azpiroz¹

(1) Universidad de la República, Sección Fisiología y Genética Bacterianas, Facultad de Ciencias, Iguá 4225, Montevideo, Uruguay

(2) Universidad de la República, Laboratorio de Evolución, Facultad de Ciencias, Iguá 4225, Montevideo, Uruguay

La antibioterapia, uno de los mayores logros del siglo XX, hoy en día se ve amenazada por la presencia de bacterias multirresistentes. Este problema es prioritario para la Organización Mundial de la Salud, que propone un abordaje integral de la salud humana, animal y ambiental: “Una Salud”. Un mecanismo por el que las bacterias “clínicas” se tornan resistentes a los antibióticos es mediante la adquisición de genes de resistencia por transferencia horizontal, y la posterior proliferación de estos nuevos clones por la presión antibiótica. La actividad humana, junto con el uso global de los antibióticos, ha provocado la diseminación de las bacterias resistentes y sus genes de resistencia al ambiente.

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 humana. Estas resistencias están muy diseminadas en aislamientos clínicos de bacterias Gram-negativas, localizándose usualmente en unas plataformas genéticas denominadas integrones. Hasta donde se sabe, los antifolatos no tienen versiones naturales y tampoco se ha detectado resistencia en aislamientos clínicos de la era pre-antibiótica. Por lo tanto, cabe suponer que la detección de bacterias Gram-negativas resistentes a estos antibióticos en la microbiota intestinal de animales silvestres sea consecuencia de la contaminación antrópica del ambiente que habitan. 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 bacterias entéricas resistentes a sulfamidas, cuyo nivel de resistencia es similar al exhibido por sus contrapartes clínicas. Se determinó que esta resistencia está contenida en distintas especies de enterobacterias, de las que se han descrito clones patógenos. Se ha iniciado el análisis genético, buscando por PCR los distintos genes de resistencia a sulfamidas así como su asociación con integrones. Además, se realizará un análisis metagenómico para conocer la composición de la comunidad bacteriana de la microbiota intestinal de los animales. Dado que no existen estudios de este tipo en *Ctenomys* spp., se espera que en este trabajo surjan nuevos aportes al conocimiento de la fauna silvestre.

Keywords: resistencia a antifolatos, *Ctenomys pearsoni*, metagenómica, microbiota intestinal



Bacteriófagos virulentos contra cepas aisladas de IAAS de *Acinetobacter baumannii* MDR

Arantxa Monserrat Angeles González^{1,2}, Isamar Leticia Becerra Mejía^{1,4}, Alejandra Aidee Loera Piedra^{1,4}, Araceli Contreras Rodríguez², Sergio Francisco Martínez Díaz³, Julieta Luna Herrera⁴, Ruth Noemi Aguila Ramírez³, Ma. Guadalupe Aguilera Arreola¹

(1) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Bacteriología Médica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Unidad Profesional Lázaro Cárdenas, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n, Col. Santo Tomás C.P. 11340 Alcaldía Miguel Hidalgo CDMX.México, Ciudad de México, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Microbiología General, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Unidad Profesional Lázaro Cárdenas, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n, Col. Santo Tomás C.P. 11340 Alcaldía Miguel Hidalgo CDMX.México, Ciudad de México, México

(3) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular, Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas, Av. Instituto, Politécnico Nacional s/n, Playa Palo de Sta Rita, 23096 La Paz, B.C.S., Baja California Sur, México

(4) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Inmunoquímica II, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Unidad Profesional Lázaro Cárdenas, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n, Col. Santo Tomás C.P. 11340 Alcaldía Miguel Hidalgo CDMX.México, Ciudad de México, México

En 2024 la OMS publicó una lista de las bacterias patógenas prioritarias por su resistencia a antibióticos, una de ellas es *Acinetobacter baumannii*. En México, de acuerdo con el boletín de Red Hospitalaria de Vigilancia Epidemiológica del 2023 *A. baumannii* ocupó el 4º lugar por frecuencia causante de Infecciones Asociadas a la Atención de la Salud (IAAS). Los bacteriófagos son virus que infectan bacterias de manera específica para eliminar bacterias. En este contexto, la terapia fágica emerge como una alternativa terapéutica

El presente trabajo se enfoca en la caracterización fenotípica y genotípica de seis fagos líticos aislados de aguas residuales, contra cepas aisladas de IAAS de *A. baumannii* multidrogoresistentes (MDR). En la caracterización fenotípica, la determinación de las curvas de crecimiento de un solo paso reveló un periodo de latencia de 20 minutos para los seis fagos, un periodo de ráfaga de 100-200 minutos, y un tamaño de estallido de 300-12,222 UFP/ célula. Los bacteriófagos demostraron estabilidad, sin pérdida de la viabilidad, en un rango de pH de 5 a 11 y entre 4 y 50°C. Sin embargo, perdieron su infectividad a pH 3 y 13, así como a un rango 70-80°C. La amplitud de huésped de los seis fagos mostró porcentajes de actividad lítica del 67% al 70% frente a 24 cepas de *A. baumannii* MDR. La caracterización genotípica del fago AB4 reveló un tamaño de 53,569 pares de bases y un contenido de G-C del 41.02%. El análisis bioinformático identificó genes que codifican para transposasas, una integrasa, 22 genes de origen bacteriano y una betalactamasa de clase D (OXA-239). Debido a la presencia de estos genes, el fago AB4 no se considera un candidato adecuado para fagoterapia. No obstante, ofrece la ventaja como modelo de estudio, empleo en otro campo. Los



resultados preliminares posicionan a los cinco bacteriófagos restantes como candidatos potenciales para continuar con la caracterización fenotípica mediante microscopía electrónica de transmisión y la caracterización genotípica completa, con el objetivo de determinar su potencial aplicación terapéutica y/o de biocontrol.

Keywords: Bacteria, Resistencia bacteriana, Antibióticos, Terapias alternativas, Infecciones



Identificación y caracterización de bacterias aisladas de miel de una zona chinampera de México

AUREA ITZEL MORALES ESTRADA¹, ARACELI CONTRERAS RODRIGUEZ², JIMENA RODRIGUEZ RAMIREZ¹, MANUEL CAMARILLO CASTAÑEDA³

(1) UNIVERSIDAD AUTONOMA DE LA CIUDAD DE MEXICO, NUTRICION Y SALUD, Prol. San Isidro 151, San Lorenzo Tezonco, Iztapalapa, 09790 Ciudad de México, CDMX, CIUDAD DE MEXICO, MEXICO

(2) INSTITUTO POLITECNICO NACIONAL, MICROBIOLOGIA, ESCUELA NACIONAL DE CIENCIAS BIOLÓGICAS, Col. Sto. Tomás. Deleg. Miguel Hidalgo. CP. 11340, MEXICO, México

(3) UNIVERSIDAD DEL VALLE DE MEXICO, QFBT, Calz. de Tlalpan 3016-3058, Coapa, Ex-Hacienda Coapa, Coyoacán, 04910 Ciudad de México, CDMX, CIUDAD DE MEXICO, MEXICO

La miel es un reservorio importante para la presencia de diversos géneros de bacterias y su presencia puede ser debida a fuentes externas como el suelo, las plantas, aire, así como la microbiota del tracto gastrointestinal de las abejas. En este trabajo, se realizó el aislamiento, identificación y caracterización de bacterias de miel con el fin de conocer su potencial biotecnológico. Las muestras fueron obtenidas de la zona chinampera de Xochimilco, Ciudad de México. 2 muestras de miel fueron inoculadas en agar BHI. Las colonias obtenidas fueron identificadas mediante secuenciación de los genes ribosomales 16s rRNA y caracterizadas en cuanto a la producción de enzimas proteolíticas, halotolerancia, hemólisis, resistencia a antibióticos y actividad inhibitoria contra bacterias patógenas.

Se obtuvieron 6 cepas que fueron identificadas como: bacterias Gram positivas, catalasa y oxidasa positivas. Tras el análisis filogenético, fueron clasificadas como bacterias del género *Bacillus*. Las especies identificadas fueron *Bacillus subtilis*, *B. tequilensis* (2 cepas), *B. licheniformis*, *B. thuringiensis* y *B. altitudinis*. Las seis cepas fueron clasificadas como halotolerantes y osmotolerantes; además producen amilasas y proteasas. Se evaluó la resistencia a diferentes antibióticos y todas las cepas no mostraron resistencia a ningún antibiótico probado. Tampoco fueron hemolíticas. Inhibieron el crecimiento de *Escherichia coli*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella Typhimurium* y *Staphylococcus aureus* por el método de gota sobre césped.

Keywords: miel, microbiota, chinampa



Evaluación in vitro de la actividad anti-amibiana de un polifenol en interacciones de *Entamoeba histolytica* con neutrófilos de hámster

David Levaro Loquio¹, Germán Higuera Martínez¹, Aldo Arturo Reséndiz Albor¹, Ivonne Maciel Arciniega Martínez¹, Alvaro Anzueto Rios², Rafael Santiago Godoy², Judith Pacheco Yépez¹

(1) Instituto Politécnico Nacional, Sección de estudios de posgrado e investigación, Escuela superior de medicina, Salvador Díaz Mirón esq. Plan de San Luis S/N, Miguel Hidalgo, Casco de Santo Tomas, 11340 Ciudad de México, CDMX, CIUDAD DE MEXICO, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Unidad Profesional Interdisciplinaria en Ingeniería y Tecnologías Avanzadas, Av Instituto Politécnico Nacional 2580, La Laguna Ticoman, Gustavo A. Madero, 07340 Ciudad de México, CDMX, CIUDAD DE MEXICO, México

Entamoeba histolytica (*E. histolytica*) es un parásito que ocasiona amibiasis en humanos. Es una enfermedad prevalente en países en desarrollo, asociada a condiciones sanitarias deficientes, agua contaminada y falta de acceso a servicios de salud. El fármaco más empleado contra este parásito es el metronidazol (MTZ); sin embargo, algunos estudios han mencionado que este fármaco induce efectos genotóxicos. Por lo tanto, es importante explorar nuevos compuestos que no presenten toxicidad y que puedan eliminar a *E. histolytica*, como es el caso de los polifenoles los cuales presentan funciones antioxidantes y efecto amebicida. Los polifenoles son compuestos que se encuentran comúnmente en alimentos de origen vegetal, incluyendo a los flavonoides, ácidos fenólicos, lignanos y estilbenos. El presente trabajo evalúa el efecto anti-amibiano del polifenol camperol y la producción de especies reactivas de oxígeno (ERO) en las interacciones de *E. histolytica* con neutrófilos de hámster en presencia del polifenol camperol. Los trofozoítos de *E. histolytica* se incubaron con camperol a concentraciones de 90, 100, 110, 120, 130, 140 y 150 μM durante 90 min y en las interacciones entre trofozoítos y neutrófilos se incubaron en presencia del camperol o el MTZ a 150 μM durante 90 min. Los resultados mostraron que la viabilidad de los trofozoítos en presencia de polifenol camperol disminuyó significativamente desde 120 μM , la viabilidad observada fue de 81.79%, a 130 μM la viabilidad fue de 65.15%, a 140 μM la viabilidad fue de 61.45% y a 150 μM la viabilidad fue de 44,5 %. En las interacciones incubadas con el polifenol camperol a 150 μM durante 90 min, se observó una reducción total en la producción de ERO. Nuestros resultados muestran que el polifenol camperol reduce la viabilidad de *E. histolytica* y regula la producción de ERO en estas interacciones.

Keywords: *E. histolytica*, polifenol camperol, metronidazol, neutrófilos, ERO

Financing: Trabajo apoyado por SAPPI IPN Proyecto Transdisciplinario: 2341 20250870, 20250872, 20250786, 20250834



Divergent Pathogenic Landscapes of *Candida* spp. across Pregnant and Non-Pregnant Hosts

Carlos Henrique Lopes Rocha¹, Flaviane Maria Galvão Rocha², Silvana Maria Quintana¹

(1) Universidade de São Paulo, Ginecologia e Obstetrícia, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Avenida Bandeirantes, 390 – Campus USP, Ribeirão Preto, Brasil

(2) Universidade de São Paulo, Departamento de Análises Clínicas Toxicológicas e Bromatológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto, Rua Professor Ernesto Giebrecht, 13- Vila Monte Alegre, Ribeirão Preto, Braisl

Fungal infections represent a growing global health challenge, affecting millions of individuals annually. Among the causative agents, *Candida* species are particularly relevant due to their role in the etiology of vulvovaginal candidiasis (VVC), a common mucosal mycosis in women. This study aimed to identify the predominant *Candida* species associated with VVC and to compare their prevalence between pregnant and non-pregnant women. A total of forty vaginal secretion samples were obtained from patients receiving care at the Clinical Hospital of the Ribeirão Preto Medical School, University of São Paulo (HCFMRP-USP). Samples were cultured on Sabouraud Dextrose Agar supplemented with 0.5 g/L chloramphenicol. Initial screening of yeast growth was performed using light microscopy to assess cellular morphology. Subsequent species-level identification was conducted using CHROMagar™ *Candida*. Isolates underwent broth microdilution susceptibility testing according to CLSI M27-A3. Morphological analysis revealed that, in some cases, yeasts exhibited filamentous forms associated with pathogenic potential, even in the absence of clinical symptoms. Overall, *Candida* species were detected in 30% of the samples, with approximately 80% of these isolates obtained from asymptomatic individuals, suggesting a possible subclinical phase of infection. When stratified by group, *Candida* spp. was identified in 47% of samples from pregnant women, compared to 25% among non-pregnant participants. Phenotypic characterization indicated that *Candida albicans* was the predominant species, accounting for 84% of isolates. A minority (12%) were identified as non-*albicans* *Candida*, such as *Candida krusei* or *Candida glabrata*, although definitive identification was limited by the diagnostic methods employed. The antifungal susceptibility profiles were comparable between isolates obtained from pregnant and non-pregnant patients. Fluconazole, itraconazole, terbinafine, and voriconazole were the agents for which phenotypic patterns suggestive of resistance were observed. These findings support existing literature indicating increased susceptibility to candidal colonization during pregnancy. Importantly, the detection of morphologically invasive forms in asymptomatic women suggests the presence of strains with pathogenic potential that may remain in a latent or non-inflammatory colonization state. Further research, including molecular identification and virulence profiling of the isolates, is necessary to clarify the clinical significance of these findings and to improve diagnostic accuracy and patient management.

Keywords: *Candida* spp., Non-Pregnant, Pregnant

Financing: CAPES and FAEPA

Acknowledgments: The authors are thankful to M. R, Von Zeska Kress and To all the technical support staff of the multi-user laboratory of Gynecology



Resistencia a Antibióticos en Bacterias Aisladas de Piscinas: Un Riesgo Emergente para la Salud Pública

Paola Andrea Caro Hernández^{1,2}, Armando Lucumí Moreno¹, Francisco Javier Ramirez Gomez²

(1) Universidad Libre Seccional Cali, Ciencias Básicas Medicina, Ciencias de la Salud, Carrera 109 N° 22-00, Cali, Colombia

(2) Fundación Universitaria San Martín, Ciencias Básicas Medicina, Ciencias de la Salud, Carrera 122 N° 23-395, Cali, Colombia

Los microorganismos resistentes a los antimicrobianos son considerados contaminantes ambientales emergentes, y se cree que la cloración incrementa este problema, por lo cual las bacterias resistentes a la cloración, aisladas de piscinas pueden ser un modelo ideal para estudiar la resistencia a antibiótico. El objetivo de este estudio fue caracterizar el perfil de resistencia a antibióticos de bacterias aisladas de piscinas de dos ciudades del Valle del Cauca, Colombia. Un total de 16 muestras de agua de piscinas fueron analizadas microbiológicamente para conocer los recuentos de bacterias heterótrofas, y entéricos, incluidos Coliformes totales. Dentro de estos grupos se evaluó la susceptibilidad a diez antibióticos de amplio espectro mediante el método de difusión en disco. Los aislamientos bacterianos que presentaron resistencia fueron identificados por secuenciación ADN_r16S y empleando medios selectivos diferenciales. De 49 bacterias aisladas, el 94% presentó resistencia a uno o más antibióticos, el 28% presentó perfiles de resistencia múltiples y de estas se destacan las cepas identificadas como *Escherichia coli*, *Bacillus cereus*, ambas resistentes a 4 antibióticos simultáneamente. Además, una cepa de *Exiguobacterium* sp. resistente a RIF y VAN que ha sido descrita como un modelo que evidencia la transferencia de la resistencia a antibióticos entre bacterias ambientales y clínicas. Los hallazgos de este estudio contribuyen al indicio de que las piscinas pueden ser una fuente de transmisión de la resistencia bacteriana y un ambiente propicio para el intercambio de genes de resistencia a antibióticos, lo que puede incrementar el riesgo para la salud pública.

Keywords: Resistencia a antibióticos, aguas, piscinas, One Health

Financing: El 94% de las bacterias aisladas presentó resistencia a uno o más antibióticos, el 28% presentó perfiles de resistencia múltiple y de estas se destacan las cepas identificadas como *Escherichia coli*, y *Bacillus cereus*.

Acknowledgments: Agradecemos al Centro de Investigaciones de la Facultad de Salud de la Universidad Libre por la financiación de este proyecto, cuyo apoyo fue fundamental para el desarrollo de esta investigación.



Ecological Role and Functional Adaptation of Plasmid-Borne Phosphorus Acquisition Genes Across Soil Microbiomes

Pablo Bruna^{1,2}, Matías García^{1,2,3}, Patricio Javier Barra^{2,3}, María de la Luz Mora², Michel Abanto²

(1) Doctoral Program in Science, Major in Applied Cellular and Molecular Biology, Universidad de La Frontera, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(2) Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Universidad de La Frontera, Avenida Francisco Salazar, 01145, Temuco, Chile

(3) Biocontrol Research Laboratory–Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology BIOREN, Universidad de La Frontera, Avenida Francisco Salazar, 01145, Temuco, Chile

Phosphorus (P) is a critical macronutrient for plant and microbial growth, yet its availability in soil is often limited due to strong interactions with soil minerals and organic matter. While the role of bacteriophages in P cycling has been increasingly recognized, other mobile genetic elements, such as plasmids, remain underexplored. This work aims to elucidate the distribution and functional classification of P-acquisition genes within plasmids, with a particular focus on soil environments. To achieve this, plasmid sequences were retrieved from the plasmid database (PLSDB) and directly identified in 96 metagenomic sequencing datasets from six biomes: desert, farmland, grassland, mine, tundra and volcanic. For the PLSDB analysis, soil plasmids were retrieved and aligned against the P cycling database (PCycDB) for functional classification. Sequences were dereplicated using MMseqs2 to avoid overrepresentation. For the metagenomic data, adapter sequences were removed, and low-quality reads were trimmed with Trimmomatic. The filtered reads were assembled using MEGAHIT, and plasmids were identified using geNomad and PLASMe. After dereplication using MMseqs2, the non-redundant plasmids catalog was aligned against PCycDB. Subsequently, plasmids were classified based on their mobilization with MOBfinder, and their abundance was estimated by mapping high-quality reads to the non-redundant dataset using CoverM. Finally, plasmid host range prediction was inferred using HRPredict. Our results show that plasmids consistently harbor a diverse set of P-acquisition genes across various biomes, including genes involved in regulation, transport, organic mineralization, and inorganic solubilization. Significant differences in gene abundance were observed between high- and low-P environments. High-P tundra environments favored plasmids with more regulatory and transport genes compared to low-P tundra. Conversely, in P-deficient soils, plasmids generally exhibited higher abundances of P transport and organic P mineralization genes. Additionally, taxonomic analysis revealed that Pseudomonadota, followed by Bacillota, were the predominant hosts of these plasmids. These findings emphasize the ecological significance of plasmid-borne P-acquisition genes in P cycling, highlighting their potential in microbial adaptation to P-deficient soils and their applicability in bioaugmentation strategies to enhance soil fertility. Future research should focus on validating these findings in vivo, exploring gene expression, and evaluating their ecological impact.



Keywords: Mobile genetic elements, Auxiliary metabolic genes, Mobilome, Phosphorus cycling, Metagenome

Financing: This work was supported by the Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) Chile, by FONDECYT Regular project 1251164 and 1241293; Grant Doctorado Nacional 2023-21230832 for PB



Análisis de profagos y sistemas CRISPR-Cas en genomas de *Neisseria gonorrhoeae*

Brenda Sales Silva Trindade de Castro¹, Henrique da Silva Vieira², Josicelli Souza Crispim¹

(1) Universidad Federal de Minas Gerais, Sector de Biología, Colegio Técnico, Avenida Antônio Carlos 6627, Belo Horizonte, Brasil

(2) Universidad Federal de Minas Gerais, Departamento de Medicina Veterinaria Preventiva, Facultad de Medicina Veterinaria, Avenida Antônio Carlos 6627, Belo Horizonte, Brasil

Los tratamientos antibióticos para la gonorrea se han vuelto cada vez más ineficaces con el paso de los años debido a la creciente resistencia de *Neisseria gonorrhoeae*, la bacteria responsable de la enfermedad. Se necesitan urgentemente nuevas estrategias terapéuticas, y los bacteriófagos podrían representar una alternativa viable.

En este contexto, este estudio tuvo como objetivo investigar la presencia de profagos y sistemas CRISPR-Cas en genomas de *N. gonorrhoeae*, utilizando herramientas bioinformáticas para analizar datos genómicos disponibles públicamente. El objetivo fue identificar las cepas de *N. gonorrhoeae* más adecuadas para la aplicación biotecnológica de bacteriófagos.

Dado que los miembros del orden Caudovirales representan el tipo de bacteriófago más abundante del planeta, los profagos identificados se clasificaron en familias virales dentro de este orden, con el fin de fundamentar el posible desarrollo de terapias basadas en fagos. El análisis de los sistemas CRISPR-Cas se realizó para identificar cepas más susceptibles a la infección por fagos, facilitando así la selección de una cepa para el aislamiento de bacteriófagos líticos.

Se analizaron 137 genomas completos de *N. gonorrhoeae*, encontrándose regiones relacionadas con profagos en todos ellos, sumando un total de 668 regiones. De estas, 312 (46,7%) fueron asignadas a una familia viral, con 195 (29,2%) clasificadas como Siphoviridae y 117 (17,5%) como Podoviridae. No se detectaron sistemas CRISPR-Cas activos en ninguna de las cepas analizadas. La cepa TUM15753 fue seleccionada para la inducción de profagos y diversas aplicaciones biotecnológicas orientadas al desarrollo de futuros tratamientos basados en bacteriófagos. Además, se seleccionaron las cepas SRRSH203, SRRSH204, SRRSH205, SRRSH214 y SRRSH229 para el aislamiento de bacteriófagos líticos.

Los resultados in silico obtenidos proporcionan una base sólida para estudios in vivo posteriores y demuestran un potencial prometedor para el desarrollo de terapias con fagos contra la gonorrea.

Keywords: Profagos, Caudovirales, Bioinformática, CRISPR-Cas, Gonorrea

Financing: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) y



Colegio Técnico de la UFMG (COLTEC-UFMG).

Acknowledgments: A la FAPEMIG, por la beca de iniciación científica otorgada al estudiante de pregrado que desarrolló este trabajo bajo mi supervisión, y al Colegio Técnico de la UFMG, por su apoyo para la participación en el evento.



Benthic environment as reservoirs of antimicrobial resistance sentinels – toward genetic surveillance in coastal ecosystems

Ana María Zárate Riveira¹, Leticia Barrientos¹, Alejandro H. Buschmann², Iván Pérez-Santos³, Benjamín Leyton⁴, Pablo Bruna⁴, Jonathan Alarcón⁵, July Z. Florez²

(1) Facultad de Ciencias de la Salud, Instituto de Ciencias Aplicadas, Universidad Autónoma de Chile, Temuco 4780000, Chile

(2) Centro i-mar, CeBiB, MASH, Universidad de Los Lagos, Puerto Montt 5480000, Chile

(3) Centro i-mar, Universidad de Los Lagos, Puerto Montt 5480000, Chile

(4) Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Universidad de La Frontera, Temuco 4780000, Chile

(5) Independent Researcher, Temuco 4780000, Chile

Chile is the custodian of one of the most productive marine ecosystems on Earth and, consequently, the second-largest global producer of farmed salmon, an activity carried out in close proximity to the coast. The extensive use of antibiotics in aquaculture operations may exert selective pressure on benthic microbial communities, creating potential hotspots for the emergence and dissemination of antimicrobial-resistant bacteria (ARB), thereby posing a significant public health risk. However, disentangling the direct contribution of aquaculture to these complex and dynamic microbial communities remains a major challenge. To address this issue, we conducted a comparative analysis of seven sediment metagenomes from nine sites along the southern Chilean coast, located approximately 20 meters from aquaculture farms. This was complemented by culture-based approaches to categorize bacterial responses as a tool for developing genetic indicators relevant to coastal environmental health. Our analyses revealed numerous sequences associated with bacterial metabolic networks potentially involved in antibiotic resistance and gene transfer. Among the 30 bacterial isolates obtained in pure culture, most belonged to genera commonly found in marine environments, including *Sporosarcina*, *Vibrio*, *Pseudoalteromonas*, *Microbacterium*, *Shewanella*, *Psychrobacter*, *Rhodococcus*, and *Dietzia*. Notably, *Vibrio* and *Pseudoalteromonas* appeared to act as major reservoirs of multidrug resistance determinants. Other isolates also harbored clinically relevant antibiotic resistance genes, including quinolone resistance genes (*qnrA*, *qnrB*, *qnrC*, *qnrS*), the florfenicol resistance gene (*flor*), and tetracycline and erythromycin resistance genes (*tetM*, *tetK*, *tetA*, *tetB*). These findings support the presence of ARB in benthic marine ecosystems, which host evolutionary mechanisms that facilitate the maintenance, transfer, and dissemination of antimicrobial resistance. It is therefore imperative to investigate transmission routes across connected habitats and to propose multipronged strategies for characterizing the functional traits of key bacterial assemblages. Ultimately, this approach could enable the discrimination between virulent and non-virulent bacterial sentinels based on their ecological roles and interactions, and identify local environmental reservoirs of potential pathogens, providing early warnings of ecosystem health threats with global relevance. Finally, we plan to extend the implications of this study by identifying bacterial and functional biomarkers through targeted molecular and genetic experiments within the One Health framework.



Keywords: Aquaculture area, Resistomes, Shotgun metagenomics, Culture-dependent methods

Financing: Postdoctoral project N° 3220504 and Fondecyt Regular N° 1210563.

Acknowledgments: The authors acknowledge the contributions of multiple sampling teams and the technical support provided by Centro i-mar and BIOREN-UFRO.



Exploring the potential of porous materials and agro-industrial residues from Valle del Cauca, Colombia, to improve the production of fungal biocomposites

Natalia García Henao¹, Andrés Ceballos Bermudez^{1,2}, Juan Sebastián Torres Lucas¹

(1) Universidad Icesi, Department of Biological Sciences, Bioprocesses and Biotechnology, Barberi School of Engineering, Design, and Applied Sciences, Cl. 18 #122-135, Barrio Pance, Cali, Valle del Cauca, Cali, Colombia

(2) Universidad Icesi, Centro Biolnc, Barberi School of Engineering, Design, and Applied Sciences, Cl. 18 #122-135, Barrio Pance, Cali, Valle del Cauca, Cali, Colombia

The growing need for sustainable alternatives to the use of discarded biomass and petroleum-based plastics has driven research into fungal biocomposites and agro-industrial waste, but challenges remain in their production, especially at the fermentation stage. This study evaluated the effect of including a porous material called vermiculite, and thermocompression on the physical properties of biocomposites produced through solid-state fermentation using fungal strains from Universidad Icesi and agroindustrial residues from Valle del Cauca, Colombia, such as sugarcane bagasse powder and peach palm fruit peel. This was achieved by analyzing the mycelial colonization of *Ganoderma gibbosum* and *Pleurotus ostreatus* and assessing physical properties such as density, water absorption, porosity, and hyphal diameter, in addition to morphological characterization through scanning electron microscopy (SEM). Results showed that *G. gibbosum* exhibited higher hyphal branching on the surface of the control biocomposite, while *P. ostreatus* demonstrated a higher colonization within the internal structure, indicating better longitudinal hyphal growth, which resulted in 20.2% lower water absorption in thermocompressed samples. Additionally, treatment with 7.5% vermiculite in *P. ostreatus* showed the best mycelial colonization in this study, reflected in its dense hyphal network, lower water absorption, formation of reproductive structures, and 13.6% higher hyphal diameter, indicating optimal fungal development compared to 15% vermiculite and the control in both dry and thermocompressed samples. These results advanced the characterization of vermiculite as a porous material and its processing conditions for the development of functional fungal biocomposites with sustainable applications.

Keywords: Fungal biocomposites, agroindustrial residues, *Pleurotus ostreatus*, *Ganoderma gibbosum*, vermiculite

Financing: Universidad Icesi.

Acknowledgments: I am grateful to my family, friends, supervisors, staff, and institutions for their patience, guidance, and support. Without a doubt, their company, kindness, and help made this project possible; without them, achieving this goal would have been much more difficult.



Signaling Pathways Involving G Protein-Coupled Receptors and the Production of Extracellular DNA Traps in *Dictyostelium discoideum*

Boris Salvador Riveros Rodriguez¹, Francisco P. Chavez Espinoza¹, Andres E. Marcoleta Caldera¹

(1) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Region Metropolitana, Chile

Dictyostelium discoideum is a eukaryotic unicellular organism that feeds on bacteria and yeast through phagocytosis. Upon losing its nutrient source, *D. discoideum* can organize into multicellular structures through various developmental stages. A relevant feature of *D. discoideum* is that it exhibits several molecularly conserved biological processes shared with mammals, such as phagocytosis, chemotaxis, autophagy, and cell communication. Because of this, along with its ability to interact with bacteria, *D. discoideum* is used as a model organism to study various cellular processes in the context of host-pathogen interactions.

It has been reported that *D. discoideum* is capable of secreting extracellular traps (ETs). ETs are DNA projections that function as a net to trap and eliminate bacteria. This process was first described in neutrophils and other immune cells of mammals. In neutrophils, ETs are induced by lipopolysaccharides (LPS), antibodies, and bacteria. Their release requires reactive oxygen species (ROS) and the protein elastase. This process is very similar to what has been described in *D. discoideum*, as bacteria and LPS are also required to trigger the response, and the mechanism depends on ROS. However, the mechanisms behind extracellular DNA trap formation in *D. discoideum* remain unknown. Class C G protein-coupled receptors (GPCRs) are seven-transmembrane domain proteins capable of signal transduction via G protein trimers. These receptors are found in both *D. discoideum* and mammals. It has been observed that *D. discoideum* Class C GPCRs are involved in LPS recognition during phagocytosis, leading us to hypothesize that these receptors may also play a role in ETs production in *D. discoideum*. In this study, we quantified the differential expression of GPCRs using RTqPCR under LPS stimuli and found that mutants in the grlD receptor significantly increase extracellular DNA trap formation. Therefore, this study evaluates the role of Class C GPCRs in the production of ETs in *D. discoideum*. Our results suggest that *D. discoideum* could be utilized as a model for studying DNA ET production.

Keywords: *Dictyostelium discoideum*, Extracellular traps, G protein coupled receptors

Financing: ANID doctoral scholarship 21231103Fondecyt 1211852Fondecyt 1221193



DESCRIPCIÓN TAXONÓMICA DE UNA NUEVA ESPECIE DE *Campylobacter* AISLADA DE MUESTRAS ORALES DE OVEJAS DEL SUR DE CHILE

Macarena Concha-Tolosa¹, Jose González-Morales¹, Tatiana Camacho-Suntaxi¹, Armin Mella¹, Luis Collado¹

(1) Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia 5110566, Chile.

El género *Campylobacter* está actualmente compuesto por 50 especies válidamente descritas, incluyendo especies enteropatógenas de gran relevancia para la salud humana y animal. La mayoría de los estudios disponibles se han centrado en cepas aisladas de muestras fecales. No obstante, se han descubierto especies adicionales a partir de otros tipos de muestras, como las obtenidas desde la cavidad oral. En un estudio piloto realizado en la ciudad de Valdivia (Chile) en el año 2022, se aislaron tres cepas provenientes de muestras orales de ovejas, sospechosas de representar una nueva especie del género *Campylobacter*. El objetivo de este trabajo fue caracterizar y diferenciar estos aislados respecto de otras especies del género mediante un enfoque taxonómico polifásico, que incluyó un análisis genético, genómico y fenotípico.

El análisis filogenético basado en los genes 16S rRNA y hsp60 evidenció que estas cepas forman un clado distinto al de las especies de *Campylobacter* descritas previamente. Este hallazgo fue confirmado mediante análisis genómicos, incluyendo hibridación digital ADN-ADN (dDDH) e Identidad Nucleotídica Media (ANI), cuyos valores se encuentran dentro del umbral aceptado para definir una nueva especie bacteriana. Para la caracterización fenotípica se evaluaron parámetros como la morfología celular, el crecimiento a distintas temperaturas y condiciones atmosféricas, el uso de medios de cultivo selectivos y pruebas bioquímicas, las cuales permitieron diferenciarla de las otras especies de *Campylobacter*. La microscopía reveló que los aislados corresponden a bacilos Gram negativos, curvos, pequeños y con flagelo polar. La integración de los resultados filogenéticos, genómicos, morfológicos y bioquímicos permitió concluir que los aislados representan una nueva especie, para la cual se propone el nombre de *Campylobacter australis* sp. nov., siendo M4T (=LMG 33826^T) designada como cepa tipo. A partir de los valores obtenidos, se respalda firmemente la propuesta de *Campylobacter australis* sp. nov., basada en tres cepas aisladas de la cavidad oral de ovejas.

Keywords: *Campylobacter*, Especie nueva, Cavidad oral, Oveja, Chile

Financing: FONDECYT 1200125



Actividad enzimática expresada en residuos agrícolas y análisis in silico de glicosil hidrolasas de *Moniliophthora roreri*

CONSUELO BAUTISTA¹, ANDRÉS CONCEPCION BRINDIS¹, Carlos Fredy Ortiz García², Xavier Boldo³, Daniel Claudio Martínez Carrera⁴, Rosa Margarita Hernandez Rodriguez⁵

(1) COLEGIO DE POSTGRADUADOS CAMPUS TABASCO, BIOTECNOLOGÍA, Periférico Carlos A. Molina S/N, Km 3.5 Carretera Cárdenas-Huimanguillo, H. Cárdenas, Tabasco, México

(2) COLEGIO DE POSTGRADUADOS CAMPUS TABASCO, Fitopatología, Periférico Carlos A. Molina S/N Carretera Cárdenas-Huimanguillo, H. Cárdenas, Tabasco, Mexico

(3) UNIVERSIDAD JUÁREZ AUTÓNOMA DE TABASCO, INVESTIGACIÓN Y POSTGRADO, DIVISIÓN ACADÉMICA DE CIENCIAS DE LA SALUD, Av. Gregorio Méndez 2838-A Col. Tamulté, Villahermosa, Tabasco, México

(4) COLEGIO DE POSTGRADUADOS CAMPUS PUEBLA, BIOTECNOLOGÍA, Boulevard Forjadores de Puebla No. 205, Santiago Momoxpan,, San Pedro Cholula, Puebla, México

(5) INSTITUTO TECNOLÓGICO DE VILLAHERMOSA, Nanobiotecnología, Carretera Villahermosa-Frontera Km. 3.5 Cd. Industrial, Villahermosa, Tabasco, Mexico

Se estudió la cinética de producción de enzimas de β -glucosidasa del hongo *Moniliophthora roreri* cultivado en dos sistemas de fermentación en estado líquido (FEL) y sólido (FES) utilizando celulosa microcristalina, bagazo de caña de azúcar (BCA) y cáscara de cacao (CCA) como sustratos inductores. Se evaluó la actividad enzimática de β -glucosidasa, proteína total, pH y biomasa durante 30 días. Se realizó un análisis in silico de la secuencia de ocho genes codificantes de enzimas β -glucosidasas predichas, depositadas en el GenBank del NCBI. La actividad enzimática de β -glucosidasa más alta, inducida con BCA y CCA, se encontró el día 18 con 2171.42 U mg⁻¹ de proteína total, pH 6.73 del medio de cultivo y el día 27 con 180.54 U mg⁻¹ de proteína total, pH 7.46 respectivamente. La cepa fue identificada como *M. roreri* MRCPO mediante secuenciación del gen 18S ADNr (número de acceso GenBank KM998972). El análisis in silico confirmó que las ocho proteínas β -glucosidasa predichas contenidas en el genoma de *M. roreri*, pertenecen a las glicosil hidrolasas de la familia 1 y 3, además de predecir sus características fisicoquímicas y bioquímicas. Las β -glucosidasa de la familia GH1 forman tres subgrupos (1a, 1b y 1c), bien definidos de *M. roreri*. Las β -glucosidasa de la familia GH3 forman tres subgrupos (2a, 2b y 2c), bien definidos de *M. roreri*. La proteína GH1 con número de acceso GenBank ESK95676, de localización extracelular, podría ser la responsable de la actividad β -glucosidasa de *M. roreri* MROCP expresada en el sistema FES usando BCA y CCA como sustratos inductores.

Keywords: Celulasas, B-glucosidasa, *Moniliophthora roreri*

Financing: Este proyecto está siendo financiado con los fondos del Apoyo a Actividades Académicas (AAA) del Colegio de Postgraduados Campus Tabasco, México,

Acknowledgments: Al Colegio de Postgraduados Campus Tabasco y al CONAHCYT por la beca de manutención otorgada al alumno Andrés Concepción Brindis para sus estudios de Maestría en Ciencias en Producción Agroalimentaria en el Trópico (PROPAT).



Expansión de la fiebre de Oropouche en América Latina: datos recientes y desafíos sanitarios

Antonio Sérgio Mathias^{1,2}, Maria Lúcia Tomanik Packer², Juvencio José Duailibe Furtado^{1,2}, Fernando Luís Affonso Fonseca², Valeria de Moraes Silveira Telles¹, Flávia de Sousa Gehrke²

(1) Hospital Heliópolis, Infectología, Cônego Xavier 276, São Paulo, Brasil

(2) Centro Universitário FMABC, Parasitologia, Lauro Gomes 2000, Santo André, Brasil

Introducción:

La fiebre de Oropouche es una arbovirosis transmitida por la picadura del mosquito del género *Culex*. El cuadro clínico se presenta con sintomatología inespecífica como fiebre, mialgia, cefalea y dolor retroorbitario. La enfermedad tiene una tasa de letalidad inferior al 1%, pero puede ser debilitante. El diagnóstico se realiza mediante pruebas de laboratorio, como la serología y la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). El tratamiento es sintomático, con el objetivo de brindar soporte clínico. El seguimiento de brotes y la vigilancia son fundamentales para controlar la diseminación del virus. El objetivo de este estudio es analizar la epidemiología de los casos de esta arbovirosis en las Américas.

Metodología:

El estudio se basa en el análisis de los casos de fiebre de Oropouche en las Américas, según el informe de la semana epidemiológica del 15 de octubre de 2024, emitido por la Organización Mundial de la Salud.

Resultados:

En total, se confirmaron 10.275 casos, con 2 muertes. De estos, América del Sur registró 9.183 casos, siendo Brasil el país más afectado por el virus Oropouche, con 8.258 casos confirmados. Le siguen Perú, con 936 casos, y Cuba, con 555. Bolivia reportó 356 casos, mientras que Colombia tuvo 74 casos. Ecuador y Guyana notificaron 2 casos cada uno. Por otro lado, América del Norte registró 92 casos importados, 90 en Estados Unidos y 2 en Canadá. América Central no reportó casos. Es importante destacar que fuera de las Américas se registraron 30 casos importados en Europa, sin reportes en otros continentes.

Conclusión:

A partir del análisis de los datos, se concluye que las regiones tropicales, con mayor circulación de vectores, favorecen la propagación de los casos, en conjunto con los efectos del cambio climático global. Brasil, al contar con un sistema público de salud estructurado, implementa medidas para combatir esta endemia. Es necesario continuar con los estudios para esclarecer el perfil sociocultural de los casos, con el fin de realizar acciones de impacto directo en su prevención y control.

Keywords: Fiebre por arbovirus, Vigilancia, Salud pública



Extracción de quitosano a partir de exoesqueleto de camarón rojo (*Panaeus vannamei*), mosca soldado negra (*Hermetia illucens*) y de hongo filamentoso (*Aspergillus niger*) para el desarrollo de hilo quirúrgico y andamios óseos.

Valentina Cortes¹, Britney Bayona Amaya¹

(1) Universidad San Buenaventura de Cali, Valle del cauca, Ingenieria, Carrera 122 #6 65, Cali,, Cali, Colombia

En el presente trabajo de investigación se realizó la extracción y se realizará la caracterización y el conformado de hilo quirúrgico y andamios óseos del quitosano a partir del exoesqueleto de camarón rojo (*Panaeus vannamei*), la mosca soldado negra (*Hermetia illucens*) y el hongo filamentoso (*Aspergillus niger*). Se procesó dentro de las instalaciones de la Universidad San Buenaventura, Cali, Colombia. La metodología se basó en un proceso para la obtención de quitosano a partir de las materias primas como el exoesqueleto de camarón rojo (*Panaeus vannamei*), mosca soldado negra (*Hermetia illucens*) y de hongo filamentoso (*Aspergillus niger*) se sometieron a un proceso de despigmentación utilizando acetona al 50% por 24 horas. Posteriormente se realizó la desmineralización con HCL al 2N durante 2 horas, seguido de esto se realizó la desproteización con una solución acuosa de NaOH al 2M durante 3 horas y después se realizó la desacetilación con NaOH al 50% durante 3 horas. Se desea obtener un quitosano con características de inhibición microbiológica para las bacterias tales como *Escherichia Coli* y *Staphylococcus aureus*, el quitosano que se desea se debe probar en un medio de cultivo para la determinación de la inhibición o crecimiento de las bacterias mencionadas anteriormente. Teniendo en cuenta que *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* son bacterias muy comunes que pueden causar infecciones en humanos y animales. El quitosano obtenido ese utilizó para la fabricación de hilo quirúrgico mediante extrusión y coagulación en baño básico, y para los andamios óseos mediante congelación y liofilización, seguidos de reticulación y esterilización. El biomaterial será caracterizado mediante espectroscopia infrarroja (FTIR), resonancia magnética nuclear (RMN), grado de desacetilación (DD) y microscopía electrónica de barrido (SEM), para evaluar su composición química, estructura, pureza y porosidad. Se realizarán pruebas in vitro como citotoxicidad, adhesión y proliferación celular, y pruebas in vivo en ratas Wistar albinas, para evaluar la biocompatibilidad, regeneración tisular y respuesta inflamatoria del biomaterial.

Keywords: quitosano, andamios oseós, hilo quirúrgico, exoesqueleto de camarón rojo y mosca soldado negra, micelio de hongo filamentoso

Financing: Propio.

Acknowledgments: Universidad San Buenaventura de Cali.



Effects of Chlorine Dioxide Treatment on *Saccharomyces cerevisiae* and Its Performance in Alcoholic Fermentation

José Machado da Silva Neto¹, Sandra Regina Ceccato-Antonini²

(1) Universidade de São Paulo – USP, Ciência, Tecnologia e Engenharia de Alimentos, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Av. Pádua Dias, 11 – Agronomia, Piracicaba – SP, 13418-900, Piracicaba, Brasil

(2) Universidade Federal de São Carlos, Departamento de Tecnologia Agroindustrial e Sócio-Economia Rural, Centro de Ciências Agrárias, Av. Prof. Milton Severino, 250 – Jardim Santa Efigenia, Araras, Brasil

Fermentation is one of the most critical steps in the fuel ethanol production process, during which yeast cells are subjected to various stressors, particularly during the treatment of the biomass between fermentation cycles. Chlorine dioxide is widely used in industrial settings; however, its effects on microbial physiology and fermentation performance remain poorly understood. This study aimed to investigate the impact of chlorine dioxide treatment on the yeast *Saccharomyces cerevisiae* (PE-2) and on the fermentation process. The effects of chlorine dioxide were assessed at concentrations of 139 mg/L, 69.5 mg/L, and 34.75 mg/L during the yeast propagation phase (pé-de-cuba) using a time-kill assay. The concentration of 69.5 mg/L was selected for a fed-batch fermentation process with cell recycling. Results showed that chlorine dioxide significantly affected yeast viability at higher concentrations (139 mg/L and 69.5 mg/L), with complete loss of viability occurring after 1.5 hours of treatment. Although fermentation rates were initially slower under chlorine dioxide treatment, CO₂ evolution after 20 hours was comparable to the control (water-treated). The number of viable cells was not affected by the treatment, but the percentage of viable cells declined over successive cycles. Budding rates reached 40% after the fourth cycle under chlorine dioxide, whereas in the water-treated group, budding rates peaked at 20% before declining. Final pH values were lower in chlorine dioxide treatments, while ethanol content was higher compared to the control. Residual reducing sugar concentrations remained below 0.2 g/100 mL in both conditions. Average fermentation yields were 0.32 g ethanol/g sugar for water and 0.37 g ethanol/g sugar for chlorine dioxide. These findings suggest that chlorine dioxide at 69.5 mg/L compromises yeast viability, inducing compensatory growth and slowing down the fermentation process.

Keywords: Fuel ethanol, *Saccharomyces cerevisiae*, chlorine dioxide, cell viability, yeast treatment

Financing: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo



Microbiota bacteriana viable cultivable en el agua del lago cratérico volcánico Cuicocha. Imbabura. Ecuador

Felix Andueza^{1,3,4}, Judith Araque Rangel², Carmina Rodríguez Fernández³, Sandra Escobar⁵, Christian Pillajo¹

(1) Universidad Central del Ecuador, Carrera de Ingeniería Ambiental, FIGEMPA, Avenida Lagasca con Jeronimo Leiton. Ciudadela universitaria, Quito, Ecuador

(2) Universidad Central del Ecuador, GRUPO DE INVESTIGACION ACMME, Ingeniería Química, Calle Gato Sobral. Ciudadela universitaria, Quito, Ecuador

(3) Universidad Complutense de Madrid, Doctorado en Ciencias Biológicas, Ciencias Biológicas, Avenidad Universidad. Campus de Moncloa., Madrid, España

(4) Universidad de los Andes, Microbiología y Parasitología, Farmacia y Bioanálisis, Campus de campo de Oro, Mérida, Venezuela

(5) Escuela Superior politécnica del Chimborazo (ESPOCH), Carrera de Bioquímica y Farmacia, Facultad de Ciencias, Avenida Panamericana. Sede principal ESPOCH, Riobamba, Ecuador

El estudio del agua de los lagos cratérico volcánicos en diversas partes del mundo, se ha enfocado principalmente en investigar sus características geológicas, geoquímicas y vulcanológicas. Sin embargo, en los últimos años se han desarrollado trabajos para investigar su microbiota y conocer sus principales características biológicas, biotecnológicas y ecológicas. En Ecuador son pocos los trabajos realizados para conocer la biodiversidad bacteriana de la microbiota de los lagos cratérico volcánicos. Por ello se investigó, en una primera etapa, la biodiversidad de bacterias heterótrofas viables cultivables presentes en el agua del lago cratérico volcánico Cuicocha, ubicado 3.068 msnm., en la Provincia de Imbabura Ecuador. Se analizaron un total de 72 muestras de agua de diversos puntos de la laguna. DE cada una de las muestras de agua se realizaron diluciones seriadas 1/10, 1/100 y 1/1000 en solución fisiológica estéril. Las muestras de agua y sus respectivas diluciones fueron procesadas por la técnica de filtración en membrana utilizando filtros Millipore de 0,45 μ m de poro. El aislamiento, purificación y cuantificación se realizó en los agaros R2A, Cetrimide, Manitol Salado, PCA y Soya Tripticase. La identificación taxonómica de los aislados se realizó a través de pruebas bioquímicas y fisiológicas según los esquemas de identificación propuestos por Barrow y Felten (2004) y los indicados por MacFaddin (2003), complementada con las pruebas bioquímicas de las galerías de identificación MicrogenTM. Se aislaron un total de 170 colonias bacterianas de las cuales se logró identificar 150 cepas pertenecientes a 75 especies de los géneros Aeromonas, Bacillus, Brevundimonas, Chryseomonas, Citrobacter, Corynebacterium, Hafnia, Moraxella, Pseudomonas, Psychrobacter, Ralstonia, Serratia, Staphylococcus y Weeksella. Los resultados indican una microbiota bacteriana diversa con predominio de los grupo de las Gama Proteobacterias y Bacillota, con una mayoritaria presencia de bacterias pigmentadas de los géneros Aeromonas, Pseudomonas y Bacillus. que deben ser analizadas para conocer sus características biológicas, biotecnológicas y ecológicas. La presencia de cepas de especies bacteriana potencialmente patógenas oportunista indican la necesidad de establecer controles para el uso de estas aguas con fines recreativos, dado el auge turístico en este



ecosistema.

Keywords: Microbiota bacteriana, Agua lago cratérico, Lago Volcánico, Cuicocha, Ecuador

Financing: Se obtuvo financiamiento de la Dirección de Investigación de la Universidad Central del Ecuador mediante el proyecto DI-2022-045

Acknowledgments: A la Dirección de Investigaciones de la Universidad Central del Ecuador y a las facultades de FIGEMPA e Ingeniería Química de la Universidad Central del Ecuador



Cóctel de fagos como tratamiento para cepas de *Enterobacter cloacae* resistentes a múltiples fármacos

Diego Ureña-Carrasco¹, Yolanda Mosqueda-Cejudo¹, Alba Lara-Moreno¹, Alba Serna-Gallego², Francisco Merchan Ignacio¹

(1) Universidad de Sevilla, Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Calle profesor García Gonzalez nº2, Sevilla, España

(2) Universidad Loyola, Departamento de Microbiología, Avda. de las Universidades, 2, Dos Hermanas, España

El aumento a nivel global del número de cepas de *Enterobacter cloacae* multirresistentes representa un importante desafío clínico, especialmente en entornos nosocomiales. El estudio realizado ha tenido como objetivo aislar, caracterizar y evaluar bacteriófagos líticos presentes en aguas residuales de Andalucía activos contra cepas de *E. cloacae* multirresistentes. Se aislaron 57 fagos y se analizó su actividad frente a 51 cepas de *E. cloacae* multirresistentes, revelando una alta diversidad en el rango de hospedadores y en la capacidad lítica, con una efectividad individual de cada fago que oscila entre el 2 % y el 82 %. Cabe destacar que algunas cepas, como ST171, ST182 y ST108, mostraron una fuerte resistencia, mientras que otras la desarrollaron en 24 horas. Se formularon seis cócteles de fagos, y uno (compuesto por FEN 19 y FEN 24) lisó completamente las cepas ST106 y ST68. Ambos fagos demostraron una alta estabilidad térmica (de -80 °C a 60 °C) y mantuvieron su infectividad a pH 5 a 9, siendo FEN 24 el que mostró mayor tolerancia a condiciones extremas. Sin embargo, la eficacia del cóctel varió debido a las interacciones entre fagos, lo que resalta la importancia de una selección racional de fagos. Estos resultados subrayan el potencial de la terapia con fagos contra cepas de *E. cloacae* multirresistente, a la vez que enfatizan la necesidad de optimizar aún más las estrategias de emparejamiento y formulación de fagos.

Keywords: RAM, *E. cloacae*, fagos, cóctel

Financing: Proyecto FIUS



Uso de una red neuronal para identificar genes candidatos de resistencia a ceftazidima/avibactam en aislamientos de *P. aeruginosa* obtenidas de pacientes pediátricos

Héctor E. A. Méndez¹, Jocelin Merida-Vieyra², Alejandra Aquino-Andrade²

(1) Universidad de la Salud

(2) Instituto Nacional de Pediatría, Laboratorio de Microbiología Molecular

Objetivo

Identificar genes candidatos de resistencia a ceftazidima/avibactam (CZA) en aislamientos clínicos de *P. aeruginosa* no productores de carbapenemasas obtenidos de pacientes pediátricos.

Material y métodos

Se analizaron 16 aislamientos de *P. aeruginosa* no susceptibles a CZA no productoras de carbapenemasas, a los que se les determinó el perfil de susceptibilidad mediante difusión en disco, epsilometría y microdilución semiautomatizada (CLSI 2024). Los genomas de las cepas se secuenciaron y se identificaron variantes comparándolas con la cepa de referencia PAO1. Se generó una matriz de presencia/ausencia de mutaciones, se descartaron aquellas detectadas en menos de dos cepas y se eliminaron las variantes sinónimas. Cada cepa fue etiquetada por los tres métodos de para medir susceptibilidad. Con estos datos se entrenó una red neuronal multitarea, se optimizaron los hiperparámetros mediante validación cruzada (5-fold), y se evaluó la asociación de la carga mutacional de cada gen con el fenotipo mediante regresión logística univariante.

Resultados

En los aislamientos no se detectaron mutaciones en *ampC*, bombas de eflujo o variantes de betalactamasas relacionadas con la resistencia a CZA. El modelo optimizado alcanzó una exactitud de validación del 62%. Se identificaron 20 genes candidatos cuya carga mutacional se relacionó con la resistencia. Entre ellos, se destacaron genes como: *alkB1*, *nqrF*, *chpB*, *algE*, *gpuR*, *bfiS*, *chpC*, *nuoM*, *nosL*, *kynA*, *rmd*, *dapF*, *mdcE*, *fhaI*, *cyaB*, *pta*, *ospR*, *tadB* y *ansA* (80.57% de exactitud), así como *flhF* y *gpuR* (72% y 69.15% respectivamente).

Conclusiones

La acumulación de mutaciones en genes de biofilm, señalización, metabolismo, movilidad y adhesión se asocian con la resistencia a CZA en *P. aeruginosa*. Estos genes son candidatos para comprender los mecanismos subyacentes a la resistencia en cepas no productoras de carbapenemasas o con otro mecanismo reportados. Estos hallazgos, ofrecen una base para estudios funcionales que validen la implicación de estos genes en la resistencia, lo que demuestra el potencial de los métodos bioinformáticos para orientar investigaciones en entornos clínicos.

Keywords: Red neuronal, ceftazidima/avibactam, *Pseudomonas aeruginosa*, mexico, pediatría



Toxina HicA del plásmido de resistencia a antibióticos pJIE143. Caracterización de la primera toxina de un sistema toxina-antitoxina HicAB plasmidial.

Valeria Pérez Villalobos¹, Paula Bustamante¹

(1) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Santiago, Chile

Los plásmidos conjugativos, son los principales vehículos de transferencia horizontal de genes de resistencia a antibióticos entre bacterias. Debido a su gran tamaño y bajo número de copias, muchos de estos plásmidos codifican mecanismos de mantención como los sistemas toxina-antitoxina (TA). Los sistemas TA de tipo II consisten en dos proteínas codificadas en un operón: una toxina que interfiere con distintos procesos celulares y una antitoxina que la neutraliza mediante la formación de un complejo proteico. Aunque caracterizados numerosos sistemas TA, los codificados en plásmidos han sido poco estudiados.

El plásmido pJIE143 (IncX4), aislado de una cepa clínica de *Escherichia coli* ST131, codifica un sistema HicAB (pHicAB) que, si bien no participa en la mantención plasmidial, se encuentra altamente conservado entre plásmidos IncX4, lo que sugiere una función relevante aún no descrita. En este estudio, se realizó la caracterización in silico y experimental de la toxina HicA (pHicA) codificada en este plásmido.

Los análisis bioinformáticos incluyeron alineamientos de secuencias y predicción de estructura secundaria utilizando herramientas como NCBI, Clustal Omega, ESPrit 3.0 y PSIPRED. Molecularmente, el gen *hicA* se clonó en un vector de expresión (pACYCDuet-1), solo y en conjunto con su antitoxina *hicB*. Las proteínas recombinantes se expresaron y purificaron por cromatografía de afinidad (IMAC) y se evaluó su actividad enzimática como RNasa o DNasa.

pHicA posee un 47% de identidad con su homóloga cromosomal y carece de residuos catalíticos conservados en otras toxinas HicA, aunque mantiene su estructura secundaria. El clonamiento de *hicA* solo fue exitoso en presencia de *hicB*, lo que evidencia su alta toxicidad. Se logró purificar la toxina libre a través de una estrategia en condiciones desnaturantes y renaturación. Sorprendentemente, los ensayos funcionales demostraron que pHicA presenta actividad RNasa y DNasa, aunque carece del residuo His catalítico, degradando RNA total de *E. coli* y DNA plasmidial.

Este trabajo representa la primera caracterización de una toxina HicA plasmidial, revelando su actividad enzimática y toxicidad. Nuestros resultados resaltan la importancia de estudiar los sistemas TA plasmidiales, los cuales pueden tener una función biológica más allá de la mantención plasmidial.

Keywords: HicA, Toxina-antitoxina (TA), Plásmido pJIE143, *Escherichia coli*, RNasa/DNasa

Financing: Proyecto Fondecyt 11230634



Antimicrobial Action of Fractions F8 and F9 of the Leaf Extract of *Psidium bahianum* Landrum & Funch

ALEXANDRA FERREIRA CARDOSO¹, SAULO NASCIMENTO BRITO¹, RENATA SIMÕES SOUZA¹,
MARCOS COSTA SILVA¹, EDSON MARQUES¹, VERA LUCIA COSTA VALE¹

(1) State University of Bahia – UNEB, Department of Exact and Earth Sciences – DCET II, Alagoinhas, BRAZIL

In traditional medicine, plants have been utilized for centuries to treat a variety of diseases and serve as key sources for the development of new pharmaceuticals. The Myrtaceae family is widespread across all Brazilian phytogeographic domains, comprising nearly 1,000 species divided into 23 genera, making it one of the top 10 families with the most species diversity in the Brazilian flora. *Psidium bahianum* Landrum & Funch, a member of the Myrtaceae family, is known for its production of tannins, sesquiterpenes, stilbenes, and flavonoids, which suggest potential medicinal properties. This study aimed to evaluate the antimicrobial efficacy of fractions derived from the leaf extract of *Psidium bahianum*. The crude extract was obtained by maceration using ethyl acetate as the solvent. Fractionation was conducted via Column Chromatography, employing Silica Kieselgel as the stationary phase absorbent. Hexane, Ethyl Acetate, and Methanol served as the mobile phase in systems with increasing polarity gradients for compound separation. Each eluent or mixture had a volume of 100 mL, using systems such as Hexane/Ethyl Acetate at ratios of 9:1, 8:2, 7:3, 6:4, and 5:5. Antimicrobial activity was assessed through Minimum Inhibitory Concentration (MIC), starting with a fraction concentration of 1000 µg/mL. The microorganisms tested included the bacteria *Bacillus cereus*, *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Salmonella choleraesuis*, and the fungi *Candida albicans* and *Candida glabrata*. Nineteen fractions (F1–F19) were obtained, with all demonstrating inhibitory effects against the tested microorganisms. Notably, fraction F9 was bactericidal at 62.5 µg/mL for *S. aureus* and *B. cereus*. Both F8 and F9 exhibited bactericidal activity at 62.5 µg/mL against *Salmonella choleraesuis* and *E. coli*. In antifungal evaluations, all fractions were fungistatic against the two fungal strains tested. Fractions F8 and F9 showed the most significant antimicrobial activity, delivering promising results against both Gram-positive and Gram-negative bacteria.

Keywords: Leaf extract, Fractions, Antimicrobial, *Psidium bahianum*

Acknowledgments: State University of Bahia–UNEB Postgraduate Program in Plant Biodiversity – PPGBVegCoordination for the Improvement of Higher Education Personnel – CAPES



Biological control of soybean phytopathogens using a biofungicide based on *Bacillus velezensis* and *Paenibacillus ottowii* to increase productivity

Gisele de Fátima Dias Diniz¹, Luciano Viana Cota², Victor Alef Rodrigues³, Matheus Henrique Alves Louzada⁴, Felipe Campos Silva⁵, Bianca Resende Santos⁴, Rodrigo Veras da Costa², Christiane Abreu de Oliveira Paiva¹

(1) Embrapa Maize and Sorghum, Department of Microbiology, Rodovia MG 424, Km 45, Zona Rural, Sete Lagoas, MG, Sete Lagoas, Brasil

(2) Embrapa Maize and Sorghum, Department of Phytopathology, Rodovia MG 424, Km 45, Zona Rural, Sete Lagoas, MG, Sete Lagoas, Brasil

(3) Federal University of Sao Joao del Rei, Praça Frei Orlando, 170, Centro, campus São João del-Rei, São João del-Rei, Brasil

(4) Federal University of Sao Joao del-Rei, Rodovia MG 424, km 47, campus Sete Lagoas, Sete Lagoas, Brasil

(5) Federal University of Viçosa, Vila Matoso, 205, Santo Antônio, Viçosa, Viçosa, Brasil

Soybean diseases are among the main threats to yield and grain quality, causing significant economic losses in agricultural fields. Although chemical control is widely used, it can pose environmental risks and favor the selection of resistant pathogens. Biological control represents a sustainable strategy, with species from the *Bacillus* and *Paenibacillus* genera standing out due to their antagonistic activity against several phytopathogens. This study aimed to evaluate the effectiveness of a biofungicide based on the IM14 (*Bacillus velezensis*) and LIS04 (*Paenibacillus ottowii*) strains in controlling soybean diseases and its impact on crop productivity. The experiment was conducted in November 2024 at Embrapa Maize and Sorghum in Sete Lagoas/MG, using the BRS7080IPRO hybrid. Seeds were treated with 2 mL/kg of the biological product, and all treatments received Bioma Brady (250 mL/ha). Three treatments were tested with three replicates: T1 – chemical, T2 – biological, and T3 – biological + chemical. The plots consisted of eight rows, each 60 meters long, with 0.5-meter spacing. Results showed that treatments with the biofungicide, whether alone or combined with the chemical product, significantly increased productivity (47.37 and 47.83 bags/ha, respectively) compared to the chemical-only treatment (43.45 bags/ha). The thousand-grain weight was also higher in the biological (167.66 g) and biological + chemical (170.22 g) treatments than in the chemical treatment (162.16 g). The data confirm the efficiency of biological control using the biofungicide based on IM14 and LIS04 strains, combining plant health benefits with increased soybean productivity.

Keywords: biological agents, sustainability, biocontrol, productivity

Financing: Embrapa, Simbiose, FAPEMIG, CNPq

Acknowledgments: Embrapa, Simbiose, FAPEMIG, CNPq



Caracterización microbiológica en el fermentado del mucílago de café *Coffea arabica* L.

Yenifer Alexandra Palacios García¹, Fabiana María Lora Suarez², Nelsy Loango Chamorro¹

(1) Universidad del Quindío, Quindío, Ciencias Básicas, Carrera 15 con calle 12 norte, Armenia, Colombia

La fermentación del café (*Coffea arabica* L.) se efectúa gracias a la composición química y a la diversidad microbiana del mucílago. Por tal razón, es fundamental caracterizar los microorganismos predominantes durante la fermentación del mucílago del café; a partir del aislamiento del microbioma existente considerando una fase de fermentación natural aerobia de 56 horas y considerando la medición de variables físico-químicas como temperatura, pH y grados brix durante el seguimiento; así mismo se verificó la obtención de cultivos puros. Los resultados obtenidos indican que se presentó una disminución del pH y grados Brix lo cual evidenció una correlación positiva ($r= 0.96$) además fluctuaciones en la temperatura de la masa de fermentación y predominio constante de levaduras y bacterias, finalmente se identificaron un total de 9 especies de levaduras y 28 especies de bacterias. Se puede concluir que las interacciones bioquímicas que suceden en la fermentación, es debido al metabolismo microbiano, estos hallazgos demuestran la riqueza microbiana presente en el mucílago lo cual contribuye a una mayor comprensión de las interacciones existentes; estos resultados abren la posibilidad de obtener cultivos iniciadores que conlleven a la obtención de cafés con características deseables, así como un aporte científico que beneficie a los caficultores.

Keywords: Bacterias, levaduras, proceso bioquímico, mucílago, fermentación.

Financing: Esta investigación fue financiada por el Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y Educación (GICBE) de la Universidad del Quindío, Colombia

Acknowledgments: Agradecemos al Instituto SENA Agroindustrial, al Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y Educación (GICBE) y al Grupo de Investigación en Bioquímica de Enfermedades Cardiovasculares y Metabólicas (GECAYME).



Temporal Regulation of the Stress-Response Gene STIP1 in Honey Bees Infected with Deformed Wing Virus Type A (DWV-A)

Marisol Vargas¹, Diego Silva¹, Ximena Sepúlveda¹, Lucila Traverso², Sheila Ons², Felipe Becerra¹, Yazmín Fuentes¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Producción Vegetal, Laboratorios de Virología y Neurociencia en Abejas, Agronomía, Vicente Méndez 595, Chillán, Chile

(2) UNLP-CONICET, Centro de Endocrinología Experimental y Aplicada - Centro Regional de Estudios Genómicos. Laboratorio de Neurobiología de Insectos, Facultad de Ciencias Exactas y Facultad de Ciencias Médicas, La Plata, Buenos Aires, Argentina

Deformed Wing Virus type A (DWV-A) is one of the most prevalent pathogens in *Apis mellifera* colonies worldwide. Recent studies have shown that an increase in viral load, even under asymptomatic conditions, can impair the insect's cognitive capacity. In this study, we analyzed the transcriptome of bee heads with high viral loads (I-DWV) compared to those with low viral loads (N-DWV) using RNA sequencing (RNA-Seq). A total of 147 differentially expressed genes (DEGs) were identified ($s\text{-value} < 0.05$), of which 109 were upregulated and 38 downregulated in I-DWV bees. We conducted a hypergeometric enrichment analysis of protein domains (Pfam) associated with the DEGs to assess the functional impact of increased viral loads. The analysis revealed 77 enriched domains, highlighting a decrease in the expression of those related to stress responses, such as TPR and Hsp70 domains. Notably, the gene STIP1, associated with the TPR domain, was identified. This gene regulates the expression of Hsp70 and Hsp90, which are key in protein folding and functional stability. To validate these results, we performed a gene expression analysis using qPCR to evaluate the temporal dynamics of STIP1 during DWV-A infection. Bees were inoculated with a viral suspension (109 genome copies per bee), and gene expression was assessed at 3, 6, 12, and 15 days post-inoculation (dpi). The relative expression of STIP1 in I-DWV compared to N-DWV was 0.15, 0.86, and 0.64 at 3, 6, and 12 dpi, respectively, whereas at 15 dpi, expression increased to 1.5-fold. Our results suggest that DWV-A infection induces a temporal dysregulation of genes involved in cellular stress management, particularly during the early stages of infection. Dysregulation of the STIP1 gene may compromise neuronal protein homeostasis, potentially affecting critical processes in the bee nervous system, with implications for colony health and behavior.

Keywords: *Apis mellifera*, Deformed Wing Virus, STIP1, Gene regulation

Financing: This study was supported by the FONDECYT N° 1241994 grant from the National Research and Development Agency (ANID), Chile, and through the National Ph.D. Scholarship ID 21240845.



Relación *Helicobacter pylori* y levaduras: Lo que se sabe y hacia donde vamos

Kimberly Sánchez¹, Patricia Cea¹, Francisca Gacitúa¹, Javiera Contreras¹, Joaquín Olivares¹, Apolinaria García¹, Horliany Neira¹

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Concepción, Chile
Autores: Kimberly Sánchez-Alonzo, Javiera Contreras, Joaquín Olivares, Patricia Cea, Francisca Gacitúa y Horliany Neira, Apolinaria García.

Helicobacter pylori es una bacteria intracelular facultativa pudiendo ingresar a células del epitelio gástrico, amebas y levaduras del género *Candida*, se ha demostrado que ciertas condiciones de estrés, como acidez, deficiencia nutricional o falta de oxígeno, no solo favorecen esta interacción, sino que se puede sugerir que activa una estrategia de refugio para *H. pylori* que podría tener implicancias clínicas relevantes en la transmisión de esta bacteria.

En uno de nuestros primeros estudios (Pathogens, 2020), observamos que *H. pylori* incrementa significativamente su ingreso en *C. albicans* bajo condiciones de pH ácido. Este hallazgo fue especialmente interesante porque, en paralelo, la bacteria pierde viabilidad cuando está libre en ese medio, mientras que las células de *Candida* mantienen su integridad. Usamos inmunofluorescencia, microscopía y PCR para confirmar la presencia intracelular de *H. pylori*, evidenciando que el pH bajo actúa como un estímulo para su internalización.

Posteriormente, en un trabajo publicado en *Biology* (2021), replicamos los ensayos en condiciones de carencia nutricional. Vimos nuevamente que el estrés ambiental promovía el ingreso bacteriano, lo que nos llevó a considerar a *Candida* como una posible “trinchera metabólica” para *H. pylori* en ambientes hostiles. Finalmente, en 2022, incorporamos la variable del oxígeno, comparando ambientes aeróbicos, microaerófilos y anaeróbicos. Los resultados fueron claros: la internalización fue más frecuente y estable en condiciones anaeróbicas, especialmente con cepas clínicas de *H. pylori* combinadas con *C. glabrata* y *C. albicans*.

En fases más recientes, hemos comenzado a trabajar con mutantes de *Candida albicans* deficientes de ergosterol, con el objetivo de entender cómo la composición de membrana fúngica afecta la entrada bacteriana. Nuestros resultados preliminares muestran que las cepas mutantes presentan una reducción significativa en la incorporación de *H. pylori*, lo que sugiere que el ergosterol podría ser clave en la dinámica de ingreso o anclaje de la bacteria a la célula de levadura. Esta línea promete abrir nuevas hipótesis sobre el papel de los lípidos de membrana en la simbiosis microbiana.

Keywords: *Candida*, Levaduras, *H. pylori*, intracelular

Financing: Proyecto Fondecyt regular código 1241988



Evaluación del potencial de bacterias aisladas de insectos como agentes de control biológico de enfermedades vegetales prevalentes en Colombia

Juan Posada¹, Sandra Marulanda¹, Claudia Moreno¹, Gloria Cadavid¹

(1) Universidad Nacional de Colombia, Microbiodiversidad y Bioprospección, Ciencias, Cra. 65 #59a-110, Medellín, Colombia

El crecimiento de la población mundial ha requerido la adopción de prácticas agrícolas cada vez más intensivas para satisfacer la creciente demanda de alimentos. Esto ha resultado en un mayor uso de fertilizantes y pesticidas químicos, los cuales incrementan el consumo de energía fósil, generan efectos adversos tanto para la salud humana y medioambiental, contribuyendo a la aparición de patógenos y plagas resistentes. El empleo de bacterias biocontroladoras para el manejo de enfermedades en plantas constituye una estrategia efectiva que contribuye a reducir la dependencia de pesticidas en la agricultura y a disminuir los costos de producción.

El presente estudio tuvo como objetivo la selección de bacterias con potencial antagónico frente a fitopatógenos responsables de enfermedades de alta prevalencia en los agroecosistemas colombianos. Para ello se emplearon bacterias aisladas de insectos caracterizadas en investigaciones previas. Estas cepas fueron sometidas a evaluaciones de capacidad antifúngica mediante técnicas confrontacionales frente a los patógenos *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense*, *Colletotrichum gloeosporioides* y *Diaporthe* sp. Se estimó la actividad inhibitoria de las bacterias frente a cada fitopatógeno calculando el índice de inhibición del crecimiento (IC). Las bacterias más competentes fueron seleccionadas para evaluación de sobrenadantes libre de células frente a los mismos patógenos. Se llevaron a cabo pruebas de capacidad antibacteriana contra *Ralstonia solanacearum* utilizando la metodología de difusión en placa. Los resultados se compararon mediante pruebas de ANOVA de una vía para determinar la significancia estadística de las diferencias observadas.

Se observó que las bacterias evaluadas demostraron actividad antagonista, destacándose los géneros *Bacillus* y *Staphylococcus*. Las cepas *Bacillus amyloliquefaciens*_CE1C4 y *Bacillus amyloliquefaciens*_T9H4 mostraron los mayores índices de inhibición del crecimiento ante los tres fitopatógenos analizados. Los sobrenadantes libres de células mantuvieron una actividad inhibitoria significativa confirmando su bioactividad en ensayos *in vitro*. No se detectó actividad antibacteriana contra *Ralstonia solanacearum* con la metodología empleada. En conclusión, las bacterias *B. amyloliquefaciens*_CE1C4 y *B. amyloliquefaciens*_T9H4 evidencian ser agentes promisorios de control biológico contra *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense*, *Colletotrichum gloeosporioides* y *Diaporthe* sp., por lo que podrían emplearse en estudios a mayor escala para validar su uso frente al manejo de enfermedades en los agroecosistemas colombianos.

Keywords: Control biológico, Antagonismo, *Bacillus*, Fitopatógenos

Financing: Proyecto Implementación de la estrategia para el desarrollo e innovación de bioproductos en la Orinoquía, departamentos de Arauca y CasanareBPIN 2023000100034



Una Amenaza Silenciosa: Implicaciones de *Lissachatina fulica* y *Angiostrongylus* spp. en la Salud Ambiental de Santiago de Cali-Colombia

RUBEN VARELA¹, Carlos Andres Aranaga¹

(1) Universidad Santiago de Cali, Facultad de Ciencias Basicas, Laboratorio de Parasitologia y Enfermedades Tropicales, Calle 5#66-00, Cali, Colombia

Introducción

La plaga del caracol gigante africano (*Lissachatina fulica*), se ha consolidado como un desafío significativo para la salud ambiental en Latinoamérica, debido a su difícil control poblacional. Su condición de hermafrodita y su alta capacidad de supervivencia le permiten reproducirse con rapidez y adaptarse incluso a condiciones adversas. Originario de África, este molusco terrestre ha colonizado progresivamente distintos territorios de América, ocasionando serias repercusiones ecológicas y sanitarias. Más allá de su apariencia, representa una amenaza para la estrategia One Health, la biodiversidad y la seguridad alimentaria. Un aspecto de especial es su papel como hospedador intermediario de parásitos del género *Angiostrongylus*, agentes responsables de enfermedades emergentes en humanos y animales.

Metodología

Se realizó un estudio en el distrito especial de Santiago de Cali, a partir de un muestreo en todas las comunas 22 comunas de Cali. Utilizando, técnicas moleculares como la qPCR múltiple para parásitos desarrollada y estandarizada en nuestro laboratorio y métodos estándares de malacología para la identificación de los caracoles, adicionalmente se realizaron pruebas moleculares para la identificación de haplotipos circulantes en la ciudad de Cali.

Resultados

Los datos indican que el caracol invadió eficientemente las 22 comunas de la ciudad, con un numero cercano a los 1000 caracoles por hectárea. En esta ciudad, se identificó por primera vez la presencia del parásito, *Angiostrongylus vasorum* en parques de la ciudad utilizando qPCR multiple y secuenciación (USC). En relación a los haplotipos se identificaron dos haplotipos genéticos circulando en la zona urbana de la ciudad, haplotipo C (11%) y D (89%)– Univalle.

Conclusiones

El caracol africano, es una plaga que invadió la ciudad de Santiago de Cali y su control efectivo está lejos de lograrse utilizando solo cuadrillas de control, por el contrario, hay un aumento de su población año a año. Este caracol, es portador de parásitos del género *Angiostrongylus*, lo cual puede alterar severamente, todo el ecosistema de la ciudad y generar un alto riesgo para los animales y personas de cohabitan el ecosistema. Se observa según los haplotipos circulantes que la ruta panamericana es la entrada mas probable de parásitos desde el Ecuador.



Keywords: Caracol Africano, Angiostrongylus, unica salud, invasor, qPCR

Financing: Esta investigación fue financiada por el sistema general de regalías (BPIN: 2020000100194) y la Universidad Santiago de Cali (Dirección General de Investigaciones-DGI) convocatoria: Participación de Profesores en evento científico- Proyecto de Investigación 2025 .

Acknowledgments: Agradecimientos, a la alcaldía de Cali- DAGMA, investigadores colaboradores y Universidad del Valle.



Evaluación Toxicológica Integral del Río Tahuando: Implicaciones Microbiológicas y Salud Pública en la Cuenca Alta Andina

Santiago Xavier Mafla Andrade¹, Diego Villegas¹, Moraima Mera¹, Diego Mejía¹, Paola Chávez¹

(1) Pontificia Universidad Católica del Ecuador sede Ibarra, Escuela de Ciencias Agropecuarias y Ambientales, Ingeniería Ambiental, Av. Jorge Guzmán Rueda y Av. Aurelio Espinosa Pólit. ciudadela «La Victoria», Ibarra, Ecuador

La evaluación toxicológica del río Tahuando se llevó a cabo considerando siete puntos a lo largo de su recorrido urbano y rural, con ensayos realizados en los laboratorios de la Escuela de Ciencias Agrícolas y Ambientales (ECAA) en julio de 2023. El estudio tuvo como objetivo principal evaluar las características fisicoquímicas del agua, la concentración de aceites y grasas mediante el método APHA 5520-B, y realizar análisis biológicos para determinar la toxicidad del agua utilizando lechuga (*Lactuca sativa* L.), coliformes y una prueba EBPI.

Se determinó que los niveles de contaminación aumentan debido a factores meteorológicos y la actividad antrópica. El análisis de aceites y grasas reveló que estos no superan los parámetros permisibles, con valores máximos de 0.24 mg/L y 0.22 mg/L en los puntos 6 y 7, respectivamente. La germinación de lechuga mostró un Índice de Elongación Normalizado con baja toxicidad en el punto 5. En cuanto a la microbiota, se identificó que las condiciones son potencialmente tóxicas en los puntos 2, 6 y 7, con valores que superan la Concentración Mínima Inhibitoria (MIC) del 20%, según el equipo Toxi-ChromoTest y espectrofotometría.

Los niveles de pH mostraron una tendencia a volverse básicos (de 7.72 en el punto inicial a 8.14 en el final), la conductividad eléctrica aumentó significativamente (de 137.6 μ S/cm en el punto inicial a 669 μ S/cm en el final), y el oxígeno disuelto se mantuvo por encima del 80%. Se concluye que diversos factores antrópicos o naturales representan un riesgo para la microbiota y la conservación del río Tahuando. Estos riesgos agravan la crisis social de acceso al agua potable, el cambio climático y la gestión de residuos.

Keywords: Toxicidad, Río Tahuando, Aceites y grasas, Microbiota, Contaminación

Financing: Agradezco a la Pontificia Universidad Católica del Ecuador Ibarra (PUCE-SI) por la financiación de esta investigación.

Acknowledgments: Extiendo mi gratitud a los docentes de la ECAA y a Francisco gracias por tu trabajo.



Bacteriophages isolated from *Staphylococcus aureus* for the potential treatment of bovine mastitis.

Dacil Rivera¹, Rodrigo Martinez²

(1) Universidad de Las Américas, Facultad de Veterinaria y Agronomía, Av. Walker Martínez 1360, +56944594537, Chile

(2) Laboratorio de Genómica y Resistencia Microbiana (GeRM), Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina, Av. Las Condes 12461, 7590943. Las Condes, Santiago, Chile

Context: Bovine mastitis is one of the leading causes of economic loss in dairy production and a major driver of antimicrobial use, particularly in cases of persistent infections caused by *Staphylococcus aureus*.

Objective: This study aimed to evaluate the potential of lytic bacteriophages (phages) as alternative control agents. Four phages were isolated from environmental samples (water, fecal material, raw milk) collected from dairy farms in central Chile, using bovine *S. aureus* strains obtained from the same farms as hosts.

Methodology: Four phages were selected and purified. Transmission electron microscopy was used to determine their morphology, and their lytic spectrum was assessed against a panel of 15 clinical bovine *S. aureus* isolates using spot-test assays. The selected phages were sequenced using Illumina technology and assembled with SPAdes. Genomic analysis was performed to verify their suitability for phage therapy, ensuring a strictly lytic cycle and the absence of genes associated with resistance or virulence.

Results: All four phages exhibited isometric capsids with contractile tails, consistent with the morphotype myovirus. Genomic analysis confirmed a strictly lytic lifestyle, with no integrase, antimicrobial resistance, or virulence genes detected. The lytic spectrum ranged from 60% to 80% of the tested *S. aureus* strains.

Projection: Future work will focus on evaluating phage stability under physicochemical conditions relevant to mammary gland application (pH, temperature, raw milk), and testing their efficacy in an in vitro raw milk model. Additionally, a phage cocktail will be developed based on the complementary lytic profiles, alongside characterization of bacterial growth kinetics in the presence of selected phages.

These results support the potential use of the isolated phages as a foundation for developing a bioproduct for the prevention or treatment of bovine mastitis, contributing to rational antimicrobial use and the sustainability of dairy production.

Keywords: *S. aureus*-bacteriophage, mastitis-bacteriophages, biocontrol mastitis

Financing: Internal project funded by Universidad de Las Américas (UDI-IN-2023-07) and logistical support from collaborating dairy farms in the O'Higgins Region

Acknowledgments: Laboratorio de Genómica y Resistencia Microbiana (GeRM) Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), de la Universidad del Desarrollo



Resistencia a los antimicrobianos, formación de biofilm y genes de virulencia en especies de *Enterococcus* aisladas de aves de corral en Chile

Leandro Antonio Cadiz Nuñez¹, Paulina Torres², Fernando Navarrete², Hector Hidalgo²

(1) Universidad de Las Américas, Núcleo de Investigación en One Health, Medicina Veterinaria y Agronomía, 5 de abril 620 Maipú, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Santa Rosa 11735 La Pintana, Santiago, Chile

Introducción.

Los *Enterococcus* son cocos Gram positivos parte de la microbiota intestinal de humanos, animales y aves de corral. Las principales especies de *Enterococcus* asociadas con enfermedades en aves de corral como infección de saco vitelino, necrosis de cabeza femoral y osteomielitis vertebral son *E. cecorum*, *E. faecalis* y *E. faecium*. Caracterizar especies patógenas de *Enterococcus* permitirá adoptar medidas adecuadas de bioseguridad, tratar adecuadamente las enfermedades y desarrollar terapias preventivas eficientes.

Material y métodos.

Se analizaron 50 diferentes especies de *Enterococcus* obtenidas de diversos cuadros infecciosos en aves de corral. Se determinó el nivel de especie mediante pruebas bioquímicas y se confirmó el género bacteriano mediante PCR. Se determinó mediante PCR la presencia de genes de virulencia y resistencia antibiótica, así como la resistencia antibiótica fenotípica mediante CIM. Se determinó la capacidad de las diferentes especies de *Enterococcus* para formar biofilm y la actividad citolisina.

Resultados

De las 50 especies de *Enterococcus* analizadas un 70% corresponden a *Enterococcus faecalis* (35/50), 12% *Enterococcus faecium* (6/50), 8% *Enterococcus durans* (4/50), 4% *Enterococcus avium* (2/50), 2% *Enterococcus gallinarum* (1/50), 2% *Enterococcus cecorum* (1/50), y 2% *Enterococcus hirae* (1/50). Respecto a la resistencia genotípica se determinó resistencia a linezolid, eritromicina y tetraciclina, mientras que se determinó resistencia fenotípica a vancomicina, eritromicina y tetraciclina. Respecto a la capacidad de formar biofilm esta fue débil y moderada en 74% y 26% de las cepas respectivamente. Respecto a la actividad citolisina las cepas analizadas presentan una hemólisis α (42,5%), β (5%) y γ (52,5%). Los genes de virulencia más frecuentemente identificados son el gen *asa1* (sustancia agregativa) (100%), *gelE* (gelatinasa) (92,6%) y *cylA* (citolisina) (59,3%).

Conclusiones

Las aves de corral sufren una gran variedad de infecciones asociadas a los *Enterococcus*. Estas especies portan genes de virulencia y resistencia, los cuales podrían ser transmitidos entre *Enterococcus* como también hacia otras especies. Además, la mayoría de las especies de *Enterococcus* analizadas presentan multirresistencia a



los antibióticos, tanto genotípica como fenotípicamente, dificultando las opciones terapéuticas. Todas las especies analizadas tienen la capacidad de formar biofilm, limitando el control de este agente mediante higiene y sanitización.

Keywords: Enterococcus, Aves de corral, virulencia, biofilm, resistencia antibiótica

Financing: Laboratorio de Patología Aviar



Encapsulación de quitinasas de *Trichoderma harzianum* Th180 con actividad de control biológico de insectos plaga

Sandra Milena Barrios Candil¹, Fredy Mauricio Cruz Barrera¹, Gloria Patricia Barrera Cubillos³, Cindy Nayibe Mejía Maldonado³, Laura Fernanda Villamizar Rivero²

(1) Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia, Departamento de Bioproductos, Km 14 vía Mosquera, Bogotá, Colombia

(2) Agresearch, Lincoln, Nueva Zelanda

(3) Corporación de Investigación Agropecuaria – Agrosavia, Control biológico, Km 14 Vía Mosquera, Mosquera, Colombia

La necesidad de soluciones innovadoras en el control biológico de insectos plaga ha impulsado el desarrollo de estrategias orientadas a mejorar la eficacia de los bioplaguicidas formulados con hongos entomopatógenos. En este contexto, las enzimas, consideradas factores clave de virulencia en diversos microorganismos, desempeñan un papel fundamental al potenciar la acción insecticida. Sin embargo, la quitinasa de *Trichoderma harzianum* Th180 requiere protección para evitar su desnaturalización. Por ello, en este trabajo se empleó una estrategia de formulación basada en la encapsulación, técnica que consiste en confinar la enzima dentro de una matriz protectora para conferirle mayor estabilidad frente a condiciones ambientales adversas.

Para la inmovilización de la enzima se empleó la estrategia de gelificación iónica, evaluando inicialmente el potencial de dos soportes (Sp-B y Sp-Z) mediante un método de secado estacional a 25°C. Con este enfoque, se lograron rendimientos de encapsulación de hasta un 87,9% en estado húmedo y un 18,64% en estado seco. Dado que el objetivo es lograr una aplicación foliar, se implementaron estrategias orientadas a favorecer la desintegración de las cápsulas, obteniéndose tiempos de desintegración de aproximadamente 15 minutos en solución desintegrante. Además, se logró un porcentaje de dispersabilidad superior al 75% y un rendimiento de producción del 100%. Tras los ajustes en la formulación, se pesaron dos gramos de cápsulas en solución desintegrante y se evaluó la actividad enzimática como se lograron rendimientos de encapsulación de 100 % en estado húmedo y 16,7 % en cápsulas secas

A pesar de la reducción de la actividad enzimática observada en el estado seco, los ajustes realizados en la formulación lograron una mayor inmovilización de enzima en comparación con la evaluación inicial. Sin embargo, en el estado seco, la actividad enzimática continuó disminuyendo. Por lo tanto, es esencial seguir optimizando la formulación para reducir la pérdida de enzima durante el proceso de secado. Esta estrategia resulta prometedora para mantener la actividad enzimática y garantizar que el producto pueda conservarse en condiciones de almacenamiento, como en anaquel.
Keywords: Gelificación iónica, Inmovilización enzimática, estrategias de formulación, Rendimiento

Financing: Ministerio de Ciencia, tecnología e innovación (Minciencias) a través del



Fondo de Ciencia, Tecnología e Innovación (FCTel) del SGR.

Acknowledgments: Se agradece al Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación por la financiación del proyecto, y a la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA por permitir y apoyar la ejecución de las actividades de investigación desarrolladas.



VIABILIDAD DE *Cryptosporidium* spp, *Giardia* sp Y *Cyclospora* cayetanensis EN MUESTRAS DE AGUA DEL RÍO QUINDÍO, COLOMBIA

Fabiana María Lora Suarez¹

(1) Universidad del Quindío, Laboratorio de Parasitología- Universidad del Quindío, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Cra 15 Calle 12 Norte Avenida Centenario, Armenia-Quindío, Colombia

El agua es uno de los recursos básicos importantes para el desarrollo y el funcionamiento de todo sistema vivo, sin embargo, también cumple un papel importante como vehículo transportador de enfermedades infecciosas; dentro de los organismos causales de estas enfermedades se encuentran los protozoos parásitos como *Cryptosporidium*, *Giardia*, *Cyclospora*, *Entamoeba*, *Blastocystis*, de interés en salud pública por la generación de brotes en humanos. Por dicho motivo se planteó identificar formas resistentes viables de *Cryptosporidium* spp., *Giardia* sp. y *Cyclospora* cayetanensis en la cuenca de abastecimiento de la ciudad de Armenia. Para ello se tomaron muestras mensuales de 10 L durante un periodo de 6 meses, registrando variables físico-químicas y biológicas, se identificó la viabilidad de *Cryptosporidium* spp. y *Giardia* sp., mediante inmunofluorescencia indirecta, y la viabilidad de *C. cayetanensis* mediante dicromato de potasio. Con el fin de correlacionar la presencia de las formas viables con las variables físico-químicas y biológicas tomadas, a través de un análisis multivariado se encontró que durante el periodo de muestreo se obtuvo una presencia del 52 % de ooquistes viables de *Cryptosporidium* spp., 48 % quistes viables de *Giardia* sp. 7 % de formas viables de *Cyclospora* cayetanensis, adicionalmente se obtuvo que solo la turbidez tuvo correlación con la presencia de ooquistes de *Cryptosporidium* spp. justificado por un p-valor de 0.023 ($p > 0.05$), concluyendo que en muestras ambientales de agua y basados en los métodos empleados se pueden detectar formas resistentes viables de protozoos parásitos de interés en salud pública.

Keywords: cysts, resistant forms, oocysts, turbidity, variables



AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BATERIAS ÁCIDO LÁCTICAS, DESDE SISTEMA GASTROINTESTINAL DE TRUCHA AIRCOIRIS, PARA SU USO EN ACUICULTURA COMO PROBIÓTICOS

Catalina Carrasco-Guñez¹, Felipe Contreras¹, Jorge Toledo², Apolinaria García¹, Victor Campos¹

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Av. Chacabuco 1363, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Fisiopatología, Ciencias Biológicas, Av. Chacabuco 1363, Concepción, Chile

La salmonicultura es una industria de creciente debido a la valoración de la proteína de pescado. Aunque la intensificación productiva conlleva desafíos importantes, siendo los brotes de enfermedades parasitarias, bacterianas y virales uno de los principales problemas, porque afectan la producción, generan pérdidas económicas y deterioran el bienestar de los peces. Sumado al estrés ocasionado por la alta densidad en jaulas, que compromete el crecimiento y sistema inmune de los animales, incrementando la susceptibilidad a infecciones. El manejo de enfermedades es el uso de antibióticos, práctica que, aunque efectiva a corto plazo, conlleva resistencia antimicrobiana y efectos adversos en el medio ambiente. Frente a esta situación, se vuelve necesario el desarrollo de alternativas sostenibles y seguras, donde los probióticos han surgido como una opción prometedora. Estos, definidos como suplementos microbianos vivos que confieren beneficios fisiológicos al huésped, pueden fortalecer la inmunidad, competir con patógenos y modular positivamente la microbiota intestinal. El objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar una cepa láctica del sistema gastrointestinal de trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) para evaluar su potencial aplicación como probiótico en acuicultura. Mediante diluciones seriadas y cultivo en medio MRS se aislaron 35 cepas, de las cuales cinco mostraron características deseables: ausencia de actividad hemolítica, susceptibilidad segura a antibióticos, tolerancia a pH ácido y sales biliares, así como actividad antimicrobiana. Entre ellas, la cepa Bg-4 fue seleccionada para ensayos adicionales. Se determinó que presentaba morfología de bacilos Gram positivos, catalasa y oxidasa negativas, con propiedades de hidrofobicidad de superficie y resistencia a condiciones gastrointestinales. La cepa Bg-4 fue evaluada en líneas celulares HT-29 para ensayos de adherencia epitelial y citotoxicidad mediante MTT, así como en la línea SHK-1 para analizar la expresión de citoquinas por RT-qPCR tras estímulo con LPS. Los resultados evidenciaron buena capacidad de adherencia, ausencia de efectos citotóxicos y modulación favorable de la respuesta inmune, con regulación de genes asociados a inflamación y control homeostático. Bg-4 demostró características prometedoras como probiótico candidato en peces, ofreciendo una alternativa sostenible que podría contribuir a la salud y resistencia de los organismos en cultivo, con potencial de implementación práctica y reducido impacto ambiental.

Keywords: Microbiota Intestinal, Probióticos, Acuicultura, Inmunología, Sustentabilidad

Financing: ID23I10374, nombre: 'Urtica Magellanica: Los beneficios de la ortiga chilena



para industria acuícola' financiamiento: FONDEF.

Acknowledgments: Laboratorios de Microbiología Ambiental, Patogenicidad Bacteriana, Fisiopatología e Inmunovirología, de la Universidad de Concepción. (Estudiantes, profesores y funcionarios)



In vitro antagonistic activity of different bacterial isolates against *Colletotrichum* species

Caio Eduardo Trevizan¹, Mariana Nadjara Klein¹

(1) Federal University of São Carlos, Center For Agricultural Scienses, Microbiology, Rod. Anhanguera km 174 - SP-330, Araras - SP, Brazil

The aim of this study was to evaluate the in vitro antagonistic action of bacterial isolates on species of the phytopathogen *Colletotrichum*. To this end, 26 isolates of different species of bacteria were used in relation to the antagonistic action of the bacteria on the different isolates of *Colletotrichum* (*C. truncatum* CMAA1637, *C. graminicola* CMAA1758, *C. gloeosporioides* CMAA1490, *C. acutatum*), the respective causal agents anthracnose of soybeans, corn, post-harvest and flower rot. The phytopathogens were grown on PDA (potato dextrose agar) medium, and the bacteria on TSA (tryptone soy agar) medium. Activity was assessed using the direct culture pairing test using PDA medium in order to favor the growth of the phytopathogen. The cultures were stored in a BOD at 27 °C for 5 days. The evaluation was carried out by measuring mycelial growth in two perpendicular directions, and the result was expressed as the percentage decrease in mycelial development according to the control, consisting only of the phytopathogen. The isolates that showed control equal to or greater than 60% were: for *C. truncatum* it was *Bacillus velezensis* CBMAI2812; for *C. graminicola* it was *B. velezensis* CBMAI2812, *Serratia marcescens* CCT1892 and *Streptomyces hilarionis* CBMAI2674; for *C. gloeosporioides* it was *B. velezensis* CBMAI2812 and *S. marcescens* CCT1892; and finally for *C. acutatum* only *B. velezensis* CBMAI2812. Thus, it can be concluded that the isolate *Bacillus velezensis* CBMAI2812 stood out for its broad spectrum of antagonism against different species of *Colletotrichum*, showing promising potential for the development of biological strategies to control anthracnose in various crops. The other isolates also showed selectivity and efficacy against specific targets, reinforcing the importance of screening microorganisms with targeted action in the integrated management of agricultural diseases.

Keywords: Anthracnose, Bacteria, Biofuncides, Biological Control



Environmental Isolation of Lytic Phages Against Reference and Multidrug-Resistant Strains of *Pseudomonas aeruginosa*

Claudia Reyes Gutiérrez^{1,2}, Francisco Sánchez¹, Yohanna Peña¹, Meg Clase¹, Oscar Cárdenas², Henry Petit¹, Rommel Ramos²

(1) Universidad Tecnológica de Santiago (UTESA), Investigación, Ciencias de la Salud, Ave. Máximo Gómez Esq. José Contreras Santo Domingo. República, Santo Domingo, Republica Dominicana

(2) Universidad Federal de Pará, Institute of Biological Sciences,, Biotecnología, R. Augusto Corrêa, 01 - Guamá, Belém - PA, 66075-110, Brasil, Belem, Brazil

Pseudomonas aeruginosa is an opportunistic pathogen responsible for a significant proportion of healthcare-associated infections. Its increasing resistance to antibiotics has made both treatment and infection control increasingly challenging. This growing threat has intensified the search for alternative therapeutic strategies, among which phage therapy has re-emerged as a promising approach, showing notable success in cases such as chronic otitis caused by resistant *P. aeruginosa* strains.

This study aimed to isolate and characterize lytic bacteriophages targeting *P. aeruginosa* ATCC 27853 and multidrug-resistant clinical isolates. Environmental samples were collected from various water sources—including streams, rivers, and lakes—and double-layer agar plaque assays were performed using selective *Pseudomonas* media to detect phage lytic activity. Viral isolates were concentrated, purified, and filtered from lysis plaques over five consecutive days to ensure homogeneous phage preparations. To date, eight lytic phages have shown activity against the reference strain ATCC 27853. These phages were then tested against a clinically isolated pan-resistant *P. aeruginosa* strain, with four demonstrating lytic activity. Whole-genome sequencing will be conducted to confirm their identity and assess their therapeutic potential. The long-term goal is to establish a national phage bank containing species-specific phages for the treatment of multidrug-resistant bacterial infections.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, lytic bacteriophages, phage therapy, antimicrobial resistance, Dominican Rep

Financing: Funded by the National Fund for Innovation and Scientific and Technological Development (FONDOCYT) of the Ministry of Higher Education, Science and Technology (MESCyT) under code # 2022-2A1-202.

Acknowledgments: A la Universidad Tecnológica De Santiago (UTESA), Universidad Federal de Para, Brasil (UFPA) y al Fondo Nacional de Innovación y Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDOCYT) del Ministerio de Educación Superior de Ciencia y Tecnología (MESCyT)



Development of innovative diagnostics and therapeutic approaches for viral diseases with local and regional relevance

Iara Scialfa^{1,3}, Mercedes Pastorini^{1,3}, Milagros Simari^{1,3}, Elena Britos¹, Ornella Flores¹, Malena Alfonso¹, Agustín Gracia¹, Gebhard Leopoldo¹, Gabriel Iglesias^{1,2,3}, Mario Lozano^{1,3}, María José Lapponi^{1,3}, Sandra Goñi¹

(1) Universidad Nacional de Quilmes, Laboratorio de Virus Emergentes, Instituto de Microbiología Básica y Aplicada (IMBA, CICPBA), Departamento de Ciencia y Tecnología, Roque Sáenz Peña 352, Bernal, Argentina

(2) Universidad Nacional de Hurlingham, Laboratorio de Virología Molecular, Instituto de Biotecnología, Av. Vergara 2222, Villa Tesei, Hurlingham, Argentina

(3) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

The laboratory research lines comprises the development of molecular tools that provide innovative serological and molecular diagnosis strategies and new therapeutic approaches for the treatment of viral diseases. Considering the importance of reference antigens as essential markers for serological tool development for diagnosis and epidemiological surveillance, we expressed full length proteins and identified specific epitopes for engineering recombinant protein variants optimized for detection. Our work includes NS1 and NS5 for Flaviviruses (DENV, YFV, SLEV, WNV, ZIKV); E2 for Alphaviruses (MAYV, CHIKV); VP1 for human parvovirus B19; and L1 for HPV. Up to now we were able to obtain several recombinant proteins in bacterial systems, fused to an histidine tag (HT), with good expression levels. Besides, the HT-NS1SLEV and HT-NS1WNV proteins were used to inoculate mice and evaluate the humoral response. The polyclonal antibodies obtained recognized the complete and epitope version HT-NS1EpSLEV with differential reactivity, although less efficiently for the short version.

Regarding molecular diagnosis, through interdisciplinary collaboration, we designed and optimized multiplex qPCR assays allowing sensitive and specific detection. These include panels for encephalitic Alphaviruses (WEEV, VEEV, EEV), arthralgic Alphaviruses (MAYV, CHIKV) and HPV high risk variants. Additionally, during the COVID-19 pandemic, our research extended to wastewater surveillance and characterization of circulating genotypic variants.

Finally, in the therapeutic area our research focuses on exploring virus-like particles (VLPs) as a novel approach for treating T-cell leukemias and lymphomas using superantigens, which are molecules that can stimulate B or T lymphocytes through unconventional interactions. Three distinct expression systems were tested, including eukaryotic cells and bacteriophage-based systems. Another cell line involves exploring the interplay between NS1 protein and neutrophils inflammatory functions and the assessment of inhibitors of these responses in order to explore new therapeutics for inflammation control in the course of these infections obtaining promising results with the inhibitors tested. The development of local diagnostic tools and kits represents a crucial area of work in our countries, for strengthening the strategies of diagnosis and epidemiological surveillance of regional and relevant viral diseases. Beside, establishing collaborations



with Public Health reference allows the accelerating translational research, optimizing resources, informing policies and fostering interdisciplinary innovation.

Keywords: molecular diagnosis, arbovirus, Virus-like Particles, Multiplex qPCR, Epidemiological Surveillance

Acknowledgments: We would like to acknowledge CYTED for supporting different networks since 2005, and different organisms of BA province CIC PBA, IPC PBA and Ministry of Production, Science and Technological Innovation.



Expresión heteróloga y secreción optimizada de proteínas dulces recombinantes en *Bacillus subtilis* selección racional de péptidos señal

Camila Santos¹, Felipe Arenas¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Biología, Química y Biología, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Santiago, Chile

El aumento sostenido de la población que padece enfermedades metabólicas asociadas al consumo excesivo de azúcares ha impulsado el desarrollo de edulcorantes alternativos. Actualmente se comercializan varios ejemplares artificiales entre los cuales se encuentran el aspartamo, el acesulfamo de potasio y la sucralosa; no obstante, la inocuidad de su uso a largo plazo no está garantizada y se ha reportado en la literatura que su consumo se asocia con una mayor probabilidad de sufrir accidentes cardiovasculares y enfermedad coronaria. En cambio, las proteínas dulces de origen vegetal como Brazzeína y Taumatina, que tienen una carga calórica despreciable y un perfil sensorial dos mil veces más intenso, parecen ser una opción más segura. Sin embargo, su producción directa desde las plantas nativas africanas es limitada debido a los bajos rendimientos obtenidos y dificultades en el cultivo. Por esta razón, se ha explorado su expresión en distintos sistemas heterólogos como levaduras, plantas transgénicas, roedores y bacterias. Sin embargo, la secreción al medio extracelular y la escalabilidad del proceso aún no han sido resueltas en su totalidad. En este estudio se optimizó una cepa de *Bacillus subtilis*, que es un organismo generalmente reconocido como seguro (GRAS), ha sido ampliamente estudiado y utilizado en la expresión de proteínas recombinantes debido a que existen diversas herramientas de ingeniería genética a disposición. Se construyeron vectores de expresión basados en pBE-S con las secuencias de Brazzeína y Taumatina optimizadas para *B. subtilis*, probando una batería de 173 secuencias de péptidos señal. Se comparó la expresión y secreción de los clones obtenidos por SDS-PAGE, Western blot y ELISA, seleccionándose 10 ejemplares. Los plásmidos de estos clones se secuenciaron mediante Oxford Nanopore Technologies (ONT) identificándose la naturaleza de los péptidos señales más eficientes. Este enfoque permitirá avanzar hacia una alternativa biotecnológica viable para la obtención de edulcorantes proteicos naturales, con potencial aplicación industrial en la formulación de alimentos más saludables.

Keywords: *Bacillus subtilis*, Brazzeína, Taumatina, Proteínas dulces, Péptidos señal

Financing: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto FONDECYT Regular 1230724



Microbiological Changes in Individuals with Cystic Fibrosis Using the CFTR Modulator Elexacaftor/Tezacaftor/Ivacaftor: Preliminary Data from a Longitudinal Cohort

Heloisa da Silva Rosa¹, Eduardo Henriques Alves Braule Pinto¹, Tatiane de Souza Xavier¹, Jade Coelho Selles Colomer¹, Elizabeth Ribeiro Rabelo¹, Felipe Reis de Alexandria Simão¹, Raphael Freitas Jaber de Oliveira¹, Robson de Souza Leão¹, Elizabeth de Andrade Marques¹

(1) State University of Rio de Janeiro, Microbiology, Immunology and Parasitology, School of Medical Sciences, Av. 28 de Setembro, 87. 3rd floor. Vila Isabel. Postal Code: 20551-030, Rio de Janeiro, Brazil

Cystic fibrosis (CF) is a multisystemic genetic disease. Treatment with CFTR modulators, such as elexacaftor-tezacaftor-ivacaftor (ETI), represents a therapeutic milestone, leading to significant clinical improvements. However, the effects of this therapy on chronic infections caused by *Pseudomonas aeruginosa* and the *Burkholderia cepacia* complex (Bcc) are not yet fully understood. Given this gap, this study aims to analyze changes in the microbiological profile of adult individuals with CF. This is a longitudinal, retrospective, and prospective study that evaluated cultures one year before and for at least seven months after the initiation of ETI in individuals chronically colonized by *P. aeruginosa* and/or Bcc, monitored at a reference center in Rio de Janeiro. A total of 21 individuals were included, with a mean age of 31.4 ± 7.6 years and an average treatment duration with ETI of 11.7 ± 3.7 months. Eighteen individuals were chronically colonized by *P. aeruginosa*. Nine were unable to provide samples for microbiological follow-up due to sputum unproductiveness, and nine continued in the post-ETI microbiological analyses. Among these, two had negative cultures after treatment, five maintained persistent colonization by *P. aeruginosa*, and two showed changes in their microbiological profile, presenting positive cultures for *Staphylococcus aureus*. Four individuals had chronic colonization by Bcc. Two did not continue in the analyses due to sputum unproductiveness, and one had simultaneous colonization by *P. aeruginosa* and Bcc. Among the individuals who were followed, one maintained Bcc colonization, while the other exhibited a change in the microbiological profile, with positive cultures for *Haemophilus influenzae*. ETI therapy showed variable effects on chronic colonization by *P. aeruginosa* and Bcc. The difficulty in collecting sputum limited follow-up, highlighting the importance of continuous monitoring to evaluate response and optimize treatment.

Keywords: Cystic fibrosis, CFTR modulators, Elexacaftor-Tezacaftor-Ivacaftor, *Pseudomonas aeruginosa*, *Burkholderia cepacia* complex

Financing: This work was supported by the Brazilian Federal Agency for Support and Evaluation of Graduate Education (CAPES).

Acknowledgments: This work was supported by the Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel (CAPES) and by the team of the Cystic Fibrosis Microbiology Laboratory (LabMiFC).



Caracterización de bacterias ácido-lácticas potencialmente probióticas provenientes de muestras de hisopado rectal de perros (*Canis lupus familiaris*): Un estudio exploratorio

Nhur-Aischa Zegpi Delgado¹, Héctor Valdebenito-Navarrete¹, Apolinaria García-Cancino¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Avenida Chacabuco 1363, Concepción, Chile

Introducción:

Los probióticos se definen como microorganismos vivos que administrados en cantidades adecuadas aportan un beneficio a la salud del consumidor. Las bacterias ácido-lácticas (BAL), microorganismos que se ven normalmente en el tracto gastrointestinal y otros tejidos tanto de humanos como de animales, pueden cumplir con las características funcionales, de inocuidad y tecnológicas para ser considerados como probióticos. En perros, el hisopado rectal resulta alternativa viable para el screening de BAL potencialmente probióticas, microorganismos que a futuro podrían servir como alternativa terapéutica para una variedad de enfermedades.

Metodología:

Se obtuvieron muestras de hisopados rectales de perros (*Canis lupus familiaris*) de Concepción, Chile, mediante el uso de tómulas estériles de algodón con medio de transporte Stuart, estas fueron almacenadas a 4°C hasta su procesamiento en el laboratorio no posterior a 24 horas. Las muestras fueron sembradas en agar MRS, un medio selectivo para BAL. Se seleccionaron colonias por sus características macroscópicas hasta obtener cultivos axénicos y se caracterizaron mediante tinción de Gram y pruebas de catalasa y oxidasa. Se almacenaron en un cepario con caldo MRS y glicerol al 20% aquellas muestras Gram positivas, catalasa y oxidasa negativas.

Resultados:

Se aislaron un total de 21 cepas de BAL catalasa y oxidasa negativas, todas positivas a la tinción de Gram, se formas variables (cocoides o bacilares), distribuidas individualmente, en cadenas y sin agrupación, cepas con características coincidentes con las de BAL probióticas.

Discusión:

La búsqueda de probióticos en nichos animales es una alternativa que cada vez va ganando más importancia, debido a la correlación entre el origen de los probióticos y su adaptación al organismo en donde será administrado, asociado a una colonización más eficiente. En perros, el hisopado rectal es una opción para el screening de potenciales probióticos, microorganismos que pueden conferir beneficios en una serie de patologías.

Conclusiones:

Se aislaron 21 cepas de bacterias ácido-lácticas, potencialmente probióticas, a partir de muestras de heces y tejido rectal de perros en Concepción, Chile.



***Proyecciones:**

Se realizarán análisis para determinar las características funcionales, de inocuidad y tecnológicas de las cepas, para determinar su potencial probiótico.

Keywords: Probióticos, Tinción de Gram, Bacterias ácido-lácticas, Perros

Financing: Este proyecto se encuentra financiado por el Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción



Comparative evaluation of Sybr Green qPCR and TaqMan in the detection of congenital syphilis.

Claudia Andrea Cruz Baquero¹, Gino Nicolas Algarra Tavera¹, Sharon H. Ochoa Ramírez⁴, Andrea Marisol Moreno González¹, Paola Andrea Santos Ruiz², Addy Cecilia Helguera Repetto³

(1) Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bacteriología y Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias de la Salud, Grupo de Investigación REMA, Cra. 5 #28-85, Bogotá, Colombia

(2) Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Maestría en Microbiología, Facultad de Ciencias de la Salud, Cra. 5 #28-85, Bogotá, Bogotá, Colombia

(3) Instituto Nacional de Perinatología Isidro Espinosa de los Reyes (INPer), Departamento de Inmunobioquímica, Dirección de Investigaciones, C. Montes Urales 800, Lomas - Virreyes, Lomas de Chapultepec IV Secc, Miguel Hidalgo, Ciudad de México, México

(4) Subred Integrada de Servicios de Salud Sur E.S.E, Laboratorio Clínico USS TUNAL, CR 20 47B-35 SUR., Bogotá, Colombia

Congenital syphilis (CS), caused by *Treponema pallidum*, presents a significant public health threat in Colombia due to its potential neonatal complications. Conventional diagnosis is based on non-treponemal and treponemal tests, the efficacy of which is limited by low specificity and possible interference by maternal antibodies transferred to the neonate. In this context, the present study evaluated the efficacy and sensitivity of two molecular biology techniques (SYBR Green qPCR and qPCR with a TaqMan probe) for the detection of CS, using the *poA* and *TpN47* genes of *T. pallidum*. An efficiency of 116.5% was obtained for Sybr Green and 168.65% for TaqMan, using standard curves and analysis of 30 neonatal samples, with sensitivities of 1000 fg/ μ L and 0.01 fg/ μ L, respectively. Both tests were able to detect the pathogen, with the TaqMan probe technique standing out due in part to its higher analytical sensitivity. These findings support the potential of molecular techniques to improve congenital syphilis diagnosis and contribute to the development of more accurate and reliable clinical protocols.

Keywords: Sífilis congénita, *Treponema pallidum*, qPCR, Sensibilidad diagnóstica, TaqMan

Financing: Acuerdo 092 de 2023 Subdirección de Investigación, Innovación y Desarrollo, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca.



Ecoepidemiology of leishmaniasis in the department of Valle, Honduras, under a “One Health” approach: Preliminary results

Zoila Estela Guevara Gutierrez¹, Elisa Alcántara-Henríquez², Joel Garcia², Hugo O. Valdivia³, Juan F. Sanchez³, Adalid Palma⁴, Gissella M. Vasquez⁵, Cristina Rivera⁶, Marcia D. Laurenti⁷, Wilfredo Sosa-Ochoa²

(1) Maestría en Enfermedades Infecciosas y Zoonóticas, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras.

(2) Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Instituto de Investigaciones en Microbiología, Facultad de Ciencias, Tegucigalpa, Francisco Morazán, Honduras, Tegucigalpa, Honduras

(3) U.S. Naval Medical Research Unit SOUTH (NAMRU SOUTH), Department of Parasitology, Bellavista 07006, Peru., Bellavista, Peru

(4) Culmen International, LLC, Alexandria, VA 22314, Alexandria, USA

(5) U.S. Naval Medical Research Unit SOUTH (NAMRU SOUTH), Department of Entomology, Bellavista 07006, Peru, Bellavista, Peru

(6) Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Tegucigalpa 11101, Tegucigalpa, Honduras

(7) Medical School, São Paulo University, Department of Pathology, São Paulo University, São Paulo 01246-903, São Paulo, Brazil

Introduction: *Leishmania infantum chagasi* is the etiologic agent of human and canine visceral leishmaniasis and non-ulcerated cutaneous leishmaniasis in Honduras. The purpose of our study is to describe the ecoepidemiology of leishmaniasis in the department of Valle, southern Honduras, using a “One Health” approach. **Methodology:** Active surveillance was conducted for human cases with clinical suspicion of non-ulcerated cutaneous leishmaniasis were identified and a skin scraping and venous blood collection was performed. All dogs living in homes with suspected cases were clinically evaluated, and 5 ml of venous blood were collected to determine *Leishmania* infection through serological and molecular tests. CDC light traps were used to collect sand flies from 5:00 PM to 6:00 AM in peri- and intra-domiciliary environments. Sand fly Taxonomic identification was performed using Galati's keys, the mitochondrial marker 12S rRNA was used to determine blood meal source and *Leishmania* infection detected by molecular tests. **Results:** A total of 16 human skin scrapings, 18 canine samples, and 947 *Lutzomyia* spp. sand flies were collected. Human skin scraping samples were positive to *Leishmania* spp. by microscopy (100%) and by kDNA-PCR (100%). Additionally, five specimens were positive by ITS1 (31.2%). Of the 18 canine blood samples, 3 (16.7%) were positive by the DDP® CVL serological test that combines two antigens (K26/K39), whereas 11 (61.1%) were positive by PCR-kDNA-PCR. Sand flies collected were predominantly males (571 specimens, 60.3%), and *Lutzomyia* (Lu.) *longipalpis* was the most abundant species (72.7%), followed by *Pintomyia* (Pif.) *evansi* (10.3%). A total of 39 (38.2%) out of 102 non-engorged female sand flies were positive for *Leishmania* DNA by kDNA PCR, including *Lutzomyia* (Lu.) *longipalpis* (33 specimens, 84.6%) and *Pintomyia* (Pif.) *evansi* (6, 15.4%). *Leishmania* species identification for all samples is pending. **Conclusion:** The presence of *Leishmania* spp. in human samples, domestic reservoirs, and vectors



highlights the importance of conducting surveillance under a “One Health” approach in areas endemic to human and canine visceral leishmaniasis, and non-ulcerated cutaneous leishmaniasis in southern Honduras

Keywords: *Leishmania infantum* chagasi, non-ulcerated cutaneous leishmaniasis, natural infection

Financing: U.S. DoD Armed Forces Health Surveillance Division (AFHSD) and the Global Emerging Infections Surveillance Branch, ProMIS ID P0130_23_N6 and P0120_24_N6, 2024, Instituto de Investigaciones en Microbiología (IIM-UNAH), Maestría en Enfermedades Infecciosas y Zoonóticas (MEIZ-UNAH).



“Preparación y estandarización de un nosode a partir de trofozoítos de *Entamoeba histolytica*”

Maritza Velásquez Torres^{1,2}, José de Jesús Serrano Luna¹, Guadalupe Velázquez Martínez², Virginia Sánchez Monroy², Edgar Fernando Cortés Martínez³, Judith Pacheco Yépez²

(1) Centro de Investigación y Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Biología Celular, Ciudad de México, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

(3) Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Medicina y Homeopatía, Ciudad de México, México

Introducción: La amibiasis es producida por el parásito *Entamoeba histolytica* y afecta a millones de personas causando colitis amibiana o absceso hepático amibiano. El metronidazol es el tratamiento de elección; sin embargo, reportes in vitro han descrito resistencia a este fármaco en algunas cepas de *E. histolytica*. Además el humano puede presentar efectos adversos como neurotoxicidad, carcinogénesis y teratogenicidad lo cual ha impulsado la búsqueda de nuevas alternativas terapéuticas efectivas y seguras. Los nosodes son preparaciones biológicas a partir de agentes infecciosos y son utilizados con fines terapéuticos. Se ha demostrado su eficacia antimicrobiana, anticancerígena y antiparasitaria, así como su actividad en enfermedades como Hepatitis C, VIH y Coronavirus. Sin embargo, no se ha elaborado un nosode a partir de *E. histolytica*. **Objetivo:** Preparación y estandarización de un nosode a partir de parásitos de *E. histolytica*. **Metodología:** Se preparó a partir de trofozoítos de *E. histolytica* HMI:IMSS, cultivados en medio axénico (TYI-S-33), suplementado con suero bovino adulto 20%. La preparación fue conforme a la 7ª regla de la Farmacopea Homeopática Mexicana, partiendo de la trituration en escala 1:9, utilizando *Saccharum lactis* como excipiente, una vez obtenida la 6x, para su conversión a líquido en escala 1:99 se obtienen 2:100 partes de la 6x para compensar la posible pérdida de material y se diluyen en 99 partes pasando primero por una fase con agua destilada. Luego por una fase alcohólica en un porcentaje de 50% y 50% respectivamente, posteriormente se potencia la mezcla obteniendo la 4c, se prosigue con diluciones y sucusiones en proporción 1:99 con alcohol homeopático hasta llegar a la 200c. **Resultados:** Se desarrolló un nosode de trofozoítos de *E. histolytica* utilizando cultivos axénicos del parásito. El nosode es seguro debido a que no se detectó trazas del material de origen (ausencia de contaminación, organismos vivos o material genético) mediante prueba de cultivo, prueba de esterilidad y prueba molecular mediante PCR. **Conclusión:** Se preparó y estandarizó el nosode de trofozoítos de *E. histolytica*. Se requiere evaluar su eficacia in vitro e in vivo en un modelo de amibiasis experimental para en un futuro implementarlo como medida profiláctica y terapéutica.

Keywords: Homeopatía, Amibiasis, Nosode, Parásitos, *Entamoeba histolytica*

Financing: Este trabajo fue apoyado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) en la modalidad de estancia Posdoctoral Académica por México (CVU: N°788636).



Enhancing soil fertility in Amazonian soils: Effects of a biofertilizer on soil properties, sacha inchi growth, and beneficial bacterial communities in Caquetá, Colombia

Mariana Mendoza^{1,2,3}, Martha Emiliana Cárdenas Toquica^{1,3}, Cesar Pulecio Mendez⁴, Adriana Jimena Bernal Giraldo^{2,3}, Maria Fernanda Mideros Bastidas¹

(1) Centro de Investigación en Sistemas Agroalimentarios, Universidad de los Andes, Carrera 1# 18A-12, Bogotá, Colombia

(2) Laboratorio de Interacciones Moleculares de Microorganismos en Agricultura, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Carrera 1# 18A-12, Bogotá, Colombia

(3) Laboratorio de Micología y Fitopatología Uniandes, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Carrera 1# 18A-12, Bogotá, Colombia

(4) Asociación de Prosumidores Agroecológicos, Agrosolidaria Seccional Florencia, Florencia, Colombia

In Caquetá, livestock and agricultural activities have significantly impacted Amazonian soils. As part of recovery efforts, farmers have begun using biofertilizers, although research on their effectiveness as a sustainable strategy remains limited. This study explored the role of biofertilizers in promoting the growth of sachá inchi, a crop that offers bioeconomic opportunities for local communities through the development of nutritious and sustainable food products. Additionally, sachá inchi contributes to promoting biodiversity and generating economic value within Amazonian agroforestry. This research evaluates the effects of a biofertilizer on the vegetative growth of sachá inchi in soils with varying fertility levels and analyzes changes in soil physicochemical properties and beneficial microbial communities. In field trials, the biofertilizer's impact on sachá inchi growth was comparable to that of mineral fertilizers. Following frequent application throughout the first production cycle, an increase in the Soil Fertility Index was observed, highlighting its potential as an eco-friendly alternative that improves soil fertility.

These findings contribute to a better understanding of how biofertilizers influence sachá inchi development and support the sustainable recovery of Amazonian soils. Ultimately, this microbial amendment may contribute to food security by promoting the production of nutrient crops, potentially addressing both ecological and socio-economic challenges in the region.

Keywords: Biofertilizer, Soil fertility index, Phosphate-solubilizing bacteria, Potassium-solubilizing bacteria, Nitrogen-fixing bacteria

Financing: This project was funded by WWF's Education for Nature Program through the 'Food is Local' fellowship, and by the Faculty of Sciences at Universidad de los Andes.



Perfil etiológico de infecciones respiratorias agudas en pacientes atendidos en un hospital público de referencia en Paraguay (2021–2025).

Inés Arenas¹, Miguel Lopez¹

(1) Centro Medico Nacional Hospital Nacional, Laboratorio, Marcial Samaniego, Itaugua, Paraguay

El Centro Médico Nacional – Hospital Nacional es un hospital terciario público de referencia en Paraguay, donde se realiza la detección molecular de virus respiratorios mediante paneles sindrómicos desde el año 2021. Este estudio tuvo como objetivo describir el perfil etiológico y la distribución temporal y etaria de los principales virus respiratorios detectados en pacientes ambulatorios e internados entre julio de 2021 y mayo de 2025.

Se realizó un análisis retrospectivo de corte transversal a partir de los resultados de 12.672 paneles sindrómicos respiratorios y 44.580 análisis de SARS COV 2 procesados en el laboratorio de biología molecular del hospital.. Se analizaron los resultados de paneles sindrómicos respiratorios, incluyendo SARS-CoV-2, virus respiratorio sincitial (RSV A/B), rinovirus, influenza A/B, parainfluenza 1–4, entre otros.

Los resultados mostraron patrones estacionales definidos. SARS-CoV-2 presentó múltiples picos, con aumentos notables en julio (2021 y 2022), enero (2022 y 2024), diciembre 2022, marzo 2025 y agosto 2023. RSV A/B predominó en los meses fríos, con picos en mayo 2022, julio 2023 y 2024. Rhinovirus se mantuvo circulando todo el año, con mayor frecuencia entre marzo y septiembre. Influenza A mostró picos estacionales variables, destacando enero 2022, junio 2023, y mayo en 2024 y 2025. Parainfluenza se concentró entre septiembre y octubre de cada año.

En cuanto a la distribución por edad, el grupo más afectado fue el de menores de 1 año, donde el 31.5% resultó positivo a al menos un virus. En menores de 4 años, los virus más frecuentes fueron Rhinovirus (39,9%), RSV A/B (18,8%) y Parainfluenza (11,3%). En mayores de 10 años predominó SARS-CoV-2 (61,6%).

Al comparar pacientes ambulatorios e internados, SARS-CoV-2 fue el patógeno más prevalente en ambos grupos, seguido por rinovirus. RSV A/B fue más frecuente en internados, mientras que influenza A/B predominó en ambulatorios.

Estos hallazgos destacan la importancia de la vigilancia molecular continua para orientar estrategias clínicas y epidemiológicas en el contexto de infecciones respiratorias agudas.

Keywords: Respiratorio, virus, covid19

Financing: No aplica

Acknowledgments: Al grupo de trabajo del laboratorio de Biología Molecular del Hospital Nacional.



SirA, CsrB/C and HilD form in vivo a regulatory cascade that controls the expression of SPI1 and SPI2 when Salmonella Typhimurium is in the intestinal lumen and are necessary for cecal colonization and hepatic dissemination in the avian model

José de Jesús Gómez-Chávez¹, Jwerlly Tatiana Pico-Rodríguez¹, Hugo Martínez-Jarquín¹, Mireya Juárez-Ramírez¹, Luay C. Martínez-Chavarría¹

(1) Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Departamento de Patología, Ciudad de México, México

Salmonella Typhimurium infection is transmitted through ingestion of contaminated food or through direct contact with infected individuals. Salmonella pathogenicity islands 1 and 2 (SPI1 and SPI2) play a crucial role in the virulence of the bacterium. SPI1 is mainly associated with epithelial cell invasion; while SPI-2 is required for replication and intracellular survival.

When Salmonella grows in LB medium, the BarA/SirA system induces the expression of two RNAs, CsrB and CsrC. They hijack the CsrA regulator, thus derepressing HilD regulator. Active HilD induces the expression of HilA and SsrB, central regulators of SPI1 and SPI2, respectively.

We evaluated the in vivo role of these genes in 1-day- and 1-week-old chickens infected with a WT strain of S. Typhimurium and its derivative mutants Δ sirA, Δ csrB/C and Δ hilD. When analyzing colonization in the liver and cecum, we observed that the mutant strains colonized both organs in lower amounts compared to the WT strain in the two animal models. In addition, these strains were affected in their ability to produce histological lesions in these organs. We also analyzed whether these genes operate in cascade in vivo and before intestinal invasion, by analyzing hilA, ssrAB, hilD, csrB and sirA expression in the cecal contents of chickens inoculated with Wild Type and mutants 120 min after inoculation. Expression of hilA and ssrB, but not csrB and sirA decreased in the Δ hilD strain. Expression of hilD, hilA and ssrB, but not sirA, decreased in the Δ csrB/C strain. In the absence of SirA, the expression of all genes was decreased.

Our results demonstrate that SirA, CsrB/C and HilD conform a regulatory cascade that is activated in vivo when S. Typhimurium is in the intestinal lumen and this cascade controls the expression of HilA and SsrB prior to intestinal invasion. In addition, we demonstrate that these genes contribute to cecal and liver colonization as well as the production of lesions during S. Typhimurium infection in chickens.

Keywords: Salmonella, SPI1, SPI2, Chickens, Pathogenicity

Financing: This work was supported by grants from the Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA) (IN217218) and from Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) (A1-S-17638).

Acknowledgments: The authors thank Maribel Nieto Miranda, Karen J. Guitareo Quintana, and Alfredo A. Díaz Estrada for their technical assistance in histopathology, as well as Jaime Cordova López for imaging technical support.



Remoción del colorante cristal violeta utilizando hongos de la podredumbre blanca en un proceso de fermentación en estado sólido sobre aserrín de pino

Ana María Salazar Ríos¹, Luis David Parra Florez¹, Camila Gómez Garcés¹, Santiago Erazo Cabrera¹, Lida Arias Marín¹

(1) Universidad de Antioquia, Antioquia, Escuela de Microbiología, Calle 67 N.º 53-108, Medellín, Colombia

La contaminación por colorantes sintéticos representa un desafío ambiental importante, particularmente en cuerpos de agua, debido a su persistencia, toxicidad y resistencia a métodos convencionales de tratamiento. En este contexto, los hongos de la podredumbre blanca destacan por su capacidad de degradar compuestos recalcitrantes gracias a su sistema enzimático ligninolítico. En este estudio se evaluó el potencial de tres especies: *Pycnoporus sanguineus*, *Schizophyllum commune* y *Coprinus disseminatus* para remover el colorante cristal violeta mediante un proceso de fermentación en estado sólido (FES). Se utilizó aserrín de pino como sustrato lignocelulósico, ajustando una relación carbono:nitrógeno de 20:1 mediante la adición de sulfato de amonio. Las condiciones de fermentación fueron 30 °C, humedad 0.8 (cristal violeta) y una duración de 60 días, con análisis destructivos cada 15 días para evaluar el proceso. Durante la FES, el colorante fue incorporado al sustrato y extraído mediante sonicación y centrifugación para cuantificar su remoción por espectrofotometría UV-Vis. Además, se evaluó la producción de lacasa (Lac), manganeso peroxidasa (MnP) y lignina peroxidasa (LiP) por análisis espectrofotométrico.

Los resultados demostraron que los tres microorganismos lograron una remoción significativa del cristal violeta a 50 ppm en un periodo de ocho días y la presencia de las tres enzimas mencionadas, lo que evidenció su capacidad inicial para tolerar y remover el colorante, indicando un alto potencial para su uso en tratamientos biológicos de efluentes contaminados. La actividad de las enzimas ligninolíticas sugiere que la decoloración está relacionada con mecanismos enzimáticos típicos de los hongos de la podredumbre blanca, los cuales oxidan estructuras aromáticas del colorante, provocando la ruptura de sus anillos bencénicos y facilitando su despolimerización y degradación.

Este trabajo demuestra que el uso de residuos agroforestales, como el aserrín, en combinación con hongos ligninolíticos, representa una alternativa biotecnológica sostenible y eficiente para el tratamiento de aguas contaminadas con colorantes. Aunque los residuos sólidos y biomasa generada durante la fermentación no tienen actualmente un valor comercial, esta estrategia permite dar un uso ambientalmente útil al aserrín, evitando su acumulación y contribuyendo a la remediación de contaminantes industriales.



Whole-Genome Sequencing Reveals Genetic Diversity among *Staphylococcus aureus* Isolates from Texas Dairy Farms

Maria Camila Duarte V¹, Jennifer Miller², Christopher Grim², Zhao Chen³, Angela Perdomo¹, Alexandra Calle¹

(1) Texas Tech University, School of Veterinary Medicine, School of Veterinary Medicine, 7671 Evans Drive, Amarillo, United States

(2) Food and Drug Administration, United States

(3) Joint Institute for Food Safety and Applied Nutrition, United States

Introduction:

Staphylococcus aureus remains a leading cause of mastitis in dairy cattle, contributing to economic losses due to reduced milk yield and quality. Understanding the genomic diversity of *S. aureus* circulating in dairy environments is critical for improving control strategies and exploring potential connections to isolates recovered from food and humans.

Purpose:

This study aimed to evaluate the genomic relatedness and diversity among *S. aureus* isolates collected from a Texas dairy farm to identify genetically distinct strains for downstream phenotypic and metabolic investigations.

Methods:

From July 2022 to August 2023, 282 samples were collected from milk, feed, feces, udders, and environmental sources. Presumptive *Staphylococcus* colonies were first identified using the MALDI-TOF system and further confirmed by whole-genome sequencing (WGS) on the Illumina NextSeq 2000 platform. Genome assemblies were classified using GTDB-Tk R207_v2, and single-nucleotide polymorphism (SNP) distances were calculated to assess genetic relatedness. Based on FDA guidance, genomes differing by <21 SNPs were considered closely related (same strain), while genomes differing by ≥21 SNPs represented unique strains.

Results:

MALDI-TOF confirmed 109 *S. aureus* isolates, while WGS analysis identified 150 *S. aureus* genomes, demonstrating higher discriminatory power of genomic sequencing. SNP-based comparison revealed 11 genetically distinct *S. aureus* strains, whereas several isolates were identified as duplicates or near-identical lineages (<21 SNPs). The distinct genotypes originated from multiple sample types, including milk, feed, and environmental swabs, suggesting persistent reservoirs within the dairy ecosystem. These 11 core genotypes will be prioritized for subsequent metabolic and phenotypic studies to assess strain-level functional diversity.

Significance:

This study provides one of the most comprehensive WGS-based characterizations of *S. aureus* from a Texas dairy farm, integrating species identification and genomic



diversity data. The results establish a foundation for connecting genomic variability with metabolic behavior, supporting targeted surveillance and control strategies in dairy production systems.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, Genetic diversity, Dairy farms, Whole-genome sequencing, Microbial Ecology

Financing: This project was not funded.

Acknowledgments: This project was conducted in the Food Safety and Applied Microbiology Laboratory under the supervision of Dr. Alexandra Calle at Texas Tech University School of Veterinary Medicine. Whole-genome sequencing was performed by the U.S. Food and Drug Administration (FDA).



Caracterización de la respuesta inmune humoral y celular frente a la infección por hantavirus Andes

Lina Jimena Cortes^{1,11}, Carolina Ramírez-Riffo^{1,11}, Analía Cuiza¹, Julio Santelices¹, María Paz Errazuriz¹, María Jose Contreras¹, Jeronimo Graf², Rene Lopez², Rodrigo Perez², Alejandro Bruhn³, María Magdalena Vega³, Marcela Ferres⁴, Ricardo Fritz⁵, Francisco Arancibia⁵, Alvaro Llancaqueo⁶, Gonzalo Rivera⁷, Mario Calvo⁸, Yazmin Pinos⁹, Constanza Martínez-Valdebenito⁴, Carolina Cerda⁷, Nicole Lecorre⁴, María Luisa Rioseco¹⁰, Pablo Vial¹, María Cecilia Vial¹

(1) Universidad del Desarrollo, Programa Hantavirus y Zoonosis, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina, Facultad de Medicina, Av. Plaza #680, Las Condes, Santiago, Chile.

(2) Clínica Alemana de Santiago, Facultad de Medicina, Avenida Vitacura, 5951, Santiago, Chile

(3) Hospital Red Salud UC Christus, Facultad de Medicina, Marcoleta, 367, Santiago, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Laboratorio Infectología y Virología Molecular, Escuela de Medicina, Lira, 40, Santiago, Chile

(5) Instituto Nacional del Torax, Jose Manuel Infante, 717, Santiago, Chile

(6) Hospital Las Higueras, Alto Homo 777, Talcahuano, Chile

(7) Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena, Manuel Rodríguez, 195-101, Temuco, Chile

(8) Hospital Base Valdivia, Avenida Simpson, 850, Valdivia, Chile

(9) Hospital Base San José de Osorno, Doctor Guillermo Buhler, 1765, Osorno, Chile

(10) Hospital Dr. Eduardo Schütz Schroeder, Los Aromos, 65, Puerto Montt, Chile

(11) Igual contribucion

El síndrome cardiopulmonar por hantavirus (HCPS) es una zoonosis grave causada por Orthohantavirus del "nuevo mundo"; el virus Sin Nombre (SNV) en Norteamérica y el Andes (ANDV) en Sudamérica. En Chile, el ANDV es un problema de salud pública debido a su elevada letalidad (35%) y capacidad de transmisión de persona a persona. El contagio se produce por inhalación de excretas contaminadas con el virus y tras un periodo de incubación de 2 a 6 semanas, la enfermedad cursa 3 fases: prodrómica, cardiopulmonar y convaleciente. El cuadro clínico se puede presentar como HCPS severo caracterizado por tos, dificultad respiratoria, taquicardia e hipotensión, evidenciando un incremento de la permeabilidad vascular que generalmente evoluciona hacia un edema pulmonar no cardiogénico y, en muchos casos, shock cardiogénico. En otros casos, pacientes con HCPS leve, permanecen en fase prodrómica con mialgias, fiebre, molestias gastrointestinales, dificultad respiratoria y cefaleas, sin desarrollar la etapa cardiopulmonar. Los mecanismos que determinan el balance, rol de las citoquinas y anticuerpos en el control de la infección, aún no son del todo claros. Entender la interacción entre la respuesta humoral, celular y los mediadores inflamatorios resulta esencial para avanzar en la identificación de biomarcadores de pronóstico y blancos terapéuticos. En este estudio se analizaron muestras de suero de pacientes diagnosticados con HCPS entre 2017 y 2024, evaluando tres ejes principales: la cinética de anticuerpos IgM, IgG por ELISA, los niveles de anticuerpos neutralizantes (AcN) mediante el uso de pseudovirus VSV que contiene el gen reportero de luciferasa y el perfil de



citoquinas usando la plataforma Luminex. Se encontró un aumento de anticuerpos IgM e IgG en fases iniciales y aguda tardía de la enfermedad y una elevación de AcN en etapa convaleciente. En pacientes con HCPS severo se observó una activación de citoquinas proinflamatorias como IL-18, TNF- α e IP-10. Asimismo, se detectó un incremento en citoquinas reguladoras como IL-10, IL-6 y G-CSF. Estos hallazgos aportan evidencia sobre la inmunopatogénesis del ANDV y señalan potenciales biomarcadores de severidad, que pueden orientar estrategias terapéuticas y el desarrollo de vacunas.

Keywords: Orthohantavirus Andes, síndrome cardiopulmonar, respuesta inmune humoral y citoquinas

Financing: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos Fondecyt 1241530 y ANID-ATE220061.

Acknowledgments: Los autores agradecen a los pacientes que aceptaron participar en los estudios y donaron sus muestras para ellos.



Análisis transcriptómico del hongo *Stemphylium lycopersici* durante la infección en plantas de tomate

Ana Clara Gonzalez¹, Alfonso Álvarez², Ana Arruabarrena³, Matías González-Arcos³, Inés Ponce de León¹

(1) Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Av. Italia 3318

(2) Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias, Centro de Investigaciones Nucleares, Universidad de la República, Montevideo

(3) Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria- INIA Salto Grande, Salto

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es un cultivo de gran relevancia global y el segundo más importante en Uruguay. La mancha gris de la hoja, causada por hongos del género *Stemphylium*, provoca importantes pérdidas en las variedades susceptibles. En este trabajo, se obtuvieron 36 aislados de este género a partir de hojas con síntomas, de las cuales 33 fueron identificadas como *Stemphylium lycopersici*. Se realizó su caracterización morfológica, evaluación del crecimiento y análisis del nivel de infectividad en la variedad comercial INIA Frontera. A partir de los aislados analizados, se seleccionó uno de alta infectividad (UYSL32), con el cual se llevó a cabo un análisis de RNAseq en dos isolíneas de tomate, resistentes y susceptibles, provenientes del programa de mejoramiento vegetal del INIA. Estas presentan diferentes niveles de resistencia a *Stemphylium* debido a la incorporación del locus de resistencia Sm. Se tomaron muestras a 0, 5 y 9 dpi, y se realizó un análisis transcriptómico para analizar los mecanismos de defensa de ambas isolíneas, así como los mecanismos de patogenicidad del hongo a 9 dpi en la variedad susceptible. Tanto en tiempos tempranos como tardíos, se observaron zonas de necrosis del tejido vegetal de la variedad susceptible, correspondientes a los síntomas de la enfermedad, mientras que en la resistente no hay lesiones visibles. Para confirmar el avance del patógeno, se extrajo ADN de ambas isolíneas y se cuantificó la biomasa del hongo por qPCR, siendo mayor en la isolínea susceptible. Mediante microscopía confocal y realizando diversas tinciones, se visualizó el avance del patógeno, su ingreso por estomas y el daño causado en el tejido. Se evidenció que, en la susceptible, tanto el progreso de la infección como la severidad de las lesiones son mayores, incluyendo la producción de conidios, como se había observado previamente en la variedad INIA Frontera (susceptible). En contraste, en la isolínea resistente las lesiones fueron muy pequeñas, lo cual se atribuye a una respuesta de defensa más eficiente por parte de la planta. Este es un primer reporte de transcriptómica de *Stemphylium Lycopersici* en un ensayo de planta entera de tomate.

Keywords: *stemphylium lycopersici*, tomate, transcriptómica, infección

Financing: Este trabajo fue financiado por el proyecto POS_FCE_2021_1_1010795



Estudio comparativo del microbioma de la faringe y la nariz en portadores persistentes, intermitentes y no portadores de *Staphylococcus aureus*

Samuel González-García¹, Aida Hamdan-Partida Hamdan-Partida², José Félix Aguirre-Garrido³, Julia Pérez-Ramos¹, Anaïd Bustos-Hamdan², Jaime Bustos-Martínez²

(1) Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Xochimilco, Sistemas Biológicos, Ciencias Biológicas y de la Salud, Calz. del Hueso 1100, Coapa, Villa Quietud, Coyoacán, 04960, Ciudad de México, México

(2) Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Xochimilco, Atención a la Salud, Ciencias Biológicas y de la Salud, Calz. del Hueso 1100, Coapa, Villa Quietud, Coyoacán, 04960, Ciudad de México, México

(3) Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Lerma, Ciencias Ambientales, Ciencias Biológicas y de la Salud, Av. de las Garzas #10, El panteón, 52005, Lerma de Villada, Estado de México, México

Introducción. *Staphylococcus aureus* es una bacteria Gram-positiva de gran importancia clínica debido a la gran cantidad de factores de virulencia, invasividad y resistencia que puede tener. En el humano coloniza diversos tejidos, incluyendo la faringe y nariz. El objetivo del trabajo es determinar las diferencias del microbioma de diferentes portadores de *S. aureus* en faringe y nariz. **Métodos.** Se realizaron exudados faríngeos y nasales a 128 adultos jóvenes estudiantes universitarios una vez al mes por tres meses, identificando la presencia de *S. aureus* y el tipo de portador. En el último muestreo se les tomó una segunda muestra en PBS 1X, y se realizaron pools de 3 muestras por triplicado para cada tipo de portador de *S. aureus*, a los cuales se les realizó extracción de DNA con el kit ReliaPrep gDNA Tissue Miniprep system (Promega), y se amplificó el gen 16S rRNA. El producto de PCR se secuenció en la región V3-V4 y las secuencias se analizaron con el software Mothur siguiendo el protocolo de MiSeq SOP. **Resultados.** Al analizar la microbiota de las muestras agrupadas por tipo de portadores a nivel de clase se encontró diferente composición del microbioma de faringe y nariz. La faringe presenta mayor abundancia de la clase Bacteroidia (~25%), y en menor medida de la clase Bacilli (~15%), mientras que en la nariz la clase Bacilli es más predominante (~30%), e incluso puede representar más del 70% de las clases presentes en muestras de nariz de portadores persistentes en ambos sitios.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, Portadores, Persistentes, Intermitentes, Faringe

Financing: Universidad Autónoma Metropolitana y el Consejo Nacional de Ciencias Humanidades y Tecnología



BACTERIAL CO-CULTURES AS A STRATEGY IN THE DEVELOPMENT OF BIOFUNGICIDES FOR AGRICULTURAL APPLICATION AGAINST *Rhizopus oryzae*

María Fernanda Salazar-Tamay¹, Jesús Ernesto Melchor-García¹, Lesther Emmanuel López-Cruz¹, Lesli Mariam Cabrera-Fuentes¹, María Julieta Herrera-Muñoz¹, Marian Rojas-Fernandez¹, Bruce Manuel Morales-Barrón²

(1) Universidad Ibero Puebla, Departamento de Ciencias E Ingenierías, Laboratorio de Ecología y Biotecnología Aplicada, Blvd del Niño Poblano 2901, Unidad Territorial Atlixcáyotl, Centro Comercial Puebla, San Andrés Cholula, 72820, Puebla, México

(2) Universidad Realística de México, De La 2 C Sur 5914, Las Coloradas, Heroica Puebla de Zaragoza, 72582, Puebla, México

Crop diseases cause significant losses, reaching up to 50% in developing countries. In Mexico, phytopathogenic fungi, such as *Rhizopus oryzae*, destroy one-third of annual crops, affecting fruits such as tomatoes and strawberries, which are of great economic importance. This fungus is characterized by its white aerial mycelium and grayish sporangia, causing internal decay in fruits. Its dispersal by spores makes control difficult, and the excessive use of chemical fungicides has generated resistance, necessitating alternatives such as biological control.

Antagonistic microorganisms, such as bacteria and fungi, can suppress pathogens through antifungal metabolites. Genera such as *Bacillus*, *Pseudomonas*, and *Trichoderma* have demonstrated efficacy, and microbial consortia enhance this effect through metabolic synergies. This study evaluated the antagonistic potential of bacterial strains F3, F12, and F23, isolated from vermicompost, against *R. oryzae* in co-culture, with a view to developing commercial bio fungicide.

The methodology included dual-layer antagonism and agar diffusion assays, bacterial growth curves, and evaluation in liquid medium. Strains F3, F12, and F23 showed no mutual inhibition, confirming their compatibility. In co-culture, they reached 8.25–9.1 Log CFU/mL at 24 h, with synergy that increased their antifungal activity. Individually, F3 showed the greatest inhibition (78.3%), followed by F12 (64.2%) and F23 (56.9%), while the consortium achieved 83.63% in dual layer and 72% in liquid, demonstrating greater collective efficacy.

It is concluded that strains F3, F12, and F23 are promising for controlling *R. oryzae*, with advantages in co-culture due to their compatibility and synergy. These results support the development of consortium-based bio fungicide, reducing the use of chemicals in agriculture. Future studies will address scale-up in bioreactors and molecular characterization of the strains, preliminarily associated with the genera *Bacillus*, *Citrobacter*, and *Serratia*.

Keywords: antagonism, bacteria, *Rhizopus oryzae*, co-culture



Financing: Laboratory of Ecology and Applied Biotechnology “LEBA” through the research and postgraduate department of the Ibero-American University of Puebla and IDIT.

Acknowledgments: We are grateful to our families for their support, to our team at the Applied Ecology and Biotechnology Laboratory for their collaboration, and to the Institute of Design and Technological Innovation at Ibero-American University of Puebla for their generous backing.



Efecto del calcio sobre la marchitez bacteriana y el microbioma rizosférico en genotipos de papa con resistencia diferencial a *Ralstonia solanacearum*.

Virginia Ferreira¹, Estefani Reyes¹, Agostina Galliazzi¹, Mariana Arias², Guillermo Galván³, Paola Gaiero⁴, Giovanni Larama⁵, María Inés Siril

(1) Universidad de la República, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Montevideo, Uruguay

(2) Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Canelones, Uruguay

(3) Universidad de la República, Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Montevideo, Uruguay

(4) Universidad de la República, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Montevideo, Uruguay

(5) Universidad de la Frontera, Laboratorio de Investigación en Biocontrol, Temuco, Chile

R. solanacearum es el agente causal de la marchitez bacteriana considerada una de las enfermedades de plantas de mayor impacto económico a nivel mundial. En Uruguay, *R. solanacearum* afecta principalmente al cultivo de papa. Este patógeno se caracteriza por producir infecciones latentes asintomáticas que facilitan su diseminación y dificultan el control de la enfermedad. Nuestro grupo de investigación está enfocado en el desarrollo de germoplasma de papa con resistencia a *R. solanacearum*. La estrategia adoptada implica la introgresión de resistencia a partir de especies nativas silvestres como *Solanum commersonii* y *Solanum malmeanum*. Evaluaciones realizadas permitieron identificar genotipos con una respuesta diferencial frente a la infección por *R. solanacearum*. En trabajos previos de nuestro grupo se evaluaron los compuestos minerales que se encuentran en la savia xilemática y los tejidos de las plantas, encontrando niveles más altos 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, para evaluar el efecto del calcio sobre el desarrollo de la marchitez bacteriana, plantas fueron tratadas con calcio mediante riego, y luego fueron inoculadas con la bacteria. Se observó una disminución notoria de los síntomas o las plantas se mantuvieron asintomáticas cuando fueron tratadas con calcio. En base a estos antecedentes, en este trabajo se propuso determinar el efecto del calcio sobre la generación de infecciones latentes asintomáticas, la colonización del patógeno y la composición del microbioma de la rizósfera de genotipos de papa con diferentes niveles de resistencia a la marchitez bacteriana. Como resultado se encontró que el calcio no afectó la generación de infecciones latentes y tampoco la concentración y la colonización del patógeno in planta, lo cual fue evaluado mediante recuento en placa y microscopía confocal. Por otro lado, actualmente nos encontramos evaluando el efecto del calcio sobre el microbioma de la rizósfera mediante secuenciación masiva del gen del ARNr 16S. Este estudio aporta a la comprensión de los mecanismos de adaptación y virulencia de este importante patógeno y evalúa posibles herramientas para el control integrado de la marchitez bacteriana.

Keywords: *Ralstonia solanacearum*, Papa, Resistencia, Calcio

Financing: Proyecto Despegue Científico - PEDECIBA y Proyecto CSIC I+D.



Activation of the $\alpha 3$ nAChR prevents endothelial adhesion and the acquisition of a procoagulant phenotype under endotoxemic conditions

Bastian Carcamo Herrera^{1,2,3}, Diego Aravena^{1,2,3}, Cristobal Aravena^{1,2,3}, Yolanda Prado^{1,2,3}, Felipe Simon^{1,2,3}

(1) Laboratory of Integrative Pathophysiology, Faculty of Life Sciences, Andrés Bello University, Santiago, Chile

(2) Millennium Institute in Immunology and Immunotherapy (IMI), Santiago, Chile

(3) Pandemic Resilience Research Center, Faculty of Life Sciences, Andrés Bello University, Santiago, Chile

Sepsis is a life-threatening organ dysfunction caused by a dysregulated host response to infection, commonly triggered by Gram-negative bacteria. The endotoxin present in their outer membrane, known as lipopolysaccharide (LPS), can enter the bloodstream and induce endotoxemia, a key condition in the pathophysiology of sepsis. One of its main complications is the exacerbated activation of the coagulation system, which disrupts hemostasis and promotes a procoagulant state known as sepsis-induced coagulopathy (SIC), affecting up to 60% of septic patients. This condition is characterized by increased endothelial adhesion of platelets and neutrophils, mediated by enhanced expression of endothelial adhesion molecules such as CAMs and selectins. Currently, no effective therapies exist to treat sepsis, highlighting the urgent need to develop new therapeutic strategies that can effectively modulate the associated procoagulant response.

In recent years, it has been proposed that stimulation of the cholinergic system could beneficially modulate this procoagulant response. In particular, the alpha 3 nicotinic receptor ($\alpha 3$ nAChR), expressed in endothelial cells, has been linked to the regulation of this process. Previous studies have associated $\alpha 3$ nAChR antagonism with more pronounced procoagulant processes; however, its potential anti-adhesive role in the endothelium during sepsis remains unclear.

This study aimed to determine the effect of endothelial $\alpha 3$ nAChR stimulation on the procoagulant phenotype induced by endotoxin. Human endothelial cells (EA.hy926) were pretreated with an agonist, an antagonist, or both modulators of the $\alpha 3$ nAChR, and subsequently exposed to LPS. Platelet and neutrophil adhesion, along with the expression of adhesion molecules (VCAM-1 and P-selectin), were evaluated by fluorescence microscopy. The results showed that $\alpha 3$ nAChR stimulation significantly reduced both cell adhesion to the endothelium and the expression of VCAM-1 and P-selectin, whereas its inhibition led to an increase in both. These findings suggest that $\alpha 3$ nAChR activation provides a protective effect against endothelial adhesion and the procoagulant phenotype induced by endotoxemic conditions, indicating a potential therapeutic strategy for preventing sepsis-induced coagulopathy.

Keywords: sepsis, nicotinic acetylcholine receptors, nAChRs, pathophysiology, Sepsis-induced coagulopathy (SIC)



Financing: Fondecyt N°1241072, 'Role of Endothelial Alpha7nAChR Activity in Coagulation During Sepsis.' Internal Scholarship, Academic Assistance Benefit, Universidad Andrés Bello. Internal Scholarship, Tuition Scholarship, Universidad Andrés Bello. Millennium Institute in Immunology and Immunotherapy (IMI).



Ecotipos de la cianobacteria *Raphidiopsis raciborskii*: más allá del individuo

Paula Vico¹, Sylvia Bonilla², Andrés Iriarte³, Claudia Piccini¹

(1) Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Departamento de Microbiología, Ministerio de Educación y Cultura, Montevideo, Uruguay

(2) Universidad de la República, Sección Limnología, Facultad de Ciencias, Montevideo, Uruguay

(3) Universidad de la República, Departamento de Biotecnología, Instituto de Higiene, Montevideo, Uruguay

El creciente aumento en la distribución global de *Raphidiopsis raciborskii*, cianobacteria formadora de floraciones, genera gran preocupación debido a su capacidad de producir toxinas. Se ha propuesto que su actual presencia en distintas latitudes se debe al desarrollo evolutivo de ecotipos con diferente nicho y con distintas respuestas a los cambios ambientales. En consecuencia, es esperable que aislamientos de distintas partes del mundo presentan preferencias ecológicas y toxicidad diferentes, lo que ha permitido determinar patrones biogeográficos de la especie. Recientemente se ha propuesto que un aspecto importante para explicar el éxito de las cianobacterias es la presencia de bacterias heterótrofas asociadas a su mucílago (microbiota). Dicha microbiota es fuente relevante de funciones metabólicas, generando que ambas partes sean mutuamente dependientes para sobrevivir. En este estudio analizamos la microbiota dos aislamientos de *R. raciborskii* pertenecientes a ecotipos diferentes: uno tóxico (América del Sur) y uno no tóxico (América del Norte) mediante dos abordajes: secuenciación del ARNr 16S y transcriptómica. Se encontró que, si bien bajo idénticas condiciones de luz y temperatura, sus diferencias se evidencian en la morfología y la estructura comunitaria de la microbiota. A su vez, mediante la caracterización funcional se determinó que hay un conjunto de vías metabólicas que podrían considerarse complementarias. En tal relación, la cianobacteria proporciona la materia orgánica mientras que la microbiota tendría funciones relacionadas al metabolismo del nitrógeno, carbohidratos, y degradación de carbono, entre otras. Estos hallazgos sugieren que la comunidad cianobacteria-microbiota funcionaría como un organismo multicelular con interacciones de dependencia entre sus componentes.

Keywords: cianobacteria, microbioma, interacciones



CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS ENTÉRICAS CON POTENCIAL ZONÓTICO EN GECKOS LEOPARDO (*Eublepharis macularius*) EN CAUTIVERIO

sandra Ruiz¹, Yeison Camilo Pineda Díaz¹, Paola Yamile Hernandez¹, Meylin Stefany Ardila Méndez¹

(1) Universidad de Santander, Facultad de Ciencias Naturales, Exactas y Agropecuarias, Calle 70 # 55-210, Bucaramanga, Colombia

Los geckos leopardo (*Eublepharis macularius*) son mascotas no convencionales en auge, conocidas por ser portadoras asintomáticas de bacterias con potencial zoonótico y, en algunos casos, resistentes a antimicrobianos, lo que representa un reto para la salud pública (Valencia et al., 2025). Su crianza en cautiverio exige condiciones específicas que, en muchos casos, son desconocidas o difíciles de cumplir, tanto por la falta de información científica disponible como por la escasez de veterinarios especializados en especies exóticas. Esta situación ha llevado a muchos propietarios a buscar orientación en fuentes no confiables en la web, lo que puede comprometer el bienestar animal (Damián, 2023). La popularidad de esta especie está relacionada con su carácter dócil, fácil manejo, diversidad de colores, longevidad y bajos requerimientos de espacio. Sin embargo, existen pocos estudios que caractericen los microorganismos que habitan en estos reptiles y su potencial zoonótico. Recientes investigaciones han demostrado que los geckos leopardo pueden actuar como reservorios de bacterias entéricas. En Lisboa (2025), se identificaron *Klebsiella pneumoniae*, *K. aerogenes*, *Citrobacter freundii* y *Pseudocitrobacter faecalis* en muestras cloacales de 43 individuos, evidenciando su capacidad de colonización. Asimismo, un estudio en Polonia (2020) reportó infecciones cutáneas en geckos causadas por distintos serovares de *Salmonella*, destacando *S. hadar*, asociada a casos de salmonelosis en niños.

Este estudio planteó como objetivo caracterizar bacterias entéricas con potencial zoonótico en *Eublepharis macularius* en cautiverio. Se realizó un estudio observacional, analítico, transversal con 50 muestras fecales de geckos en Santander, Colombia. Se aplicó coprológico, coprocultivo y pruebas API E20. Los resultados mostraron: *E. coli* (46%), *Salmonella* spp. (20%), *Proteus vulgaris* (18%), *P. mirabilis* (8%), *Salmonella* Typhi, *Shigella* spp., *Serratia ficaria* y *Klebsiella pneumoniae* (2% cada una). Se concluye que estos reptiles son portadores asintomáticos de enterobacterias zoonóticas, algunas oportunistas, lo que implica riesgos para la salud humana y la necesidad de mejores prácticas de cuidado y manejo.

Keywords: Geckos, bacterias entéricas, zoonosis

Financing: proyecto de grado financiado por los autores.

Acknowledgments: Universidad de Santander



Candidemia en un hospital terciario de São Paulo, Brasil: análisis epidemiológico en el contexto de la salud pública latinoamericana

Antonio Sérgio Mathias¹, Maria Lúcia Tomanik Packer², Juvencio José Duailibe Furtado², Fernando Luís Affonso Fonseca², Flavia de Sousa Gehrke²

(1) Hospital Heliópolis, Servicio de Infectología, Cônego Xavier 276, São Paulo, Brasil

(2) Faculdade de Medicina do ABC, Parasitología, Lauro Gomes 2000, Santo André, Brasil

Introducción:

Las levaduras del género *Candida* son responsables de cerca del 80% de las infecciones fúngicas nosocomiales. Aunque comensales, alteraciones inmunológicas o la ruptura de barreras anatómicas pueden ocasionar infecciones graves. En Brasil, la candidemia en hospitales públicos terciarios alcanza 2,49 casos por cada 1.000 hospitalizaciones, de 2 a 15 veces más que en EE. UU. y Europa. Con una mortalidad cercana al 60%, estas infecciones generan altos costos por estancias prolongadas y complicaciones clínicas. *Candida albicans* es la especie más común a nivel mundial, responsable del 44–70% de los casos. El diagnóstico precoz y el tratamiento adecuado son esenciales. Este estudio buscó identificar el perfil epidemiológico de la candidemia en un hospital público terciario ubicado en la capital del estado de São Paulo, que atiende alrededor de 12.000 urgencias mensuales.

Métodos:

Estudio analítico, basado en datos del laboratorio de apoyo del hospital. Se analizaron hemocultivos positivos para *Candida* recolectados exclusivamente en el servicio de urgencias durante el año 2023. Se excluyeron muestras de otros contextos clínicos. Se calculó la tasa de candidemia por número total de hospitalizaciones.

Resultados:

Se evaluaron 260 hemocultivos, de los cuales 7,31% fueron positivos para *Candida*, resultando en una tasa de 0,084 casos por 1.000 hospitalizaciones. En el mismo periodo, el hospital registró 226.332 ingresos. De los 19 casos positivos, 10 pacientes eran mujeres y 9 hombres. *Candida albicans* fue la especie más prevalente (11 casos, 36,7%), seguida de *C. tropicalis* (13,3%), *C. dubliniensis* (6,7%) y *C. glabrata*, *C. orthopsilosis* y *C. parapsilosis*, con un caso cada una (3,3%).

Conclusión:

La tasa local de candidemia fue inferior al promedio nacional, posiblemente por diferencias en el perfil de pacientes, eficacia en los protocolos de control de infecciones o subnotificación, ya que solo se consideraron muestras del área de urgencias. Evaluar los perfiles de sensibilidad antifúngica es fundamental para personalizar tratamientos, mejorar resultados clínicos y reducir la mortalidad.

Keywords: Candidemia, Hospital, Brasil



Evaluación e implementación de la primera prueba autoadministrada para el diagnóstico del VIH en Cuba.

Adelaida Ortega¹, Yanín Hernández¹, Alicia Fleites¹, María Teresa Pérez², Liuber Yans Machado³, Héctor Díaz⁴

(1) Laboratorio de Investigaciones del SIDA, Laboratorio de Control de la Calidad, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba

(2) Laboratorio de Investigaciones del SIDA, Subdirección de Gestión de la Calidad, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba

(3) Laboratorio de Investigaciones del SIDA, Laboratorio de Biología Molecular, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba

(4) Hospital Clínico Quirúrgico Hermanos Ameijeiras, Atención médica Internacional, La Habana, Cuba

Según ONUSIDA en el 2023 vivían con el virus de inmunodeficiencia humana (VIH), aproximadamente 39,9 millones de personas en todo el mundo, 1,3 millones corresponden a nuevas infecciones. Las pruebas autoadministradas del VIH (PAVIH) son una de las innovaciones que brindan acceso al diagnóstico del VIH a personas en condiciones de vulnerabilidad donde existen las mayores brechas de acceso. El Centro para el Control Estatal de Medicamentos Equipos y Dispositivos Médicos (CECMED) autoriza la comercialización de los diagnosticadores antes de su implementación. El objetivo del trabajo es presentar los resultados de la evaluación e implementación de la primera autopruueba para el diagnóstico del VIH en Cuba. Se determinó la sensibilidad, especificidad, el porcentaje de concordancia e índice kappa en 211 muestras, incluidas personas seropositivas y seronegativas, y paneles nacionales e internacionales. Se evaluó la realización del ensayo por el usuario y la disponibilidad para su implementación en los diferentes grupos poblacionales. Se estableció el procedimiento nacional para la interpretación de los resultados de las PAVIH y para su monitoreo y evaluación. Los indicadores de especificidad y sensibilidad fueron superiores al 99 %. Los resultados fueron concordantes en un 99,52 % y $\kappa=0,987$. La realización de los ensayos por los propios usuarios demostró la utilidad de las instrucciones para el uso en la realización e interpretación de las pruebas. La evaluación de la autopruueba de VIH posibilitó su introducción en Cuba, constituyendo una útil herramienta para aumentar el acceso a las poblaciones claves.

Keywords: VIH, pruebas autoadministradas, poblaciones claves



Resistencia a fluconazol y anfotericina B en cepas de *Candida no albicans* aisladas de muestras nosocomiales de un hospital de segundo nivel en el occidente de México

Fabiola Berenice Hernández-Reyes¹, Luis Alfonso Muñoz-Miranda², Manuel Reinhart Kirchmayr³, Pablo César Ortiz Lazareno⁴, Claudia Berenice Tinoco-Cabral⁵, Karen Margarita Hernández-González⁵, Ramón Abraham Padilla-Ramos⁶, Ana Miriam Saldaña-Cruz⁷, Cesar Arturo Nava-Valdivia²

(1) Universidad de Guadalajara, Maestría en Microbiología Médica, Departamento en Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(2) Universidad de Guadalajara, Centro de Investigación en Enfermedades Infecciosas (CIEIC), Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(3) Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C., Biotecnología Industrial, Camino Arenero 1227, El Bajío del Arenal, 45019, Zapopan Jalisco, México

(4) Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO), Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), División de Inmunología, Sierra Mojada 800, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(5) Universidad de Guadalajara, Doctorado en Microbiología Médica, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(6) Universidad de Guadalajara, Doctorado en Farmacología, Departamento de Fisiología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

(7) Universidad de Guadalajara, Instituto de Terapéutica Experimental y Clínica (INTEC), Departamento de Fisiología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Sierra Mojada 950, Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México

INTRODUCCIÓN: Las infecciones fúngicas invasivas de pacientes hospitalizados producen altas tasas de morbilidad, así como un aumento en gastos hospitalarios y estancias prolongadas, aunado a la creciente resistencia a los antifúngicos representan un importante desafío para la salud pública a nivel mundial. En la región de América Latina se observa una alta prevalencia de infecciones nosocomiales causadas por *Candida albicans* seguida de especies no *albicans* como *Nakaseomyces glabrata* y *Candida parapsilosis*.

MATERIAL Y MÉTODOS: Se analizaron 38 aislamientos clínicos nosocomiales de *Candida no albicans* aislados en CHROMagar e identificados taxonómicamente mediante espectrometría de masas MALDI-TOF MS. La susceptibilidad a fluconazol y anfotericina B se evaluó por microdilución, según el método M27-A4 del CLSI. Los puntos de corte para fluconazol fueron: S ≤ 8 $\mu\text{g/mL}$, SDD = 16-32 $\mu\text{g/mL}$, R ≥ 64 $\mu\text{g/mL}$. Para anfotericina B, se consideró sensible ≤ 1 $\mu\text{g/mL}$ y resistente >1 $\mu\text{g/mL}$.



RESULTADOS: Los aislamientos presentaron rangos de sensibilidad de 0.5 a $>64 \mu\text{g/mL}$ para fluconazol y 0.5–16 $\mu\text{g/mL}$ para anfotericina B. 21 cepas fueron resistentes y 17 sensibles para anfotericina B, mientras que para fluconazol 16 cepas fueron resistentes, 8 sensibles dependiente de dosis y 14 sensibles. La especie que mostró mayor resistencia a anfotericina B fue *Candida tropicalis*, y las cepas que mostraron mayor resistencia a fluconazol fueron *Candida tropicalis* y *Nakaseomyces glabrata*. La resistencia adquirida a azoles se debe a una sobreexpresión de bombas de eflujo MDR o CDR y mutaciones de ERG11. Para anfotericina B es debida a una mayor actividad de la catalasa o defectos en la biosíntesis del ergosterol.

CONCLUSIÓN: El aumento de las especies de *Candida* no albicans en las infecciones fúngicas nosocomiales genera dificultades terapéuticas emergiendo con ellas nuevos patrones de sensibilidad a los antifúngicos. Fluconazol y anfotericina B son los fármacos de primera línea administrados en estos pacientes lo que ha originado la aparición de resistencias secundarias. Caracterizar las especies de *Candida*, detectar la resistencia a antifúngicos y la investigación de los mecanismos de resistencia son importantes para la vigilancia epidemiológica local, ya que permiten conocer el perfil de sensibilidad y distribución de especies, así como instaurar el tratamiento adecuado.

Keywords: Resistencia, *Candida*, Anfotericina B, Fluconazol

Financing: Se obtuvieron recursos a través del Fondo del Programa de Apoyo a la Mejora en las Condiciones de Producción de los Miembros del SNI Y SNCA (PROSNI) de los investigadores involucrados.

Acknowledgments: Al Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS) por las facilidades otorgadas.



Vesículas Extracelulares (EVs): nuevas estrategias para mejorar la sensibilidad y especificidad diagnóstica del cáncer de mama.

Akemi Tabata¹, Angel Vizoso Vazquez², Modesto Cruz¹

(1) Instituto de Microbiología y Parasitología, IMPA, Facultad de Ciencias, Santo Domingo, República Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo, República Dominicana

(2) Grupo de Investigación Regulación de la Expresión Génica y Aplicaciones (EXPRELA), Facultad de Ciencias, 15008 A Coruña, Spain., A Coruña, España

En los últimos años, las vesículas extracelulares (EVs) han emergido como herramientas fundamentales en la identificación de biomarcadores para el diagnóstico y seguimiento del cáncer. Estas estructuras, secretadas por diversas células, contienen una amplia variedad de biomoléculas, como proteínas, ADN, ARNm, miARN y lncRNA, que pueden influir en la fisiología celular del huésped y en la modificación del microambiente tumoral. El cáncer de mama es la neoplasia más frecuente en mujeres y representa un problema de salud pública debido a su alta mortalidad. En América Latina, es la principal causa de muerte y en República Dominicana presenta una tasa de mortalidad del 26,4%, lo que evidencia la urgencia de desarrollar métodos diagnósticos más eficaces. Las herramientas tradicionales presentan limitaciones en sensibilidad y especificidad, especialmente en etapas tempranas. Las EVs, al encontrarse de manera natural en fluidos corporales, pueden ser aisladas mediante biopsia líquida, lo que permite el análisis molecular sin necesidad de procedimientos invasivos. Este enfoque representa una alternativa prometedora a la biopsia tradicional y los marcadores séricos convencionales, optimizando el diagnóstico del cáncer de mama mediante la incorporación de tecnologías ómicas avanzadas, como la proteómica y la transcriptómica. Estas metodologías no solo mejoran la precisión diagnóstica, sino que también abren nuevas posibilidades para el seguimiento y pronóstico de la enfermedad, facilitando un abordaje más personalizado y eficaz en la práctica clínica.

Keywords: Vesículas Extracelulares (EVs), biopsia líquida, cáncer de mama, biomarcadores, y ómica.



Cannabis sativa como Potencial Fuente de Compuestos Antibacterianos: Evaluación Comparativa de la Actividad Antibacteriana de Quimiotipos de Cannabis sativa y Cannabinoides individuales Frente a Cepas Bacterianas de Referencia

sara orozco¹, Ruby L. Perez¹, Diego J. Enriquez Valencia¹, Sebastian Vargas¹, Nicolas Guzman¹

(1) Universidad ICESI, Departamento de Ciencias Farmacéuticas y Químicas, Facultad Barberi de Ingeniería Diseño y Ciencias Aplicadas, Cl. 18 #122-135 Barrio Pance en Santiago de Cali, Colombia

La resistencia antimicrobiana se ha convertido en una prioridad para la salud pública global. La Organización Mundial de la Salud (OMS) publicó en el año 2024 la lista de patógenos bacterianos prioritarios debido a la frecuencia con la que se hacen resistentes a los antibióticos, por lo que acceder a nuevas opciones terapéuticas se encuentran entre las medidas anunciadas por la OMS. En este contexto, Cannabis sativa se ha postulado como una fuente prometedora de compuestos con actividad antimicrobiana. Este estudio tiene como objetivo evaluar la actividad antibacteriana de extractos etanólicos de inflorescencias de Cannabis sativa (quimiotipos II-IV) y de los cannabinoides individuales cananbidiol (CBD) cannabigerol (CBG) y cannabidivarina (CBDV), frente a las cepas de referencia Staphylococcus aureus ATCC 25923 y Escherichia coli ATCC 25922. La actividad antibacteriana se llevó a cabo mediante las pruebas de difusión en pozos y dilución en agar para determinar la concentración mínima inhibitoria (CMI). S. aureus mostró una mayor sensibilidad a los extractos etanólicos de C. sativa en comparación con la cepa de E. coli. Los extractos obtenidos del quimiotipo IV (con alto contenido de CBG) presentaron la mayor actividad antibacteriana, seguidos por los del quimiotipo II (CBD dominante). Los extractos del quimiotipo III (THC:CBD equilibrado) presentaron la menor actividad antibacteriana frente a S. aureus. Esta diferencia podría atribuirse tanto a la concentración relativa de cannabinoides como a la posible sinergia con otros metabolitos presentes en las inflorescencias de C. sativa. La evaluación de los cannabinoides individuales: CBD, CBG y CBDV evidenció actividad significativa frente a S. aureus, pero no frente a E. coli. Los resultados de este estudio refuerzan el potencial de los fitocannabinoides, como candidatos para el desarrollo de nuevos agentes antimicrobianos activos, especialmente contra bacterias Gram positivas.

Keywords: Cannabis Sativa, Cannabinoides, Actividad antibacteriana, Resistencia antibacteriana

Financing: Este estudio fue financiado por la Fundación para la Promoción de la Investigación y la Tecnología del Banco de la República de Colombia



Algas y cianobacterias como agentes de biodeterioro en monumentos latinoamericanos.

Madelin Ruiz De la Cruz¹, Celenia Fermin Calderon¹, Antonia Dolores Asencio², Jose David Hernandez Martich¹

(1) Universidad Autonoma de Santo Domingo, Doctorado en Medioambiente y Sostenibilidad, Escuela de Biología,, Facultad de Ciencias, Ciudad Univrsitaria, Santo Domingo, D., N., Dominican Republic

(2) Universidad Miguel Hernandez de Elche, Biología Aplicada, Ciencias Experimentales, Avenida de la Universidad, s/n. 03202, Alicante, Spain

El biodeterioro ocasionado por microorganismos fotosintéticos en los monumentos pétreos representa un desafío crítico en la conservación del patrimonio cultural.

En Latinoamérica, múltiples monumentos históricos han sido estudiados a fin de identificar los microorganismos involucrados en los diferentes procesos que afectan la estructura y estética de los mismos. En la mayoría de los casos, se han encontrado asociadas a las biopelículas diversas especies de cianobacterias y algas que, empleando varios mecanismos, deterioran la piedra, afectando a su vez la integridad física de los monumentos.

Esta investigación tuvo como objetivo realizar una revisión exhaustiva de la información disponible sobre las especies de algas y cianobacterias involucradas en estos procesos, así como los mecanismos mediante los cuales se produce la degradación de las rocas de los monumentos en diversos países de Latinoamérica.

Se empleó una metodología de revisión sistemática en diversas bases de datos, evaluando estudios realizados en países que comparten características climáticas similares a las presentes en Santo Domingo, a fin de tener un fundamento sólido para el desarrollo de una investigación profunda en diversos monumentos de la República Dominicana que muestren signos de biodeterioro.

Los resultados obtenidos permitieron identificar las especies de algas y cianobacterias dominantes en los procesos de biodeterioro y la elucidación de las interacciones entre estos microorganismos y el sustrato mineral. Se observó que la mayor parte de la biomasa microbiana que conforman las biopelículas encontradas en los monumentos pétreos, correspondió a cianobacterias (Cyanobacteria), algas verdes (Chlorophyta) y diatomeas (Bacillariophyta).

En la República Dominicana no se han encontrado datos relacionados con este tema de investigación, por lo que este estudio sirve de base para el desarrollo de investigaciones futuras respecto a las comunidades microbianas que provocan el biodeterioro de nuestros monumentos, de los cuales muchos tienen una gran importancia histórica a nivel nacional e internacional.



Keywords: Biodeterioro, Monumentos, Algas, Cianobacterias, Latinoamerica

Acknowledgments: Universidad Autonoma de Santo Domingo (UASD), Universidad Miguel Hernandez de Elche (UMH), Ministerio de educacion Superior, Clencia y Tecnologia (MESCYT), Instituto de Microbiologia y Parasitologia (IMPA).



Evaluation of the effects of hypoxia on *Salmo salar* and its consequences in the face of *Piscirickettsia salmonis* infection

Daniela Díaz Ibarrola^{1,2,3,4}, Karen Moreno^{1,2,4}, Francisco Dann⁵, Jaime Figueroa^{1,2,3,4}

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Rector Eduardo Morales Miranda 33, Valdivia, Chile

(2) Universidad Austral de Chile, Laboratorio de Biología Molecular de peces, Ciencias, Rector Eduardo Morales Miranda 33, Valdivia, Chile

(3) Universidad Austral de Chile, Doctorado en Ciencias de la Acuicultura, Ciencias, Balneario Pelluco, Los Pinos s/n, Puerto Montt, Chile

(4) Centro Fondap INCAR (Interdisciplinary Center for Aquaculture Research), Libertador Gral. Bernardo O'Higgins 1685, Concepción, Chile

(5) Universidad San Sebastián, Doctorado en Biotecnología y Bioemprendimiento, Medicina y Ciencia, Av. Valle del norte 745, Huechuraba, Santiago, Chile

Hypoxia in fish infected with *Piscirickettsia salmonis* can generate physiological, histological, transcriptomic and microbiological effects, affecting their respiratory capacity, metabolism and immunity. The hypoxia-inducing factor (HIF) regulates the cellular response to lack of oxygen, but the combination of hypoxia and infection can weaken the immune system, increasing susceptibility to diseases and affecting the aquaculture industry. This study seeks to evaluate how hypoxia impacts the physiological, transcriptomic response and the intestinal microbiome of *Salmo salar* infected with *P. salmonis*. For this purpose, 60 fish (80-120 g) were subjected to hypoxia (2.5 mg/L) and normoxia (8 mg/L) for 7 days and then divided into four experimental groups: normoxia, hypoxia, normoxia + infection and hypoxia + infection. Infection was performed with *P. salmonis* (1×10^6 bacteria, strain LF-89), and the intestine was removed on days 3 and 10 post-infection. Initial results showed no mortality attributable to hypoxia or infection. DNA and RNA extraction for sequencing is currently underway, and qPCR analysis of key genes (HIF, IL1B, TLR4, IgM, Zo-1, Muc2, Cldn4) is being performed. Hypoxia and infection are expected to affect intestinal integrity and immune response, reducing the expression of Zo-1, Muc2, and Cldn4, which would indicate increased epithelial permeability. Furthermore, IL-1 β and TLR4 could be overexpressed, suggesting exacerbated inflammation. IgM production could be increased with infection, but decreased under prolonged stress. Together, the results could demonstrate increased inflammation and disruption of intestinal homeostasis, providing key information for aquaculture management strategies. Few studies have analyzed the impact of hypoxia on economically important fish in Chile. Understanding how they respond to this stress is key to their well-being. *Piscirickettsia salmonis*, one of the main threats to aquaculture, could be enhanced by environmental factors such as hypoxia, increasing susceptibility to disease. Exploring this interaction is essential to developing effective solutions. Proper microbiome management could optimize growth, reduce antibiotic use, and improve sustainability, lowering operating costs and minimizing the industry's environmental impact.

Keywords: *Piscirickettsia salmonis*, Hypoxia, Infection, Aquaculture

Financing: This work is funded by the Fondap INCAR Center (Interdisciplinary Center for Aquaculture Research) and by the Vice-Rectorate of Research and Development VIDCA DEPOST, Doctorate in Aquaculture Sciences UACH code BPD03-2024.



Evolución adaptativa de *Torulaspora delbrueckii* para aumentar la producción de ésteres frutales en co-fermentaciones vínicas

Liliana Godoy¹, Daniela Catrileo¹

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

La levadura *Torulaspora delbrueckii* se emplea con frecuencia en vinificación porque incrementa la formación de ésteres, compuestos para la complejidad aromática. Tales metabolitos derivan del flujo de carbono a través de la ruta de las pentosas fosfato. Dentro de ella, el gluconato actúa como intermediario clave, pero su captación por levaduras vínicas suele ser limitada, lo que restringe la disponibilidad de precursores aromáticos. El objetivo de este trabajo fue generar, mediante evolución adaptativa, variantes de la cepa *T. delbrueckii* YCPUC10 con mayor capacidad de consumir gluconato y evaluar el impacto en la producción de ésteres durante co-fermentación con *Saccharomyces cerevisiae* EC1118. Para esto la cepa TdYCPUC10 se cultivó en medio YNB suplementado con 20 g/L de D-gluconato. La presión selectiva originó cuatro variantes (G1-G4). Se determinó el consumo de gluconato de estas variantes, cuantificando el gluconato en el medio. La variante con mejor desempeño fue G4, que consumió 38 % más gluconato que la cepa parental. Esta variante se sometió a microfermentaciones bajo tres condiciones: F0, ScEC1118; F1, co-inoculación TdYCPUC10 + ScEC1118; y F2, co-inoculación TdYCPUC10-G4 + ScEC1118. Se monitorizó la cinética fermentativa mediante pérdida de CO₂ y se determinó la producción de compuesto aromáticos al término de la fermentación. Un panel entrenado realizó análisis sensorial descriptivo y de preferencia. Las fermentaciones F0, F1 y F2 finalizaron en plazos similares, lo que indica que la co-inoculación no afectó la robustez fermentativa. El vino F2 mostró incrementos significativos en etil butirato, etil hexanoato, etil octanoato, etil decanoato y acetato de fenetilo, entre 22 % y 45 % superiores a F1 y hasta 70 % sobre F0. Además, existieron diferencias olfativas entre los vinos F2 y F0 y una mayor preferencia por el vino F2 y F1. La evolución adaptativa de *T. delbrueckii* permitió seleccionar la variante TdYCPUC10-G4, capaz de incrementar la asimilación de gluconato y, en co-fermentación con *S. cerevisiae*, de potenciar la biosíntesis de ésteres frutales sin comprometer la cinética fermentativa. Optimizar el metabolismo del gluconato se presenta, por tanto, como una estrategia eficaz para mejorar el perfil aromático de vinos mediante tecnologías de fermentación mixta.

Keywords: levadura, aroma, fermentación

Financing: FONDECYT 11190979



Resistome and Microbial Community characterization in Fecal Samples of Healthy Pigs from a Slaughterhouse

Jordano Alexandre de Carvalho¹, Nayla Kellen de Olivera Ventura¹, Evelyn Cristine da Silva², Fabio Sossai Possebon², LUÍS AUGUSTO NERO¹, Ricardo Seiti Yamatogi¹

(1) Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Veterinária, Lab. de produtos de Origem Animal – INSPOA, Av. pH Rolfs, S/N, Viçosa, Brasil

(2) UNESP, FMVZ, R. Dr. Valter Maurício Corrêa, s/n, Botucatu, Brasil

Antimicrobial resistance (AMR) profiles are traditionally conducted using isolates; however, the resistome approach provides comprehensive insights by analyzing all AMR genes within a community. This study aimed to compare the resistome and microbial community (viral-DNA, fungi, and bacteria) across ten pig farms. A total of 100 fecal samples were collected, with ten samples pooled per farm to generate one representative composite sample. For the sequencing, ten fecal samples from the same property were pooled into one sample to represent the farm. Sequencing was performed using the Shogun system. Raw data were subject to quality (FastQC), removal of human and pig sequences (BBMAP), community classification (Kraken 2), and the resistome characterization (AMR++/Megares database). The bacteriome analysis revealed a predominance of Enterobacteriaceae (*E. coli* and enterococcus), bacteroid (*Prevotella*), and Ruminococcaceae (*faecalisbacterium*) across all lots. Other important genera, including *Campylobacter*, *Lactobacillus*, and *Streptococcus*, were also identified. AMR genes were predicted in 37 classes of resistance categories (antibiotics, metals, and chemicals). Among the antibiotic groups, MLS (Macrolide, Lincosamide, and Streptogramin B) was found at high levels across all pig farms (12% to 45%), followed by aminoglycosides (5% to 21%) and tetracycline (1,4% to 11,43%). Relevant classes, such as β -lactams and fluoroquinolones, were also identified, with levels ranging from 3.07% to 6.75% respectively. Zinc, copper, arsenic, and nickel were the heavy metal resistance genes presented in the community. The microbiome results showed a predominance of intestinal bacteria, which was expected due to the type of sample (Fecal). Regarding the resistome, the community showed a wide diversity of classes and, importantly, drugs used in medicine, such as β -lactams and fluoroquinolones. The MLS group is expected due to the antibiotics administered during the pork production chain, such as lincosimide. Antimicrobial resistance remains a crucial global issue, and further studies are needed to elucidate the roles of microbiota and resistance genes.

Keywords: AMR, Pork, *E. coli*, CTx-M

Financing: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG, CAPES e CNPq.

Acknowledgments: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG, CAPES e CNPq.



Aislamiento e Identificación Molecular (16S rRNA) de Rizobios de Nódulos de Soya (*Glycine max*) y Frijol (*Phaseolus vulgaris*).

Orlis Bárbara Alfonso Loret de Mola¹, Dália Mateus de Jesus¹, José Gomes Ngando¹,
Rodríguez De Oliveira Major², Ginhas Alexandre Manuel¹

(1) Universidade José Eduardo dos Santos, Produção y Proteção Vegetal, Ciências Agrárias, Chianga, Huambo, Angola

(2) Universidade Mandume-Ya-Ndemufayo, Protecção, Instituto Superior de Huila, 3FJP+27X, Lubango, Angola

El presente estudio se enmarca en el ámbito del proyecto AngSoil, aprobado por SASSCAL (Centro Científico de África Austral para el Cambio Climático y la Gestión Adaptativa de Tierras), y financiado por el Gobierno Alemán. El objetivo fue identificar molecularmente rizobios aislados de nódulos radiculares de soya y frijol, recolectados por agricultores en Huambo, Angola. Los nódulos fueron desinfectados, cultivados en medio selectivo, y tras la incubación se obtuvieron cultivos puros. Se extrajo el ADN bacteriano y se amplificó un fragmento del gen 16S rRNA (~1,2 kb) mediante PCR. Los productos fueron purificados, cuantificados y secuenciados por el método de Sanger en la Universidad de Bremen (Alemania). Las secuencias obtenidas fueron comparadas con la base de datos NCBI utilizando la herramienta BLAST. Se identificaron nueve cepas bacterianas: cuatro del género *Rhizobium* (predominantes en frijol) y cinco del género *Bradyrhizobium* (predominantes en soya). Estos hallazgos destacan la especificidad simbiótica entre rizobios y leguminosas, y evidencian el potencial de cepas nativas para la formulación de biofertilizantes locales. Su aplicación podría mejorar la productividad agrícola, la salud del suelo y la resiliencia de los sistemas de producción familiar frente al cambio climático.

Financing: Gobierno Alemán (Proyecto de Investigación)

Acknowledgments: Agradezco a SASSCAL y al Ministerio Federal de Educación e Investigación de Alemania por el financiamiento del Proyecto y a la Universidad José Eduardo dos Santos (UJES), Angola



Lacticaseibacillus casei UCO-A14.2: un probiótico escalable que mejora la salud de Apis mellifera (abeja común)

Héctor Valdebenito¹, Héctor Benavides¹, Sebastián Molina¹, José Manuel Cancino¹, Nhur-Aischa Zegpi¹, Romina Carvajal¹, Apolinaria García¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario, Concepción, Chile

Apis mellifera es un himenóptero polinizador de presencia mundial, con un importante rol ecológico y económico. Su supervivencia se encuentra amenazada por algunas infecciones, comúnmente tratadas con antibióticos; sin embargo, estos tratamientos pueden alterar su microbiota intestinal y, consecuentemente, su sistema inmune. El uso de probióticos ha demostrado mejorar su salud y fortalecer el sistema inmune, brindándoles protección contra patógenos. La bacteria *Lacticaseibacillus casei* UCO-A14.2, aislada del tracto gastrointestinal de una abeja en el Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana de la Universidad de Concepción, se mantiene viable en altas concentraciones de sacarosa, pH ácido y es muy susceptible a antibióticos. Utilizada como suplemento alimenticio en abejas, demuestran fenotipos más saludables, con aumento en su actividad motora, expresión de compuestos antimicrobianos del sistema inmune y reducción de infecciones por los patógenos *Nossema* spp. y *Varroa destructor*. Se determinó el impacto de la cepa probiótica UCO-A14.2 liofilizada administrada en concentraciones de 10^6 UFC/mL y 10^7 UFC/mL en la sobrevida del modelo de abeja común en panales a escala de laboratorio, además se evaluó la viabilidad del liofilizado de UCO-A14.2 empaquetado en sobres termosellados en intervalos de 0, 15, 20, 30 y 50 días posteriores al envasado, de muestras con y sin refrigeración almacenadas por 113 días; y de muestras disueltas en 1 L de jarabe tras 0, 24, 48, 72 y 168 h desde su disolución. Se observó que las abejas alimentadas con 10^7 UFC/mL del probiótico mostraron una sobrevida similar a los controles hasta el día 6, se observó que la cepa UCO-A14.2 mantuvo su recuento superior a la concentración mínima con efecto inmunomodulador ($\text{CMEI} = 1 \times 10^5 \text{ UFC mL}^{-1}$) en todos los análisis desde el paquete termosellado. Las muestras con y sin refrigeración no mostraron diferencias significativas en los recuentos y aquellas disueltas en jarabe se mantuvieron con recuentos disminuidos por sobre la CMEI pasadas 48 horas desde su disolución.

L. casei UCO-A14.2, además de sus aptitudes probióticas, no causa daño a las abejas en sus diferentes concentraciones de uso y mantiene un recuento estable en diferentes condiciones de almacenamiento, demostrando su aplicabilidad como probiótico a gran escala.

Keywords: *Lacticaseibacillus casei* UCO-A14.2, Probiótico, *Apis mellifera*, Liofilizado

Financing: Proyecto FIA de Emprendimiento Innovador PYT-2017-0472 Doctorado en Biotecnología Molecular, UDEC. Cod 4244. Beca ANID de Doctorado Nacional 21241675



Frecuencia de patógenos detectados en Líquido Cefalorraquídeo mediante la técnica de PCR multiplex en población pediátrica entre el año 2023 y 2024.

Darío Alejandro Bobadilla Moré¹, Lady Franco¹, Tobias López¹, Lorena Grau², Fernando Arévalos¹

(1) Hospital General Pediátrico Niños de Acosta Ñú, Biología Molecular, Arnaldo Bacigalupo, San Lorenzo, Paraguay

(2) Hospital General Pediátrico Niños de Acosta Ñú, Epidemiología, Arnaldo Bacigalupo, San Lorenzo, Paraguay

Introducción

La meningitis y la encefalitis son enfermedades graves del sistema nervioso central (SNC) caracterizadas por la inflamación de las meninges y el parénquima cerebral, respectivamente, que; en la población pediátrica representan una preocupación significativa debido a la vulnerabilidad del SNC que se encuentra en desarrollo, inmadurez del sistema inmunológico y la mayor permeabilidad de la barrera hematoencefálica. Diversos estudios han identificado *Streptococcus pneumoniae*, *Neisseria meningitidis* y *Haemophilus influenzae* tipo b como los principales agentes bacterianos causantes de meningitis en niños, mientras que entre los virus destacan los enterovirus y herpesvirus. La detección a tiempo y precisa del agente infeccioso es fundamental para guiar el tratamiento adecuado, mejorar las decisiones y manejo clínico, así como reducir la morbilidad y mortalidad asociadas a estas infecciones.

Objetivos:

Determinar la frecuencia de patógenos detectados en Líquido Cefalorraquídeo mediante la técnica de PCR multiplex en un Hospital pediátrico de referencia entre el año 2023 y 2024.

Materiales y métodos:

Estudio Descriptivo, Retrospectivo y transversal. Se estudiaron muestras de pacientes pediátricos con solicitud de panel meningoencefálico de enero del 2023 a diciembre del 2024, mediante la técnica de PCR multiplex, para la detección de 18 patógenos, que incluyen virus y bacterias.

Resultados:

Se estudiaron un total de 825 muestras de LCR, de las cuales 93 resultaron positivas para algún patógeno. De ellas correspondían al sexo masculino 43% y al sexo femenino 57%. El rango de edades de mayor frecuencia de detección de agentes etiológicos fue la de lactantes (30 días a 2 años) (34%).

De las 93 muestras el mayor porcentaje correspondió a los virus (75%); las bacterias más frecuentes fueron: *Escherichia coli* K1 (39%) y *Haemophilus influenzae* (30%) y los virus más frecuentes fueron: Enterovirus (HEV) (24%), Epstein-Barr virus (EBV) (23%) Human herpes virus 7 (HHV 7) (23%).



Conclusión:

La detección de patógenos mediante PCR multiplex no solo mejora la sensibilidad y especificidad del diagnóstico de enfermedades infecciosas, sino que también contribuye a un manejo clínico más efectivo, permitiendo la instauración temprana de tratamientos adecuados y mejorando los pronósticos de los pacientes afectados.

Keywords: Meningitis, Encefalitis, Pediatría, PCR, Microbiología clínica



Differential Roles of Cold-Shock Proteins in RNA Regulation During Stress Adaptation in *Acidithiobacillus ferrooxidans* and *A. ferrivorans*.

Daniela González Valderrama¹, Omar Orellana², Gloria Levicán¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Química y Biología, Av. Libertador Berardo O'Higgins #3363, Estación Central, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, ICBM, Medicina, Av. Independencia #1027, Independencia, Santiago, Chile

In their natural environments, bacteria encounter a wide array of stressors, including temperature shifts, oxidative stress, osmotic pressure, nutrient deprivation, and metal toxicity. These challenges often occur simultaneously or sequentially, requiring bacteria to rapidly adapt through diverse regulatory and physiological mechanisms. In particular, temperature fluctuations importantly affect survival, metabolic activity, and gene expression of both environmental and host-associated bacteria.

Acidophilic microorganisms, which thrive in extremely acidic, metal-rich, and nutrient-poor habitats, are no exception. These bacteria are key players in industrial processes like bioleaching, where they aid in extracting metals from mineral ores. To endure such harsh conditions, acidophiles employ a wide repertoire of stress adaptation strategies, including tolerance to low pH, resistance to heavy metals, and responses to oxidative and osmotic stress. Their ability to manage these simultaneous pressures is vital to their ecological roles and technological applications.

Cold shock proteins (Csps) are essential elements of bacterial stress response systems, originally linked to adaptation during temperature downshifts. These proteins, through their conserved cold shock domain, interact with RNA and assist in stabilizing nucleic acid structures and cellular functions. Recent evidence suggests Csps also participate in responses to other stressors, such as oxidative and osmotic conditions.

In this study, we examined the differential expression of Csp in *Acidithiobacillus ferrooxidans* and *A. ferrivorans* under thermal, osmotic, and oxidative stress. Growth analysis and gene expression profiling revealed that *A. ferrivorans*, which carries three Csp copies, shows greater tolerance and adaptability, with varied expression across stress conditions. In contrast, *A. ferrooxidans* displayed growth sensitivity and upregulation of its single Csp gene, particularly under cold stress. These findings suggest that multiple Csp copies may enhance environmental adaptability in acidophilic species.

Keywords: Csp acidophiles stress chaperone

Financing: Fondecyt N°1211386



Replication and Release of Deformed Wing Virus (DWV) in Sf9 Cells: A Heterologous Platform for Honey Bee Virology

Yazmín Fuentes Álvarez¹, Marisol Vargas Concha¹, Diego Silva Vásquez¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Producción Vegetal, Laboratorio de Virología, Facultad de Agronomía, Av. Vicente Mendez #595, Chillán, Chile

The lack of stable *Apis mellifera* cell lines has led to the search for heterologous models to study the behavior of its pathogens, their infection dynamics, and potential control strategies. In this context, viruses affecting honey bees have a significant impact on their quality of life and behavior. One prominent example is the Deformed Wing Virus (DWV), which causes not only morphological deformities but also alters bee behavior and impairs their ability to interact with other bees and the environment. In this work, we evaluated the capacity of the lepidopteran cell line *Spodoptera frugiperda* (Sf9) to support infection, replication, and release of Deformed Wing Virus (DWV), one of the major viruses associated with honey bee colony collapse. A concentrated DWV inoculum obtained from symptomatic honey bees was used to infect Sf9 cells. Cells and supernatants were collected at different time points post-infection. RT-qPCR quantification revealed a progressive increase in viral load, with significantly higher accumulation in the supernatant compared to the cellular fraction at 48 hours post-infection (48 hpi), suggesting efficient release of viral particles. Detection of the viral negative-strand RNA by strand-specific RT-PCR confirmed active replication of DWV in Sf9 cells. Furthermore, supernatants from infected cultures were able to initiate new infections in naïve Sf9 cells. In addition, 10^9 DWV genomic copies from culture supernatants were used to infect a group of honey bees. At 10 days post-infection (10 dpi), bees were anesthetized and sacrificed to assess viral load. An average of 10^{11} copies/bee was detected, compared to 10^4 copies/bee in control bees, indicating that the supernatant-derived virus generated functional, infectious virions. As an extension of this model, compounds with potential antiviral activity are being evaluated. Quercetin, a known inhibitor of RNA-dependent RNA polymerase (RdRp), is currently under investigation for its ability to suppress DWV replication in this system. Altogether, these results position Sf9 cells as a robust model for studying DWV replication, release, and inhibition. This system provides an accessible and versatile platform for advancing honey bee virology and screening antiviral strategies targeting economically important bee pathogens.

Keywords: Deformed Wing Virus (DWV), Sf9 cells, Virus replication, *Apis Mellifera*

Financing: Work funded by Fondecyt de Postdoctorado N°3250621; Fondecyt Regular N° 1241994.

Acknowledgments: This work was supported by the National Agency for Research and Development (ANID), Chile.



Transposón Tn7: localización, transferencia horizontal y capacidad de transposición en *Escherichia coli*

Martina Vazquez¹, César X. García-Laviña², Magela Laviña¹, Eloísa Poey¹

(1) Universidad de la República, Sección Fisiología y Genética Bacterianas, Facultad de Ciencias, Iguá 4225, Montevideo, Uruguay

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

La aparición de bacterias resistentes y multirresistentes es un problema en la salud mundial. Es así que conocer las vías de diseminación de las resistencias antibióticas es relevante.

El transposón Tn7 porta un integrón de clase 2, que contiene genes de resistencia a los antibióticos trimetoprim, streptotricina y estreptomycin. Tiene la particularidad de transponerse tanto a un sitio específico en el cromosoma de *Escherichia coli* (attTn7) como a sitios aleatorios de plásmidos, principalmente conjugativos.

Este trabajo analiza la presencia y la diseminación del Tn7 en una colección de 18 cepas de *E. coli* uropatógeno (UPEC). Se estudió la localización cromosómica del Tn7 por PCR. La presencia de plásmidos en las cepas y la localización del Tn7 en plásmidos se analizó por PCR cuantitativa, experimentos de conjugación y de transformación. Cuando no se obtuvieron transconjugantes, se introdujo en las cepas de UPEC el plásmido conjugativo F', y estas últimas se emplearon como donantes.

De las 18 cepas de UPEC, 15 presentaron el Tn7 en el sitio attTn7, mientras que las tres restantes, entre otras, lo presentaron en plásmidos. De 17 conjugaciones UPEC x *E. coli* K12, hubo transconjugantes en cuatro casos. En tres de ellos el Tn7 se localizó exclusivamente en plásmidos de las cepas donantes y transconjugantes. Al usar dichos transconjugantes Tn7+ como donantes para una nueva conjugación, se confirmó que el Tn7 no se transpuso al cromosoma. En el cuarto caso, el Tn7 tuvo una localización cromosómica y plasmídica en la cepa de UPEC y en sus transconjugantes. En estos últimos, se confirmó además que se mantuvo una copia plasmídica del Tn7 capaz de conjugarse a una nueva cepa de *E. coli* K12 y saltar al cromosoma. Adicionalmente, una cepa de UPEC logró transferir el Tn7 al cromosoma de una cepa receptora mediante el plásmido F'.

Hasta ahora se han obtenido transformantes del Tn7 a partir de una cepa de UPEC y, en estos, el Tn7 saltó al cromosoma.

Se continuará empleando otros mecanismos de estudio de la transferencia horizontal del Tn7 desde abordajes fundamentalmente fisiológicos.

Keywords: Tn7, Resistencia antibiótica, Transferencia horizontal



Evaluation of the Antimicrobial Potential of *Pseudomonas* Strains Against *Streptococcus mutans*

Maria Jose Lara-Ortega¹, Maria Guadalupe Balbuena-Alonso¹, Lester Emmanuel Lopez-Cruz¹, Dilany Andrea Galvan-Xicali¹

(1) Universidad Iberoamericana Puebla, Departamento Ciencias e Ingeniería, Laboratorio de Ecología y biotecnología aplicada, Blvd del Niño Poblano 2901, Unidad Territorial Atlixcáyotl, Centro Comercial Puebla, 72820 San Andrés Cholula, Pue., Puebla, México

Streptococcus mutans is recognized as a key etiological agent in the initiation and progression of dental caries. This acidogenic and aciduric bacterium contributes significantly to the demineralization of dental enamel, potentially leading to feeding disturbances, compromised oral aesthetics, and discomfort or pain within the oral cavity. Although numerous therapeutic approaches are available for the prevention and management of caries, the majority rely on chemical agents, which may induce adverse effects with prolonged use.

In the natural environment, microbial interactions are dynamic and often involve antagonistic mechanisms, whereby certain microorganisms inhibit or suppress the growth of others through the production of antimicrobial metabolites or secondary compounds.

The present study evaluates four different *Pseudomonas* strains for the control and inhibition of *S. mutans*, both through direct co-culture and by using their cell-free supernatants. The findings aim to support the development of alternative, biologically based strategies for the prevention and control of dental caries.

Keywords: Caries, Antagonistic, antimicrobial

Financing: This work is supported by the Laboratory of Ecology and Applied Biotechnology (LEBA) through the Directorate of Research and Graduate Studies and the Institute of Design and Technological Innovation (IDIT) at the Iberoamericana University Puebla.

Acknowledgments: The Laboratory of Ecology and Applied Biotechnology (LEBA) and the Institute of Design and Technological Innovation (IDIT) at the Iberoamericana University Puebla for the use of equipment and workspaces.



PERFIL CLÍNICO Y BACTERIOLÓGICO DE NEUROINFECCIÓN ASOCIADA A SEPSIS NEONATAL EN RECIÉN NACIDOS POSTMORTEM EN EL HOSPITAL DOCENTE UNIVERSITARIO MATERNIDAD NUESTRA SEÑORA DE LA ALTAGRACIA, DISTRITO NACIONAL, ABRIL 2024 – FEBRERO 2025

José De Jesús Díaz Aquino¹, Carmen Julia Martínez¹

(1) Instituto de Microbiología y Parasitología, IMPA, Ciencias, Avenida Alma Mater, Universidad Autónoma de Santo Domingo, Santo Domingo, República Dominicana

Introducción: La neuroinfección asociada a sepsis neonatal es una causa importante de morbilidad y mortalidad en todo el mundo. La incidencia, prevalencia, diagnóstico, manejo y estrategias de prevención son cruciales para garantizar los mejores resultados posibles para los recién nacidos. **Objetivo:** Determinar el perfil clínico y microbiológico de la neuroinfección asociada a sepsis neonatal en recién nacidos postmortem. **Material y método:** Estudio descriptivo, prospectivo y transversal, realizado en la Unidad de Cuidados Intensivos Neonatales del Hospital Universitario Maternidad Nuestra Señora de la Altagracia, abril 2024–febrero 2025. Se incluyeron 122 casos, cuyos datos se recolectaron mediante un cuestionario estructurado y se procesaron en Excel. **Resultados:** La incidencia de neuroinfección fue del 84,4 %; el 15,6 % no mostró evidencia de compromiso neurológico. En cuanto al perfil perinatal, 86,0% de los neonatos fueron pretérmino (< 37 semanas), con un 31,1% (<28 semanas), la distribución del sexo fue 52,5% masculino. Con relación a los antecedentes maternos, 54,1% de las madres presentaron hipertensión arterial, 30,3% diabetes; el 11,9 % infecciones urinarias o vaginales. **Conclusión:** Entre los factores de riesgo obstétricos, la prematuridad fetal alcanzó un 40,2% y la rotura prematura de membranas 13,4%. Desde el punto de vista clínico, el distrés respiratorio predominó con 42,4%, seguido de hemorragia pulmonar y las convulsiones (ambas 13,9%). Se obtuvieron 67 cultivos de la punción transfontanelar, el 37,3% fue positivo; los patógenos más frecuentes aislados fueron *Klebsiella* spp. (9,0 %) y *Serratia marcescens* (4,9 %), en el 79,5% no se detectó germen, probablemente debido a antibioterapia previa. La sonografía transfontanelar se realizó en apenas el 28,7% de los neonatos, evidenciando una oportunidad para mejorar el diagnóstico neurológico.

Keywords: Perfil clínico, Perfil bacteriológico, neuroinfección, sepsis neonatal, recién nacido



El estrés crónico modula la respuesta inmune innata en piel y el receptor de glucocorticoides NR3C1.

Maria de los Angeles Gómez-Roman¹, Aldo Arturo Reséndiz-Albor², Judith Pacheco-Yépez³, Álvaro Anzueto Ríos⁴, Rafael Santiago Godoy⁴, Ivonne Maciel Arciniega-Martínez¹

(1) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Inmunonutrición, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

(2) Instituto Politécnico Nacional, Laboratorio de Inmunidad de Mucosas, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

(3) Instituto Politécnico Nacional, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Ciudad de México, México

(4) Instituto Politécnico Nacional, Unidad Profesional Interdisciplinaria en Ingeniería y Tecnologías Avanzadas, UPIITA, Ciudad de México, México

Introducción: La piel es la primera barrera física contra agentes externos y participa como un órgano inmunológico, el cual es regulado neuroendocrinamente. Diversos estudios han demostrado que el estrés crónico exacerba los síntomas de enfermedades cutáneas, en donde el receptor de glucocorticoides (NR3C1) actúa como mediador clave de la respuesta al estrés; se ha demostrado que regula procesos como inflamación, reparación tisular y proliferación celular. Sin embargo, parte de la evidencia se ha centrado en modelos de enfermedad y su impacto directo en piel sana ha sido poco caracterizado. **Objetivo:** Evaluar el efecto del estrés crónico en la expresión del NR3C1 y su papel en la inmunidad innata cutánea. **Metodología:** Se utilizaron ratones machos BALB/c divididos en dos: 1) grupo control (CTL) y 2) estrés por restricción de movimiento (ER), el cual se aplicó una hora durante tres días consecutivos. Se evaluaron los niveles séricos de corticosterona por ELISA, se caracterizaron las poblaciones celulares en piel auricular de macrófagos M1 (CD14⁺CD80⁺), M2 (CD14⁺CD206⁺), monocitos (CD64⁺Ly6C⁺) y células NKT (CD3⁺CD335⁺) mediante citometría de flujo y la expresión del gen NR3C1 por RT-qPCR. **Resultados:** En el grupo de ER aumentaron los niveles de corticosterona sérica, la expresión del gen NR3C1 y los macrófagos M2 comparados con los M1. En contraste, se disminuyeron los monocitos y las células NKT. **Conclusión:** El estrés crónico modula la respuesta inmunológica innata en piel, probablemente a través del incremento en la expresión del receptor de glucocorticoides. Esto nos permite comprender mejor la relación entre el estrés y su efecto en la inmunidad innata cutánea y sus potenciales alteraciones inflamatorias crónicas.

Keywords: Estrés, Piel, Receptor de glucocorticoides, inmunidad innata

Financing: Este trabajo fue apoyado por SAPPI-IPN. Proyecto Transdisciplinario 2025-0870, 0872, 0786, 0834. La alumna Gómez-Román es becaria del SECIHTI (CVU: 2063943).



Combatting *Mycobacterium tuberculosis* with Computationally Designed Peptides Encapsulated in Tuftsin-Functionalized Nanoparticles

Christian S. Carnero Canales¹, Cesar A. Roque Borda¹, Rafael M. Sábio¹, Fernando R. Pavan¹

(1) São Paulo State University (UNESP), Biological Sciences, School of Pharmaceutical Science, Rodovia Araraquara-Jaú Km 1, Araraquara, Brasil

Introduction: The global burden of tuberculosis (TB) has worsened with the emergence of multidrug-resistant (MDR) and extensively drug-resistant (XDR) *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) strains, underscoring the urgent need for innovative therapeutic strategies. Antimicrobial peptides (AMPs) have emerged as promising alternatives due to their broad-spectrum activity and effectiveness against resistant pathogens. However, their clinical application remains limited by poor stability and inefficient intracellular delivery. **Objective:** In this study, we present DC05, a machine-learning-designed analog of plectasin, encapsulated within tuftsin-conjugated mesoporous silica nanoparticles (MSNs). Tuftsin—a cell-penetrating peptide—was functionalized on the surface of the MSNs to enhance macrophage uptake, while DC05 was loaded into the nanoparticle pores to overcome stability and delivery limitations. **Methodology:** The peptide was synthesized using solid-phase Fmoc chemistry. The minimum inhibitory concentration (MIC) against Mtb was determined using the resazurin microtiter assay (REMA). In vitro cytotoxicity was assessed in MRC-5 and J774A.1 cells. Hemolytic activity was evaluated using human erythrocytes. The mutagenic potential of the peptide was examined using the Ames test (bacterial reverse mutation assay). MSNs were synthesized and subsequently conjugated with tuftsin via thiol linkage. **Results and Discussion:** Computational modeling guided the structural optimization of DC05 to enhance its antimycobacterial potency while preserving biocompatibility. MIC results for the system showed a threefold reduction compared to the original formulation, reaching 5.41 μM . Tuftsin-functionalized mesoporous silica nanoparticles enabled targeted delivery to macrophages, achieving high peptide encapsulation efficiency, improved stability, and sustained release under physiologically relevant conditions, as demonstrated by confocal microscopy. A marked increase in intracellular fluorescence was observed in J774A.1 cells treated with the FITC-labeled system compared to the control. In vitro assays further demonstrated that the nanocarrier system exhibits low cytotoxicity (256 μM), negligible hemolytic activity, and no indication of mutagenicity. **Conclusion:** This multifunctional platform combines rational peptide design with targeted nanodelivery, offering a promising peptide-based nanotherapeutic strategy for MDR/XDR TB and other intracellular bacterial infections.

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis*; antimicrobial peptides; Mesoporous silica nanoparticles

Financing: FAPESP 2023/01664-1 (Project Grant) and CNPq 305408/2022-4 (Productivity Research Fellows)



“Staphylococcus aureus y MRSA en superficies de equipos de gimnasios: comparación entre ambientes públicos y privados en Brasil”

Carolina Relvas Chaves¹, João Pedro da Cunha Mesquita¹

(1) Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio de Janeiro (IFRJ) – Campus São Gonçalo, Brasil

Las superficies de equipos de gimnasios son potenciales vehículos de diseminación de microorganismos patógenos, especialmente sin higienización adecuada y asociada al contacto con fluidos corporales. *Staphylococcus aureus*, aunque parte de la microbiota humana, puede causar infecciones oportunistas al romperse la barrera cutánea. La resistencia antimicrobiana, especialmente a oxacilina/meticilina, favorece la aparición de variantes hospitalarias (HA-MRSA) y comunitarias (CA-MRSA). Este estudio, realizado en Brasil, tuvo como objetivo evaluar si las superficies de equipos de gimnasios públicos y privados actúan como reservorios de microorganismos potencialmente patógenos, como *S. aureus* y MRSA, así como caracterizar su perfil de resistencia a antimicrobianos. Se analizaron 40 superficies de equipos, distribuidas entre cinco gimnasios públicos ubicados en áreas de uso colectivo al aire libre y dos gimnasios privados. Las muestras se recolectaron con swabs estériles en superficies de materiales diversos, como caucho, cuero y metal, y posteriormente se sembraron en agar manitol salado. Las colonias sugestivas se sometieron a tinción de Gram y a pruebas de catalasa y coagulasa, confirmando la presencia de *S. aureus*. El perfil de susceptibilidad se determinó frente a los antimicrobianos penicilina, gentamicina, ciprofloxacina y cloranfenicol, utilizando la técnica de difusión en disco. La resistencia a oxacilina se evaluó mediante discos de cefoxitina (30 µg), siguiendo las recomendaciones del CLSI (2022). No se aisló *S. aureus* en las muestras provenientes de los gimnasios públicos, posiblemente debido a la predominancia de superficies metálicas que, por su exposición solar, alcanzan temperaturas elevadas capaces de reducir la carga microbiana. En contraste, en los gimnasios privados, 10 de las 15 muestras, predominantemente de materiales como cuero y caucho, presentaron crecimiento de *S. aureus*. Entre los aislados, el 50% (n=5) y el 70% (n=7) fueron resistentes a gentamicina y ciprofloxacina, respectivamente. Además, todas las cepas mostraron resistencia a penicilina, cloranfenicol y cefoxitina, indicando el fenotipo MRSA. Estos hallazgos resaltan la relevancia de las superficies de equipos de gimnasia como potenciales reservorios de *S. aureus* resistentes, incluyendo MRSA, y enfatizan la importancia de adoptar medidas rigurosas de higiene, tanto por parte de los usuarios como de los responsables de mantener la limpieza de estos espacios.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, MRSA, Equipos de gimnasio



In Vitro Approach for Evaluating Phosphate Solubilization by *Bacillus thuringiensis* in Sorghum

Mikaely Sousa Marins¹, Felipe Campos Silva², Bárbara Ventura Ferreira³, Denise Pacheco dos Reis⁴, José Edson Fontes Figueiredo⁴, Daniel Bini⁴, Ivanildo Evódio Marriel⁴, Luciano Viana Cota⁴, Christiane Abreu de Oliveira Paiva⁴

(1) Universidade Federal de Lavras, Biologia, Lavras, Minas Gerais

(2) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais

(3) Universidade Federal de São João del-Rei, Sete Lagoas, Minas Gerais

(4) Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Microbiologia e Bioquímica do Solo, Sete Lagoas, Minas Gerais

Soil microorganisms, especially plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR), play a key role in nutrient acquisition and are widely used as biofertilizers. *Bacillus* species can solubilize phosphate, increasing phosphorus (P) availability by releasing organic/inorganic acids and phosphatase enzymes. PGPR colonize the rhizosphere and other plant tissues, supporting plant growth by improving nutrient uptake. This study aimed to evaluate the ability of *Bacillus thuringiensis* strain B116 to colonize sorghum roots and solubilize phosphate in vitro. Sorghum bicolor (BRS373) seeds were surface-sterilized with 70% ethanol (30 s), 2% sodium hypochlorite (2 min), and rinsed with sterile distilled water. Seeds were inoculated with 1 µL of B116 culture (10^8 CFU mL⁻¹) and sown in Petri dishes containing Nautiyal medium (pH 7), with a central cut to help seed placement. Non-inoculated seeds served as controls. Plates were sealed with parafilm and incubated at 28°C under a 12-hour photoperiod for 10 days. At the end of the assay, seedling development and phosphate solubilization were evaluated. Phosphate solubilization by B116 was confirmed in association with sorghum roots. Inoculated seedlings showed improved growth and clear halo zones around the roots, indicating greater P solubilization than the uninoculated control. These results highlight the effective colonization ability of strain B116 and its capacity to make phosphorus bioavailable. In addition, enhanced plant development in inoculated treatments supports the idea that the interaction between B116 and sorghum roots promotes nutrient uptake and growth. Overall, these findings support the potential of *B. thuringiensis* B116 as a promising candidate for biofertilizer development, especially for sustainable agricultural practices aiming to improve phosphorus use efficiency.

Keywords: *Bacillus*, Rhizosphere, Sorghum bicolor

Financing: Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES; Fundação Arthur Bernardes – Funarbe; Embrapa Milho e Sorgo; CNPq; Simbiose.



Identification and functional characterization of novel candidate antibacterial effectors of *Salmonella enterica* type VI secretion systems

David Antonio Pezoa Aros¹, Carlos J. Blondel², Fernando A. Amaya³, Carlos A. Santiviago³, Felipe Reyes-Méndez¹, Victoria Soriano-Mora¹, Carla Vargas¹, Ayleen Parra⁴, Viviana Toledo¹, Fernanda Salazar-Salas¹, Esteban Fernández¹, Patricio Espinoza¹, Matías Díaz-Sandoval¹

(1) Universidad de Las Américas, Núcleo de Investigación en One Health, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Manuel Montt 948, Santiago, Chile

(2) Universidad Andrés Bello, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina y Facultad de Ciencias de la Vida, Echaurren 183, Santiago, Chile

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

(4) University of Chile, Department of Chemical Engineering, Biotechnology and Materials, Center for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB), Beauchef 851, Santiago, Chile

Type VI Secretion Systems (T6SS), widely distributed in Gram-negative bacteria, contribute to interbacterial competition and pathogenesis by translocating effector proteins to target cells. *Salmonella* harbors 5 pathogenicity islands encoding T6SS (SPI-6, SPI-19, SPI-20, SPI-21 and SPI-22), in which a limited number of effector proteins have been identified. To identify new effectors, bioinformatics and comparative genomics analyses were performed using 1000 *Salmonella* genomes retrieved from i) the Secret6 database and ii) Chilean isolates obtained from surface waters and animal sources. First, T6SS gene clusters were identified using the Secret6 web server. Subsequently, each ORF in the T6SS gene clusters identified was analyzed using bioinformatic tools for effector and immunity proteins prediction (Bastion6, PROSITE, NCBI-CDD, MOTIF, Pfam, SignalP 6.0, TMHMM2.0 and Operon-mapper) along with functional biochemical prediction using the HHPred HMM-HMM server. In SPI-6, 31 novel effector/immunity protein (E/I) modules with potential antibacterial activity were identified, encoded in three variable regions (VR1-3). These included 5 peptidoglycan hydrolases, 10 DNases, 11 RNases, 2 deaminases, 1 hybrid DNase/RNase effector, and 2 ADP-ribosyltransferases, most of them associated with the C-terminal end of Rhs proteins and widely distributed in *Salmonella*. A hierarchical clustering analysis identified subgroups of *Salmonella* serotypes with different effector repertoires. In addition, 2 RNase effectors were identified in SPI-19. In the case of SPI-20, 1 effector with predicted peptidoglycan hydrolase activity was identified. In contrast, SPI-21 was found to contain 7 peptidoglycan hydrolases, 2 pore-forming and 1 lipase candidate effector. Of note, these SPI-20 and SPI-21 putative effectors are exclusively restricted to the *S. enterica* subspecies *arizonae*. Conversely, we could not detect the presence of any novel effectors in SPI-22. Functional characterization of a selected group of E/I (3 peptidoglycan hydrolases and 2 candidate DNases) by means of bacterial competition and heterologous expression assays confirmed that these candidate effectors possess antibacterial activity. We are currently characterizing the mechanism of action and secretion of these effectors. In summary, these results indicate that the *Salmonella* T6SS effector repertoire is broad and functionally diverse and that structures such as peptidoglycan, nucleic acids, cell membrane and the translational



machinery are common specific bacterial targets for these effectors.

Keywords: Salmonella, T6SS, SPI, Effector, immunity protein

Financing: This work was funded by FONDECYT 11240160, 1241637 y 1212075, ECOS-ANID ECOS200037 y HHMIGulbenkian International Research Scholar Grant 55008749. Fondo Concursable Proyectos de Investigación Regulares UDLA 2023 DI-13/23. Beca CONICYT/ANID 21191925.



Efecto de compuestos bioactivos generados durante la fermentación de alimentos sobre *Saccharomyces boulardii*

Martín Camejo¹, Triana Camejo¹, Camila Durante¹, Luana Gonzalez¹, Florencia Nieves¹, Fernanda Ostocchi¹, Maria Jose Valera^{1,2}

(1) Universidad de la República, PAYS. Programa de Alimentos y Salud. CEINBIO. Departamento de Bioquímica, Facultad de Medicina, Av Gral Flores 2125, Montevideo, Uruguay

(2) Universidad de la República, Área de Enología y Biotecnología de las Fermentaciones. Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Química, Av Gral Flores 2124, Montevideo, Uruguay

La microbiota intestinal es la comunidad de microorganismos vivos que habita en el sistema digestivo humano y cumple funciones clave como la modulación del sistema inmune, la regulación del sistema nervioso y la síntesis de vitaminas. La alimentación es un factor determinante en su composición, y se ha demostrado que los alimentos fermentados, además de aportar microorganismos vivos con potencial probiótico, generan compuestos bioactivos que pueden influir positivamente en el equilibrio microbiano intestinal. Estos compuestos interactúan con bacterias y levaduras intestinales, favoreciendo su estabilidad mediante colonización transitoria o prolongada. La levadura *Saccharomyces boulardii* es un probiótico comercial capaz de contribuir a este equilibrio, estimulando el crecimiento de microorganismos beneficiosos y limitando a los patógenos. Dichos efectos se relacionan con la producción de ácidos grasos de cadena corta, toxinas específicas y la competencia por sitios de colonización.

El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de siete compuestos bioactivos, generados durante la fermentación de diferentes alimentos, sobre el crecimiento de cepas puras de *S. boulardii*.

Para ello, se realizaron ensayos en microplacas con un medio de cultivo sintético semejante al contenido intestinal, suplementado con tres concentraciones distintas de cada compuesto. Se analizó el crecimiento comparando la velocidad máxima y el tiempo para alcanzarla respecto a un control sin adición. Posteriormente, se evaluó la viabilidad celular mediante crecimiento en medio sólido WLN.

Los resultados mostraron que algunos compuestos, como los ácidos butírico y hexanoico, inhibieron el crecimiento de *S. boulardii*, mientras que otros como el acetato de triptofol lo favorecieron durante las primeras ocho horas posteriores a la inoculación. Además, el ácido butírico redujo la viabilidad celular en al menos dos órdenes de magnitud en comparación con el control.

Comprender cómo los compuestos bioactivos de los alimentos fermentados modulan el crecimiento de cepas probióticas permitirá profundizar en sus beneficios potenciales para la salud intestinal.



Keywords: Probióticos, Microbiota intestinal, Levaduras, Salud humana, Alimentos fermentados

Financing: Agencia Nacional de Investigación e Innovación proyecto ANII_2022_FCE_172630 Programa en Alimentos y Salud Humana (Pays)



Antimicrobial Evaluation of *Rosulabryum densifolium* (Brid.) Ochyra Against the Fungus *Candida albicans*

Camila Nascimento¹, Thais Rocha¹, Vera Vale¹, Pedro Tiago Sá¹, Danilo Portella¹, Edson Marques¹, Marcos da Costa Silva^{1,2}

(1) State University of Bahia, Alagoinhas, Brazil

(2) Federal University of Bahia, Salvador, Brazil

Candida albicans is a fungus that is part of the natural microbiome of the human body. Fungal infections are considered an extreme concern for public health, and over time, resistance to antifungal drugs is increasingly growing. Under normal conditions, it lives in balance with other microorganisms without causing health issues. However, when this balance is disrupted, *C. albicans* can multiply excessively and cause infections known as candidiasis. In this context, the aim of the present study was to evaluate the antimicrobial potential of the hexane extract from the bryophyte of *R. densifolium* against the fungus *C. albicans*. For the analyses, the plant material was collected, identified, dried, and subsequently macerated in hexane. The biological assays conducted were the disk diffusion and minimum inhibitory concentration tests. Through these tests, antimicrobial activity against *C. albicans* was identified, showing an inhibition of fungal growth of 11 mm. It is important to conduct more advanced tests, especially with the fractionation of these extracts, which could lead to the discovery of different compounds and more complex results. Nevertheless, the result proved to be promising given the complexity of the studied microorganism.

Keywords: *Candida albicans*, Extract, Bryophyte, *Rosulabryum densifolium*

Acknowledgments: State University of Bahia (UNEB) Postgraduate Program in Plant Biodiversity (PPGBVeg)



Modelado cinético de la actividad antifúngica in vitro de nanopartículas de plata obtenidas a partir del hongo de repisa *Trametes flavida*.

Sofía Trujillo¹, Daynet Sosa Del Castillo², Joel Vielma³, Edwin Vera¹

(1) Escuela Politécnica Nacional, Departamento de Ciencias de los Alimentos y Biotecnología, Facultad de Ingeniería Química y Agroindustria, Av. Ladrón de Guevara E11-253, Quito 170143, QUITO, Ecuador

(2) Escuela Superior Politécnica del Litoral, Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador (CIBE), R2XW+F6W, Km 30.5, Vía Perimetral, Guayaquil, Ecuador

(3) Escuela Superior Politécnica del Litoral, Departamento de Ciencias Químicas y Ambientales, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Prosperina, km 30.5 de la vía Perimetral, Guayaquil, Ecuador

La moniliasis del cacao, causada por *Moniliophthora roreri*, es una de las principales enfermedades que afectan la producción de cacao en América Latina, provocando pérdidas de hasta un 60% en la produ. Dada la limitada efectividad de los fungicidas convencionales y la necesidad urgente de alternativas sostenibles, este estudio evaluó la actividad antifúngica in vitro de nanopartículas de plata (AgNPs) biosintetizadas a partir del hongo de repisa *Trametes flavida*. Se analizó la cinética de inhibición del crecimiento micelial (PGI) en función del tiempo y la concentración, aplicando modelos de muerte microbiana para describir la respuesta del patógeno.

Las AgNPs fueron probadas en concentraciones de 50, 100, 200 y 400 ppm sobre cultivos de *M. roreri* en medio PDA durante 20 días. Se observó un efecto dosis-dependiente, donde las concentraciones de 400 y 200 ppm mostraron los mayores niveles de inhibición del crecimiento micelial, alcanzando el 93.3% y 73.5% de PGI, respectivamente. Las concentraciones más bajas (100 y 50 ppm) resultaron en inhibiciones de 26.3% y 1.3%. La concentración inhibitoria media (IC_{50}) se estimó en 141.3 ppm. Resultados similares fueron reportados por Dawoud et al. (2021) en estudios con *Fusarium spp.*

Para modelar el comportamiento de inhibición, se utilizaron dos modelos, los cuales permiten simular matemáticamente cómo un agente antimicrobiano afecta el crecimiento del patógeno a lo largo del tiempo. El modelo de Weibull presentó un mejor ajuste general ($RSE = 5.9$), capturando adecuadamente la variabilidad temporal y la respuesta a diferentes dosis. Por su parte, el modelo de Chick-Watson mejoró notablemente su desempeño al ser reformulado para incluir la concentración como variable ($RSE = 5.8$). La comparación entre ambos modelos evidenció su utilidad complementaria, y subraya la importancia de adaptar el enfoque matemático a la dinámica del agente antimicrobiano y del microorganismo.

Finalmente, el análisis estadístico mediante la prueba de Kruskal-Wallis ($\chi^2 = 10.42$, $gl = 3$, $p = 0.015$) confirmó diferencias significativas entre tratamientos, resaltando la eficacia de 200 y 400 ppm. En conjunto, los resultados respaldan el uso de AgNPs de *T. flavida* como estrategia antifúngica prometedora para el control sostenible de la moniliasis del cacao.



Keywords: Nanopartículas, Antifúngico, Modelado cinético, *Moniliophthora roreri*, *Trametes flavida*

Financing: Este estudio se desarrolló con apoyo institucional mediante el financiamiento del proyecto institucional: CIBE-63-2022 "Evaluación de cepas fúngicas potenciales con fines de micotectura" (ESPOL)

Acknowledgments: Al Departamento de Ciencias de Alimentos y Biotecnología (DECAB) de la Escuela Politécnica Nacional (EPN). Al Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador (CIBE) y a la Facultad de Ciencias Químicas de la Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL).



Caracterización fenotípica y genómica de una cepa de *Escherichia coli* productora de CTX-M-8 aislada de aguas residuales del Gran Concepción, Chile

Franco Ilabaca-Carrasco^{1,2}, Maximiliano Matus-Köhler^{1,2}, Carlos Peña-Raddatz¹, Claudia Torres-Bustos¹, Andrés Opazo-Capurro^{1,2}, Helia Bello Toledo¹, GERARDO ENRIQUE GONZALEZ ROCHA^{1,2}

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología. Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario S/N Arco UDEC, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Barrio Universitario S/N Arco UDEC, Concepción, Chile

Introducción. La diseminación de genes de resistencia a antibióticos (GRA) en entornos urbanos es una preocupación sanitaria creciente, especialmente para las β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y carbapenemasas. El gen blaCTX-M-8, aunque poco frecuente en *Escherichia coli* a nivel global, ha sido reportado en ambientes clínicos y extra-hospitalarios en Sudamérica, incluyendo en aves silvestres de Chile. Las plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR) actúan como reservorios y centros de diseminación de bacterias resistentes y GRA, conectando los entornos humanos, animal y ambiental.

Objetivo. Caracterizar fenotípica y genómicamente una cepa de *E. coli* productora de CTX-M-8, aislada de PTAR urbanas del Gran Concepción, Chile.

Materiales y métodos. Se recolectaron muestras de afluente y efluente de una PTAR del Gran Concepción (Chile) durante 2022. Las bacterias se aislaron en agar MacConkey con y sin ceftriaxona (4 μ g/ml). Se evaluó la susceptibilidad antibacteriana por difusión en agar, y se detectaron BLEE por el método de doble disco. El ADN genómico fue secuenciado para obtener el genoma completo, y los datos se analizaron con herramientas bioinformáticas para identificar especie, secuenciotipo (ST), resistoma, viruloma, plasmidoma e integrones.

Resultados. La cepa *E. coli* M1/A/C/29 fue productora de CTX-M-8, resistente a ampicilina, cefuroxima, ceftriaxona, cefotaxima y cefepima. Susceptible a carbapenémicos, fluoroquinolonas y aminoglucósidos, excepto a amikacina que fue intermedia. La caracterización genómica confirmó su identidad y pertenencia al ST540. Se localizó blaCTX-M-8 (BLEE) en el plásmido conjugativo IncI-gamma/K1 y en el plásmido conjugativo IncHI2A los genes de resistencia a cobre, plata y telurito (*pco*, *sil*, *ter*). Además, se detectaron genes cromosomales de virulencia relacionados con captación de hierro (*fepA*, *fepB*), genes asociados a formación de biopelículas (*yag*, *ecp*), y genes de adhesinas (*fimH*, *fdeC*). No se detectaron integrones.

Conclusiones. La detección de una cepa de *E. coli* con blaCTX-M-8 y múltiples determinantes de resistencia a metales pesados y virulencia en una PTAR urbana



destaca el papel de estos entornos como reservorio de genes críticos. Este hallazgo resalta la necesidad de vigilancia genómica bajo el enfoque Una Salud para mitigar la propagación de la resistencia a los antimicrobianos desde fuentes ambientales.

Keywords: Escherichia coli, Betalactamasas de espectro extendido, CTX-M-8, Plantas de tratamiento de aguas residuales, Una Salud

Financing: Proyecto FONDEF ID23I10264

Acknowledgments: Agradecemos a la Empresa ESSBIO (Concepción) por la entrega y disposición de las muestras utilizadas en este estudio.



Explorando un enfoque patogenómico y el modelo de *Galleria mellonella* para evaluar la virulencia de *Arcobacter butzleri*

Jose González-Morales¹, Sofía Ochoa², Cristian Montalva³, Luis Collado¹

(1) Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

(2) Departamento de Ciencias de la Salud, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Técnica Particular de Loja, Loja, Ecuador.

(3) Instituto de Conservación, Biodiversidad y Territorio, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Arcobacter butzleri es un patógeno zoonótico emergente descrito en 1991. Actualmente es la cuarta especie bacteriana similar a *Campylobacter* spp. más aisladas en algunos países a partir de muestras fecales de pacientes con gastroenteritis. A pesar de su incidencia creciente en casos clínicos, sus mecanismos de patogenicidad no están del todo claros. En 2007 fue publicado el primer genoma completo de *A. butzleri* donde se propusieron varios determinantes putativos de virulencia (DPV), la mayoría de estos homólogos a *Campylobacter jejuni*. Estudios posteriores han detectado la presencia de DPV mediante PCR y análisis bioinformáticos, así como también han indagado en cómo este patógeno causa un determinado daño en un huésped particular, sin embargo, aún se desconocen los genes específicos asociados con una mayor patogenicidad. Además, la investigación sobre la virulencia de esta especie utilizando modelos *in vivo* ha sido limitada, probablemente debido a la ausencia de modelos experimentales animales estandarizados y accesibles para este microorganismo. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar si diferentes perfiles de virulencia de *A. butzleri* están asociados con distintos niveles de virulencia en el modelo experimental de *Galleria mellonella*. Se caracterizaron 21 cepas de *A. butzleri* provenientes de diversos orígenes mediante la búsqueda de determinantes putativos de virulencia (DPVs) a través de análisis genómico y PCR (*cadF*, *cjl349*, *ciaB*, *mviN*, *tlyA*, *pIdA*, *irgA*, *hecA*, *hecB* e *iroE*). Se obtuvieron siete perfiles de virulencia (designados como Perfil A hasta el G). Se seleccionó una cepa representativa de cada perfil para realizar ensayos en el modelo de *G. mellonella*, incluyendo análisis de mortalidad, melanización y daño histológico.

Mediante el análisis de los ensayos, el perfil C fue el más virulento. Sin embargo, no se encontró correlación entre los perfiles de virulencia y la mortalidad/melanización en *G. mellonella*.

El estudio revela que la patogenicidad de *A. butzleri* no depende exclusivamente de los determinantes putativos de virulencia analizados. Se destaca a *G. mellonella* como modelo eficaz, aunque se requieren más cepas y análisis de otros DPVs para comprender completamente los factores que influyen en su virulencia.

Keywords: *Arcobacter*, *Campylobacter*, *Galleria mellonella*, Determinantes putativos de virulencia, Patogenicidad

Financing: FONDECYT 1200125



IDENTIFICACIÓN DE PARÁSITOS EN BIOPELÍCULAS ASOCIADAS A CUERPOS DE AGUA SUPERFICIALES

Gloria Deicy Muñoz^{2,3}, Juan David Reyes García¹, Alejandro Grajales Suaza¹, Juan Esteban Montealegre¹, Nataly Aldana¹, Jhonattan Carvajal¹, Fabiana María Lora Suarez^{2,3}, Jorge Enrique Gomez Marín²

(1) Universidad del Quindío, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Armenia, Colombia

(2) Universidad del Quindío, GEPAMOL, Facultad de Ciencias de la Salud, Armenia, Colombia

(3) Universidad del Quindío, PROTOZLAB, Armenia, Colombia

Las biopelículas microbianas son comunidades de microorganismos agregados, que se asocian en una matriz autoproducida de sustancias poliméricas extracelulares. Adicionalmente, las biopelículas son recalcitrantes a ambientes extremos y pueden proteger a estos individuos de la radiación ultravioleta (UV), temperaturas extremas, pH extremo, alta salinidad, alta presión, nutrientes pobres o antibióticos. Es por esta razón que el efecto protector de la biopelícula puede aumentar el riesgo de que los patógenos asociados a la biopelícula alcancen un huésped potencial. En los últimos años, las investigaciones enfocadas en biopelículas en cuerpos de agua han adquirido relevancia debido a que las biopelículas actúan como reservorios potenciales de patógenos humanos y zoonóticos en sistemas acuáticos ambientales y contribuyen a la persistencia y transmisión de patógenos transmitidos por el agua. A pesar de esto, es poca la información acerca de la asociación entre aguas superficiales en ambientes rurales y la presencia de parásitos en biopelículas. Por lo tanto, el objetivo de esta investigación es identificar la diversidad de parásitos asociados a biopelículas en cuerpos de agua de tres zonas rurales y una zona urbana del departamento del Quindío. Se realizó la toma de medidas físico-químicas del área. Asimismo, la recolección de las biopelículas fue llevada a cabo por medio de raspados e hisopados, posteriormente, se utilizó PBS para el lavado y se aplicó el método de concentración de parásitos con formalina-éter para ser observados bajo el microscopio. Adicionalmente, se realizó la extracción de ADN con el kit Wizard Genomic para identificar molecularmente la presencia de *Cyclospora*, *Blastocystis*, *Giardia*, *Cryptosporidium* y *Toxoplasma gondii*. Se identificó la presencia de parásitos como *Ancylostoma* sp., *Cyclospora* sp., *Giardia* sp., *Cystoisospora* sp., *Eimeria* sp. y *Ascaris* sp. bajo microscopía, además, se espera o no confirmar la presencia de *Cyclospora*, *Blastocystis*, *Giardia*, *Cryptosporidium* y *Toxoplasma gondii* a partir de enfoques moleculares y su relación con las variables ambientales.

Keywords: Biopelículas, Parásitos, Microbioma



Análisis Comparativo de Elementos Integrativos y Conjugativos en Microambientes Orales Revela Patrones de Transferencia Horizontal Inter-nicho

Benjamin Leyton-Carcaman¹, Michel Abanto¹

(1) Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

Los elementos integrativos y conjugativos (ICEs) contribuyen a la diseminación de resistencia antibiótica en el microbioma oral, sin embargo, su dinámica evolutiva y patrones de transferencia horizontal en este ecosistema permanecen poco caracterizados. En este estudio se analizaron 844 ICEs orales recuperados de la base de datos ICEberg3, provenientes de siete nichos orales distintos, con el objetivo de caracterizar los patrones de transferencia horizontal de genes (HGT) y estructura evolutiva. Utilizando la métrica wGRR (weighted Gene Repertoire Relatedness) para comparaciones de contenido genómico y análisis de redes para evaluar conectividad, se identificaron eventos de HGT mediante la detección de genes de alta similitud en ICEs divergentes. Los resultados confirman que los ICEs forman grupos evolutivos cohesionados basados en la conservación de sus sistemas de conjugación y movilización. El hospedero bacteriano constituye el principal factor evolutivo, explicando 28% de la varianza en similitud proteica, mientras que las adaptaciones específicas al nicho oral representan un factor menor (<1.5%), demostrando que la coevolución ICE-hospedero supera las presiones ambientales del microambiente oral. Se identificaron 779 eventos de transferencia horizontal involucrando 486 proteínas distintas, con los ICEs de mucosa bucal y la placa supragingival presentando la mayor proporción de eventos HGT. El análisis de flujo génico reveló que la placa supragingival actúa como eje central de transferencia, estableciendo patrones direccionales hacia la placa subgingival e intercambio bidireccional con el dorso lingual y mucosa bucal. Estos hallazgos demuestran que los ICEs del microbioma oral evolucionan primariamente bajo presión del linaje bacteriano hospedero, con patrones diferenciados de transferencia horizontal entre nichos orales.

Keywords: Mobiloma, HGT, microbioma oral, elementos conjugativos e integrativos

Financing: Este trabajo fue apoyado por la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) Chile, por FONDECYT Proyecto Regular 1251164 y Beca Doctorado Nacional ANID 2023-21232282.



Perfil de resistencia antimicrobiana de *Staphylococcus aureus* aislada de queso fresco artesanal de cabra comercializado en un mercado de Lima, Perú: Un estudio preliminar.

Aland Robert Orozco Acosta¹, Rodrigo Alonso Aspilcueta Nuñovero¹, Juan Carlos Ramos Gorbeña¹

(1) Universidad Ricardo Palma, Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias (ICISA), Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Benavides 5440, Lima, Perú

Los productos lácteos no pasteurizados son un vehículo potencial para la transmisión de bacterias resistentes a antibióticos. *Staphylococcus aureus*, por su capacidad de adaptación y su rol zoonótico, representa una amenaza relevante para la salud pública. La detección de cepas resistentes en quesos frescos artesanales de cabra permite alertar sobre reservorios bacterianos en la cadena alimentaria e impulsar estrategias de vigilancia microbiológica.

El objetivo del estudio fue aislar e identificar cepas de *S. aureus* en quesos frescos de cabra artesanal, y caracterizar su perfil de resistencia antimicrobiana. Se analizaron nueve muestras adquiridas en puestos del mercado Cooperativa Ciudad de Dios, Lima. Se pesaron 10 g de cada muestra, homogeneizadas con 90 mL de agua peptonada para tener diluciones seriadas. Se sembraron 0.1 mL de la dilución en agar Baird Parker. El recuento microbiano total promedió 4.2×10^3 UFC/g, valor que supera el límite permitido por la Norma Técnica de Salud NTS N° 071-MINSA/DIGESA-V.01 ($\leq 1 \times 10^3$ UFC/g) para quesos frescos.

Se aislaron 160 colonias con morfología típica de *Staphylococcus aureus*. En ChromAgar™ *Staph aureus*, 39 cepas fueron confirmatorias de *S. aureus* (color rosa a malva), mientras que 121 cepas corresponden a otras bacterias. Las 39 cepas se sometieron a antibiograma por difusión en disco en agar Mueller-Hinton con los antibióticos cefoxitina, clindamicina, ciprofloxacino, vancomicina, tetraciclina y gentamicina. Según los puntos de corte del CLSI, 23 cepas (59%) fueron resistentes a cefoxitina, indicando una alta probabilidad de presencia de MRSA. Asimismo, se identificó resistencia a tetraciclina en 27 cepas (69.2%) y a gentamicina en 21 cepas (53.8%), antibióticos comúnmente utilizados en medicina veterinaria y humana, lo que sugiere posible presión selectiva por uso antimicrobiano en la producción caprina. En menor proporción, 4 cepas (10.3%) fueron resistentes a ciprofloxacino y 1 (2.6%) a vancomicina, antibióticos de uso crítico en la clínica moderna. Todas las cepas fueron sensibles a clindamicina.

Estos resultados refuerzan la importancia de monitorear productos lácteos artesanales como posibles reservorios de bacterias resistentes, con el fin de prevenir su diseminación conforme a los objetivos de One Health.

Keywords: LA-MRSA, vigilancia microbiológica, queso fresco artesanal de cabra, resistencia antimicrobiana, One Health



Financing: El proyecto fue financiado por el Instituto de Calidad, Inocuidad y Seguridad Alimentarias (ICISA) de la Universidad Ricardo Palma.

Acknowledgments: Agradecemos a Fiorella Martinez por su apoyo.



Investigación en tecnologías para el control de la calidad microbiológica de alimentos frescos

Sonia Porta¹, Genoveva Arques¹, Jose Belenguer¹

(1) AINIA, Microbiología y Biotecnología Industrial, Benjamin Franklin, 5-11, Paterna (Valencia), España

La calidad microbiológica de los alimentos es un factor crítico que afecta su vida útil y aceptación por parte del consumidor. Los métodos analíticos convencionales presentan limitaciones en cuanto a rapidez, complejidad y capacidad de muestreo, especialmente en productos perecederos como cárnicos y vegetales. Este proyecto aborda el desarrollo de herramientas tecnológicas innovadoras para mejorar el control de calidad microbiológica en la industria agroalimentaria, mediante dos enfoques complementarios: visión hiperespectral para productos cárnicos y biosensores acústicos para vegetales frescos.

Para el control online de productos cárnicos, se desarrolló un sistema basado en visión hiperespectral capaz de estimar la concentración de *Lactobacillus brevis* en tres rangos: $<1\text{E}+02$, $1\text{E}+02-1\text{E}+06$ y $>1\text{E}+06$ ufc/g. Se observó que la precisión del modelo depende del origen de la contaminación (natural vs. artificial), lo que sugiere la necesidad de calibraciones específicas según el tipo de muestra.

En el caso de productos vegetales, se diseñó un sistema offline basado en biosensores acústicos para la detección de *Listeria monocytogenes*. Los sensores mostraron sensibilidad en el rango de $1\text{E}+03$ a $1\text{E}+06$ ufc/ml, detectando variaciones de frecuencia asociadas a la presencia del patógeno. Además, se evaluó la regeneración de los sensores mediante tratamientos con HCl y NaOH, lo que permitió aumentar su reutilización sin comprometer la sensibilidad.

Los resultados obtenidos demuestran el potencial de ambas tecnologías como herramientas complementarias para el refuerzo de los programas de autocontrol en seguridad alimentaria. La visión hiperespectral permite una monitorización rápida y no destructiva en línea, mientras que los biosensores acústicos ofrecen una alternativa sensible y reutilizable para la detección específica de patógenos en vegetales.

Conclusión: Ambos prototipos representan avances significativos hacia sistemas de control microbiológico más eficientes, con capacidad de integración en procesos industriales. Se continúa con la optimización de estas tecnologías para su validación en entornos reales de producción.

Keywords: Control microbiológico, visión hiperespectral, biosensor, tecnología

Financing: El proyecto SAFEFOOD ha sido financiada por el Instituto Valenciano de Competitividad Empresarial (IVACE) y por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER).



Actividad antibacteriana y anticancerígena de nuevas hidrazonas derivadas de 1-pirencarboxaldehído

Leidy Mora Gómez¹, David Oliveros Garavito¹, Viviana Cuartas Granada³, Richard Arturo D'Vries⁵, Carlos Andrés Aranaga Arias¹, Daniel Fernando Insuasty Delgado⁴, Braulio Alberto Insuasty Chamorro², Luis Alberto Illicachi Romero¹

(1) Universidad Santiago de Cali, Facultad de Ciencias Básicas, Cali, Colombia

(2) Universidad del Valle, Ciencias Naturales y Exactas, Cali, Colombia

(3) Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ingeniería y Administración, Palmira, Colombia

(4) Universidad del Norte, Departamento de Química y Biología, Barranquilla, Colombia

(5) Universidad del Cauca, Facultad de Ciencias Naturales, Exactas y de la Educación, Popayán, Colombia

Las hidrazonas son una clase de compuestos con un amplio espectro de actividad biológica, incluyendo propiedades antimicrobianas y anticancerígenas. Dado que los derivados de pireno aumentan la eficacia biológica de las moléculas porque poseen una estructura aromática que permite la formación de complejos más estables, se llevó a cabo la síntesis de hidrazonas derivadas de pireno con el fin de evaluar su potencial farmacológico.

Para la síntesis de las hidrazonas 3a-d, se empleó una relación 1:1 de 1-formilpireno y fenilhidrazina en etanol a 80 °C. Los compuestos se obtuvieron con rendimientos superiores al 73%, los cuales fueron caracterizados mediante técnicas espectroscópicas de IR, RMN ¹H y ¹³C, espectrometría de masas y DRX de monocristal. Asimismo, se estudió la actividad antimicrobiana de los compuestos obtenidos frente a *M. tuberculosis* ATCC 25177, mediante microdilución en caldo (EUCAST) estudiando concentraciones desde 1,25 µg/mL hasta 40 µg/mL, con resazurina como indicador de viabilidad. Como complemento a los ensayos experimentales, se realizó docking con la proteína PtpB (PDB: 2OZ5) para explorar las posibles interacciones moleculares responsables de la actividad observada. El potencial anticancerígeno se evaluó mediante el ensayo MTT de viabilidad celular en las líneas Hep-2 (cáncer de cuello uterino) y MCF-7 (cáncer de mama), cultivadas en RPMI 1640 suplementado con 10% de FBS a 37°C en atmósfera humidificada con 5% CO₂.

Los resultados mostraron que el compuesto 3d presentó actividad bacteriostática con MIC=40 µg/mL, donde se evidenció un retraso en el crecimiento a las 24 horas post-resazurina. El estudio de docking sugiere posibles interacciones del compuesto 3d con residuos como MET146, ARG230 y MET226. Finalmente, la evaluación de la actividad anticancerígena mostró efectos diferenciales: IC₅₀ moderados-altos (67.2-184.9 µM) para Hep-2, mientras que para MCF-7 se registró una actividad con valores inferiores a 6.25 µM indicando modulación de vías hormonales. Estos resultados muestran que el compuesto 3d sintetizado presenta potencial para el diseño de terapias contra la tuberculosis y el cáncer de mama.



Keywords: Mycobacterium tuberculosis, actividad antimicrobiana, actividad anticancerígena, Hidrazonas, 1-pirencarboxaldehído

Financing: Universidad Santiago de Cali- Grupo de Investigación QUIBIO

Acknowledgments: Universidad Nacional de Colombia, Universidad del Norte y Universidad del Cauca.



Integrative Genomic Approach Reveals Ecological Adaptation Patterns in *Bacillus altitudinis*

Valter Cruz-Magalhães¹, Mikaela Sousa Marins^{2,3}, José Edson Fontes Figueiredo², Christiane Abreu de Oliveira-Paiva², Ivanildo Evódio Marriel², Luiz C.A. Oliveira⁴, Cinthia C. Oliveira⁴, Francisco Adriano de Souza¹

(1) Embrapa Maize and Sorghum, Microbial Ecology Laboratory, Sete Lagoas, Minas Gerais, Brazil

(2) Embrapa Maize and Sorghum, Soil Microbiology Laboratory, Sete Lagoas, Minas Gerais, Brazil

(3) Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil

(4) Federal University of Minas Gerais, Department of Chemistry, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil

Microbial adaptation to diverse ecological niches is commonly reflected in genomic structure and functional capabilities, offering critical insights into microbial evolutionary processes. To investigate these relationships, we conducted a comprehensive genomic analysis of 53 complete genomes of *Bacillus altitudinis*. We integrated genomic structural data, gene functional predictions, and ecological metadata to enhance our understanding of how environmental distribution shapes genomic variability in this species. *Bacillus altitudinis* remains relatively understudied compared to other members of the genus, such as *Bacillus velezensis*, and therefore represents a relevant model for studying the relationship between genome content and ecological diversification. Genome sizes ranged from 3.67 to 3.96 Mb, with highly conserved GC content (40.95–41.54%), indicative of genomic stability. Despite this conservation, considerable variability was observed in coding sequence (CDS) counts, which correlated strongly with genome size ($r = 0.92$, $p < 0.001$). Ten strains exhibited notable deviations from expected CDS counts, suggesting lineage-specific genome expansion or reduction. These deviations may reflect ecological specialization, horizontal gene transfer, or both.

Functional annotation revealed a metabolism-centered genomic architecture, with dominant roles in amino acid and carbohydrate metabolism, transcription, and energy production. Approximately 25% of all genes were associated with unknown functions, suggesting considerable potential for novel gene discovery. Additionally, pangenome accumulation modeling using Heap's Law yielded a γ value of 0.128, characterizing *B. altitudinis* as a species with an open pangenome. This result reinforces its genomic flexibility and capacity to acquire new genes in response to environmental demands. Core genes were predominantly associated with essential cellular functions, while accessory genes were enriched in environmental interaction and stress response categories.

Principal Component Analysis (PCA) integrating all data, revealed functional overlap among strains from tropical, temperate, and cold environments. In contrast, marine isolates formed a distinct functional cluster, suggesting specific genomic adaptations to marine habitats. This pattern was further supported by hierarchical clustering analyses.



In summary, our findings indicate that *B. altitudinis* achieves ecological versatility through functional genome plasticity rather than major structural rearrangements. These results help in understanding of adaptive genomic dynamics in environmental *Bacillus* species and provide a framework for future ecological and evolutionary studies.

Keywords: *Bacillus*, Pangenome, Ecological adaptation, Functional genomics, Genome plasticity

Financing: CNPq – National Council for Scientific and Technological Development. FAPEMIG – Research Support Foundation of the State of Minas Gerais. Embrapa Maize and Sorghum.



Selection of plant-growth promotion microorganisms to improve fruit quality in tomato plants growing under drought stress

Daniela Orellana^{1,2}, Nicolás Peñailillo^{1,2}, Celso Mondlhane^{1,2}, Christian Santander³, Urley Pérez-Moncada³, Felipe González³, Rodrigo Pérez⁵, Thomas Stowhas², Cecilia García², Patricio Olmedo¹, Juan Luis Celis-Diez^{1,2,4}, Pablo Cornejo^{5,6}

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agronómicas y de los Alimentos, San Francisco S/N, Quillota, Valparaíso, Chile

(2) Centro Regional de Investigación e Innovación para la Sostenibilidad de la Agricultura y los Territorios Rurales (CERES), Av. San Francisco 1600, La Palma., Quillota, Chile

(3) Universidad de La Frontera, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Francisco Salazar 01145, Temuco., Temuco, Chile

(4) Institute of Ecology and Biodiversity (IEB), Santiago, Chile

(5) Centro de Estudios Avanzados en Fruticultura (CEAF), Rengo, Chile

(6) Universidad de Talca, Centro Tecnológico de Suelos y Cultivos (CTSyc), Facultad de Ciencias Agrarias, Av. Lircay s/n Talca, Talca, Chile

Agriculture is one of the main economic activities in Chile, currently affected by an extensive mega-drought. Water availability is crucial for plant growth and food production. To meet food demand, it will be necessary to implement sustainable production systems, maintaining high yields while minimizing environmental impact, especially on soils. One alternative of growing interest is the use of rhizospheric microorganisms that promote plant growth. Although most studies have focused on improving plant growth through the inoculation of these microorganisms, there is limited information on fruit development, quality, and nutritional value in plants subjected to drought. Therefore, our goal is to analyze the impact of different rhizospheric microorganisms forming consortia and inoculated in tomato plants. To demonstrate growth improvements in tomato plants inoculated with each isolated, we measured physiological traits such as hydric potencial (decrease of 10–30%), stomatal conductance (increase of 10–20%), and foliar growth (increase 30–100%) under drought conditions which allowed us to select the most effective microorganisms to formulate a tripartite consortium including bacteria, yeasts, and arbuscular mycorrhizal fungi (AMF). The consortia has been applied during the nursery stage, and the plants been established in the field under drought conditions to validate the beneficial effect on fruit quality and organoleptic attributes of tomatoes, enabling their differentiation from conventionally grown ones. At this point, we have seen an increase of 20% in fruit production under drought conditions for some consortia. With this study, we aim to generate biotechnological tools to sustainably improve the cultivation of local ecotypes and commercial tomato varieties, whose main production area in central Chile is experiencing the most severe impacts of the mega-drought in the country.

Keywords: PGPR, Bacteria; yeast; AMF; water starvation.

Financing: FONDECYT 1210964, ANID/R23F0003, ANID 21231248.



Detección y cuantificación de indicadores de calidad en productos lácteos elaborados de forma tradicional en zonas rurales de Sinaloa, México.

Melisa Isabel Aguilar Ruelas¹, Gloria Marisol Castañeda Ruelas¹, Dulce Lizeth Bojorquez Ahumada¹, Maribel Jimenez-Edeza¹

(1) Universidad Autónoma de Sinaloa, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Culiacán, Sinaloa, México

Introducción: En México, el consumo de productos lácteos elaborados de forma tradicional en zonas rurales y comercializados en zonas urbanas es una costumbre arraigada. La falta de capacitación de las Buenas Prácticas Higiénicas (BPH) para la elaboración de estos productos, pudiera comprometer su calidad e inocuidad. **Objetivo:** El objetivo de este estudio fue la detección y cuantificación de indicadores de calidad microbiológica en productos lácteos elaborados de forma tradicional en zonas rurales de Sinaloa, México. **Materiales y métodos:** Para ello, se recolectaron 50 muestras de productos lácteos incluyendo queso fresco ($n = 10$), asadera ($n = 10$), nata ($n = 10$), requesón ($n = 10$) y jocoque ($n = 10$). Las muestras se recolectaron en condiciones normales de venta en diferentes mercados localizados en zonas urbanas de Sinaloa. La cuantificación de indicadores de calidad (*E. coli*, coliformes totales y mesófilos) se realizó mediante cultivo microbiológico tradicional y los valores se compararon con las disposiciones de la norma oficial mexicana (NOM-243-SSA1-2010). **Resultados:** *E. coli*, coliformes totales y mesófilos aeróbicos se detectó en el 88 %, 86 % y 96 % de las muestras, respectivamente. Dichas muestras superan el límite microbiológico 2 LOG UFC/g para coliformes y 5.3 LOG UFC/g para mesófilos) dictado por la NOM-243-SSA-2010. El análisis estadístico mostró que la contaminación de estos indicadores en las muestras se asocia con el tipo de producto lácteo ($P < 0.05$). Las muestras de queso fresco fue la categoría con mayor contaminación de *E. coli* (6.21 ± 0.99 UFC/g), coliformes totales (6.63 ± 1.06 UFC/g) y mesófilos aeróbicos (6.65 ± 1.11 UFC/g). **Conclusiones:** Las altas concentraciones de microorganismos indicadores en los productos lácteos elaborados de forma tradicional en zonas rurales advierten del riesgo que corren las personas al consumirlos, por lo que se recomienda recurrir a cursos de capacitación para las personas que se dedican a esta actividad.

Keywords: inocuidad, queso, patógenos, alimento, monitoreo

Financing: No aplica

Acknowledgments: Los autores agradecen el apoyo técnico del personal del Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Microbiológico (LIDiM) de la Universidad Autónoma de Sinaloa.



Prueba Molecular basada en amplificación isotérmica mediada por Bucles (RT-LAMP) para detección temprana de *Mycobacterium tuberculosis* en áreas remotas.

Akemi Tabata¹, Modesto Cruz¹, Carlos Rodriguez Taveras¹, Yohan Reinoso¹

(1) Instituto de Microbiología y Parasitología, IMPA, Facultad de Ciencias, Santo Domingo, Republica Dominicana, Santo Domingo, Santo Domingo, Republica Dominicana

La tuberculosis (TB), causada por *Mycobacterium tuberculosis*, enfermedad reemergente infecciosa antigua. Se encuentra entre las diez primeras causas de muerte en el mundo según la Organización Mundial de Salud (OMS). Se estima que una cuarta parte de la población mundial presenta infección tuberculosa latente. República Dominicana es uno de los países con mayor incidencia casos de TB en la región de Las Américas. Los métodos tradicionales de microscopía de frotis y cultivo de *M. tuberculosis* son poco efectivo para el control de TB, debido al tiempo requerido y las altas concentraciones de bacterias requeridas en la muestra para ser diagnosticadas. La detección temprana y aplicación de un tratamiento eficaz es fundamental para prevenir aparición de cepas farmacorresistentes y por consiguiente es necesario la disponibilidad de nuevos métodos de diagnóstico confiables, simples y rápidos. En ese orden, aplicar una técnica molecular de diagnóstico rápida, sensible y precisa para detección de *M. tuberculosis*, es esencial para el diagnóstico exitoso. En el Instituto de Microbiología y Parasitología IMPA-FC-UASD, utilizamos una técnica novedosa usado en países desarrollados conocido como amplificación isotérmica mediada por bucle (RT-LAMP), con alta sensibilidad y especificidad, muestra resultados al instante y a simple vista. En este contexto, al ser una técnica robusta y poder emplearse en centros sanitarios de difícil acceso, con bajo requisitos de infraestructura de laboratorio, ayuda a reducir los costos y permite estrategias efectivas realizable en países en vía de desarrollo y uso potencial en aplicaciones en el campo y en áreas remotas

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis*, Areas remotas, RT-LAMP, técnica molecular de diagnóstico rápida, enfermedad reemergente infecciosa



ÍNDICE

A

Abanto M, 139, 383, 438, 454, 554

Abarzúa D, 417

Abente S, 40

Abreu Naranjo R, 261

Abril D, 81, 100, 152, 280

Acosta A, 258

Acosta J, 169

Acuña J, 79

Acuña Olivares L, 96

Adell A, 178, 318

Agnetti M, 114

Agüila Ramírez R, 449

Aguilar K, 162, 299

Aguilar P, 176

Aguilar Garnica E, 351

Aguilar Gómez N, 404

Aguilar-Ruelas M, 240, 563

Aguilera Arreola M, 176, 404, 414, 449

Aguirre Garrido J, 511

Aguas F, 194

Aguas Esparza F, 194

Aguila P, 66

Alarcón J, 136, 459

Alba A, 113

Alborés S, 423

Alcaíno J, 153

Alcaíno Gorman J, 297

Alcamán Oyarzo C, 349

Alcántara E, 201, 499

Alcántara Encarnación M, 82, 91, 391

Alcívar León C, 409

Aldama M, 40, 181, 253, 407

Aldama O, 181, 253, 407

Aldana N, 553

Alegoría M, 161

Alexandre Manuel G, 530

Alfonso M, 492

Alfonso Loret de Mola O, 530

Algarra Tavera G, 498

Alger J, 6, 78



Alibayov B, 214

Allard M, 164

Almaguer T, 226, 271

Almeida dos Reis J, 241

Almeida-Souza H, 400

Alvarado M, 380

Alvarado Castro P, 378, 412

Alvarenga N, 42

Álvarez A, 510

Álvarez D, 271

Álvarez Mira D, 83

Álvarez M, 158

Alves A, 85, 222

Amaya F, 543

Ambrosio B, 373

Amorin Pereira W, 116

Amour S, 40

Amparo Grullón R, 47

Anacleto Santos J, 121

Andrade C, 432

Andrade Ñustes C, 246, 274

Andueza F, 105, 133, 468

Angeles González A, 449

Angulo Troncoso J, 255, 357

Antunes F, 329

Anzueto Rios A, 154, 302, 452, 539

Aparicio Ozores G, 150

Apariz G, 297

Aquino E, 27, 391

Aquino Andrade A, 150, 189, 199, 404, 471

Aranaga C, 479

Aranaga Arias C, 558

Arancibia F, 508

Araque J, 133, 468

Aravena C, 136, 173, 211, 265, 515

Aravena D, 265, 515

Araya-Vega P, 192

Arellano-Arellano C, 414

Arenas A, 433

Arenas F, 195, 494

Arenas I, 503

Arenas Lozano M, 184

Arenas-Hernández M, 254

Ares Jiménez M, 333

Arévalos F, 181, 253, 407, 532

Arévalos Ocampos F, 181



Arias B, 142

Arias M, 513

Arias Marín L, 504

Arias-Chávez A, 192

Armando Durant A, 281

Arque G, 321

Arques G, 321, 556

Arrartre E, 98

Arreola M, 175

Arriagada Moreno V, 241

Arrivillaga Henríquez J, 189

Arros P, 78

Arruabarrena A, 509

Arteaga Benites C, 203

Asencio A, 123, 524

Asmat Marrufo P, 203

Aspilcueta Nuñovero R, 554

Avalos Loayza M, 408

Avelar J, 418

Ávila Puentes S, 115

Ávila Vereau E, 203

Ayala Zavala J, 275, 367

Azeredo J, 337

Azpiroz M, 447

B

Baez B, 5, 75

Báez J, 259

Baeza I, 101

Baeza M, 152, 296

Balbuena-Alonso M, 302, 536

Ballesteros M, 161, 298, 308

Ballesteros Monrreal M, 308, 367

Banerjee A, 169, 304, 420

Baptista A, 233

Baptista V, 26, 158

Baquedano M, 389

Barahona S, 152, 296

Barbosa A, 352

Barbosa R, 102

Barker B, 180

Barraco-Vega M, 98

Barra P, 379, 454

Barrera Cubillos G, 484

Barreiero-Alonso A, 62, 66

Barreto M, 439

Barrientos L, 458



Barrientos-Gonzalez P, 413

Barrios Candil S, 484

Barrios H, 406

Barrios Leiva J, 234, 357

Barrios Villa E, 166, 302, 367

Barros D, 205, 248, 396

Barros M, 164

Barros Gamonal M, 95

Bassetti L, 71

Batista F, 92

Battaglia F, 310

Bautista C, 213, 463

Bautista-Hernandez R, 149, 188

Bayona Amaya B, 465

Becerra F, 475

Becerra-Fernández M, 68

Becerra Mejía I, 448

Belenguer J, 556

Belizário L, 324

Belmar Á, 236

Belmont Monroy L, 198

Belmont-Monroy L, 149

Beltrán Lupercio E, 292, 412

Benavides H, 530

Benavides M, 250

Bentancor A, 113, 310

Bentancor L, 338

Berkmen M, 112

Bernal A, 381, 436, 501

Bernal C, 201

Bernal Giraldo A, 381, 436, 501

Bernal Lopez M, 381

Berriel V, 127

Berrueta L, 447

Bhattacharjee D, 213

Biancheti L, 355

Binet Álvarez A, 297, 397

Bini D, 92, 126

Bitencourt J, 205, 248

Blanco Crivelli X, 113, 310

Blanco de Armas M, 375

Blanco Vicente L, 325

Blondel C, 160, 542

Bobadilla Moré D, 531

Bojorquez Ahumada D, 562

Bojorquez-Ahumada D, 239



Boldo X, 463

Boldo León X, 213

Bollati M, 338

Bonilla S, 516

Bonino M, 113

Borgemeister C, 353

Bormida V, 71

Borsanelli A, 243

Boscolo M, 355

Bossa A, 151

Bossa-Castro A, 80

Braule Pinto E, 494

Bravo J, 208

Bravo Granados N, 323

Breyer G, 398

Brindis A, 463

Briones Pérez A, 325

Brito S, 472

Brito-Zapata D, 189

Bruhn A, 507

Bruna P, 382, 410, 454, 458

Burdiles C, 401

Burgos Ramos E, 315

Buschmann A, 410, 458

Bustamante P, 236, 471

Bustos-Hamdan A, 510

Bustos-Martínez J, 86, 143, 370, 510

C

Cabezas F, 319

Cable A, 243

Cabrera Federo C, 26, 158

Cabrera-Fuentes L, 511

Cabrera Rangel J, 276

Cáceres A, 41

Cadavid-Restrepo G, 87, 183, 477

Cádiz M, 196

Cadiz Nuñez L, 482

Caetano A, 324

Cajiao Pedraza A, 79

Calderón Lizana I, 95

Calisto N, 247

Calle A, 50, 505

Calvo M, 507

Camacho F, 168

Camacho-Suntaxi T, 118, 462

Camarillo Castañeda M, 450



Cambiazio V, 78

Camejo M, 544

Camejo T, 544

Campillay Véliz C, 168

Campo Silva F, 226, 405, 473

Campos V, 416, 487

Campoy S, 53

Camps M, 302

Canales-Mormontoy P, 89

Canales Huerta N, 196

Cancela S, 338

Cancino J, 312, 530

Cancino M, 326

Cano Arango J, 244

Carbone-Schellman J, 431

Cárdenas M, 501

Cárdenas O, 309, 490

Cárdenas J, 392

Carcamo Herrera B, 514

Cardenas O, 309

Carnero Canales C, 130, 539

Caro H, 453

Caro N, 439

Caro Hernández P, 453

Carrascal Camacho A, 20

Carrasco-Anabalón S, 181

Carrasco-Guíñez C, 487

Carreño-López R, 253

Carrillo-Beltrán M, 307, 335

Carrillo-Bilbao G, 189

Carrillo Hernández M, 272

Carrión J, 408

Carvajal J, 552

Carvajal R, 530

Carvalho A, 427

Carvalho R, 341

Casas I, 75

Castañeda J, 161

Castañeda Martínez A, 365

Castañeda Ruelas G, 154, 174, 239, 293, 307, 335, 371, 377, 411, 412, 428, 562

Castañeda Espinosa A, 183

Castellanos Corredor J, 80, 151

Castillo A, 169

Castillo L, 201

Castillo-Romero A, 261, 271



Castillo Silva V, 215

Castro A, 421

Castro J, 35

Castro M, 39, 388

Castro Diaz A, 293

Castro-Rosas R, 98

Catrileo D, 527

Caturini E, 310

Caviedes-Triana K, 87

Cavieres G, 101

Cea P, 476

Ceballos Bermudez A, 460

Ceballos Aguirre J, 335, 415

Ccama Sullca A, 394

Ceccato Antonini S, 374, 445, 466

Cejudo Y, 162

Celis-Diez J, 561

Cerda C, 507

Cerda E, 208

Cerdán M, 62

Cesarino I, 286

Chabalgoity A, 338

Chambi Rodriguez A, 376

Chamorro Correa L, 180

Chamorro-Ramírez F, 147

Champi Merino R, 329, 345

Chávez F, 78, 461

Chávez P, 480

Chavéz Silva L, 395

Chavez-Maldonado N, 199

Chavarría M, 179, 391

Chaves-Olarte E, 116

Chiparelli H, 71

Cifuentes P, 24

Cisternas J, 201

Cisternas L, 124

Clase A, 390

Clase M, 490

Claude S, 408

Clavijo V, 20

Clemente B, 265, 266

Coba-Males M, 189

Coche M, 152

Coelho K, 324

Coelho S, 341

Cohen R, 368



Collachagua Echevarría J, 215

Collado L, 118, 462, 551

Colomer J, 185, 364, 368, 494

Comunidad Villa A, 122

Concha J, 326

Concha-Tolosa M, 462

Conill P, 53

Contreras A, 175, 413, 448, 450

Contreras D, 227

Contreras F, 487

Contreras J, 476, 507

Contreras M, 507

Contreras-Quintana S, 155

Coppée R, 31

Coral K, 319

Cornejo P, 561

Coronado-González M, 230, 365

Corredor-Rozo Z, 80, 151

Cortes B, 145

Cortes L, 507

Cortes V, 465

Cortés P, 53

Cortés-Cortés G, 302

Cortés Martínez E, 500

Cortés-Zarate R, 230, 261

Cortes Calderon S, 436

Cortinas M, 71

Costa R, 473

Costa de Souza V, 71

Costa Silva M, 472, 546

Cota L, 473, 541

Covarrubia-Lopez R, 110

Cruz E, 105

Cruz M, 3, 5, 26, 46, 67, 158, 217, 238, 390, 522, 563

Cruz Barrera F, 484

Cruz-Magalhães V, 559

Cruzado Bravo M, 100

Cuartas Granada V, 557

Cuellar J, 283

Cueva Távara M, 222

Cuevas F, 26, 158

Cuiza A, 507

Cunachi A, 330

Cundon C, 113

Cuylaerts V, 225, 270



D

- Da Silva E, 355
- Da Silva J, 374, 466
- Da Silva L, 286, 378
- Da Silva R, 355
- Da Silva S, 85, 125, 328, 442
- Damián, 517
- Dann F, 526
- Dante R, 300
- Dantagnan H, 115
- Dantagnan P, 267
- Darwich Cedeño M, 244
- David A, 161
- Davila Garcia N, 362
- De Baetselier I, 225, 270
- De Cássia Batista F, 92
- De Colsa Ranero A, 149, 198
- De Jesus D, 529
- De La Cruz M, 524
- De La Rosa Garce J, 176
- De Los Campos L, 164, 171
- De Los Reyes Ramos C, 315
- De Melo Teixeira M, 180
- De Moraes Silveira Telles V, 464
- De Oliveira F, 125, 442
- De Oliveira Major R, 529
- De Oliveira Paiva C, 92, 226, 339, 405, 418, 473, 541, 559
- De Sousa Gehrke F, 464, 518
- De Souza F, 559
- Delfraro A, 71
- Delgado M, 379
- Delgado Gardea M, 332
- Delgado Quintero M, 371
- Depintor T, 256
- Desordi J, 243
- D'Vries R, 557
- Díaz H, 519
- Díaz M, 189, 402, 408
- Díaz-Maroto M, 325
- Díaz-Sandoval M, 542
- Díaz Navarrete P, 267
- Díaz B, 160
- Díaz-Ibarrola D, 526
- Díaz Aquino J, 3, 58, 537
- Díaz Martínez M, 356
- Díez P, 65



Diniz G, 339, 473

Disla M, 3, 26, 93, 94, 176

Draper M, 429

Duarte L, 233, 431

Duarte M, 505

Duarte Vieira A, 221, 341

Ducas E, 243

Duque-Granda D, 87

Duque S, 163

Duque Duque F, 244

Duran L, 384

Durán-Quinteros S, 96

Duran Gleriani Primo L, 130

Durán Ortiz J, 387

Durante C, 544

Durante Rodríguez G, 133

Dzul-Beh A, 440

E

Echeverría-Vega A, 169

Enciso-Martínez Y, 166, 367

Enríquez L, 308

Enríquez Morillo S, 189, 402

Enríquez Valencia D, 344, 523

Epalza J, 387

Erazo Cabrera S, 504

Erill I, 53

Errazuriz M, 507

Escalante Avila M, 218

Escobar S, 467

Escobar-Pérez J, 80, 99, 151, 279

Eslava C, 308

Espinoza P, 542

Espinoza Téllez S, 223, 273

Espinoza-Culupú A, 222

Estefanía Barrera Paredes N, 102

Estevez M, 422

Etchissure A, 164

Euceda K, 200



F

- Falcão J, 163
- Falkenberg T, 353
- Falqueto A, 427
- Fançonny C, 30
- Fariña N, 39
- Farfán-López M, 222
- Farias J, 115
- Faustino Vega A, 143
- Felipe M, 233
- Felipe Soares M, 180
- Feliz S, 94
- Fermín C, 4, 123, 524
- Fernandez E, 326, 542
- Fernandez N, 247
- Fernández P, 416
- Fernández K, 208
- Fernandez-Leiro R, 64
- Ferrés M, 254, 356, 507
- Ferrés Garrido M, 356
- Ferreira V, 513
- Figuerola E, 115
- Figuerola J, 526
- Fiore N, 160
- Fleites Vázquez A, 375, 519
- Flores C, 113
- Flores O, 491
- Flores-Castañón N, 169
- Flores-Duarte N, 330
- Florez J, 429
- Florez V, 112
- Florez Guerrero J, 353, 410, 458
- Florentin M, 5, 15, 180, 234, 252, 406
- Folescu T, 368
- Fonseca F, 464, 518
- Fontecha G, 161, 200, 298, 308
- Frabasile S, 71
- Fraga A, 337, 352
- Franco E, 228, 309
- Franco I, 252, 406
- Franco L, 8, 531
- Franco-Gacio A, 62
- Franco Puente E, 287
- Franco-Hernandez M, 413
- Francisco K, 30
- Freitas B, 26, 158



Fritz R, 507

Fuentes J, 172, 210

Fuentes L, 80, 151

Fuentes Y, 475, 534

Fuentes-Luppichini E, 254, 356

Fuentes-Villalobos F, 96, 155, 416

Fulcar M, 212

Furtado J, 464, 518

G

Gacitúa-Fuentes F, 96, 476

Gaiero P, 513

Gaggero A, 35

Galetovic A, 135

Galindo C, 298

Galliazzi A, 513

Gallego Chica A, 263

Gallo Rojas A, 359

Galvan-Xicali D, 536

Galván G, 513

Gálvez M, 78

Gamboa C, 160

Gaona Bernal J, 268

Garay Bernal N, 80, 151

García C, 561

García D, 308

García J, 45, 46, 222

García M, 379, 454

García N, 262

García P, 55

García S, 132

García-Cobian T, 271

García-Ibarra C, 149

García-Laviña C, 535

García-Matamoros Y, 269

García-Mérida K, 253

García-Moraga M, 166

García Alayo F, 219

García Béjar B, 325

García Dueñas S, 100

García Orenes F, 81

García Rico R, 419

García-Cancino A, 96, 155, 495, 530

Gargate Loli B, 329

Gastauer M, 205, 248, 396

Gastelum Chairez E, 404, 428

Gasparotto A, 217, 238



Gavidia Pérez Y, 100

Gayo V, 71

Gehrke F, 464

Gerhardt I, 300

Gil J, 28

Giraldo R, 5

Giraldo Ayerbe J, 146

Godoy A, 301, 451

Godoy L, 527

Godoy-Vitorino F, 37

Gomes E, 355, 418

Gomes M, 372

Gomez A, 82, 156

Gomez D, 156

Gomez-Uchida D, 241

Gomez-Chávez J, 503

Gomez-Luar Z, 175

Gomez-Marín J, 128, 552

Gómez Roa L, 360

Gomez-Roman M, 538

Gómez J, 250, 504

Gómez P, 429

Gomez-Ramírez U, 413

Gonçalves A, 26, 158

Gonçalves P, 243

González A, 169, 247, 509

González L, 544

González P, 264, 431, 561

González C, 259

González-Arcos M, 509

González-Aguilar G, 275, 367

Gonzales Barrón U, 376

Gonzales Escalante E, 345

Gonzalez-Duverge N, 212

González-García Y, 272, 350

González-García S, 510

González-Morales J, 462, 551

González-Rocha G, 181, 191, 241, 305, 549

González-Siso M, 68

González-Suárez M, 189

Gonzaga Aguilar K, 336

Gordillo Rodas G, 291

Gracia A, 491

Gradillas-Valdez D, 166

Graf J, 507

Grajales Suaza A, 552



Grau L, 39, 531

Gresh L, 71

Grim C, 505

Guardado Yordi E, 260

Guarimata J, 408

Guaraldi A, 221, 341

Guerra S, 402

Guerrero A, 406

Guerrero Florez M, 353

Guevara A, 406

Guevara Pineda H, 394

Guevara Rubio M, 153

Guevara Gutierrez Z, 498

Guevara Castillo J, 244

Guevara-Martínez S, 271

Guillen R, 39, 41, 357

Gusmão N, 102

Gutiérrez O, 270

Gutierrez J, 362

Gutierrez Ortega A, 268

Gutierrez-Rubio S, 261, 271

Gutiérrez Ortega J, 350

Guzman K, 288, 343

Guzman Castro N, 344, 523

H

Hahn I, 39

Ham Tirado A, 417

Hamdan-Partida A, 143, 147, 370, 510

Hammerl J, 117, 346

Härtel S, 196

Helguera Repetto A, 497

Henao Herreño L, 20

Henriquez D, 267

Heras Cervantes M, 350

Heredia Moya J, 408

Hernandez A, 115

Hernandez E, 436

Hernandez M, 298

Hernandez P, 517

Hernandez-Castro R, 446

Hernández-González K, 520

Hernandez Martich J, 123, 524

Hernandez-Solis S, 192, 333

Hernández Alcántara N, 381

Hernández Díaz L, 377, 411



Hernández Vera F, 95

Hernández Villamizar S, 20

Hernández R, 37, 463, 519

Herrera-Chávez N, 305

Herrera-Muñoz M, 511

Hiett K, 163

Hidalgo A, 288, 343

Hidalgo C, 389

Hidalgo H, 482

Hidalgo Badilla D, 391

Higuera G, 160

Higuera Martínez G, 153, 451

Hoerauf A, 353

Huaiquimil V, 138

Huapaya K, 124

Hübner M, 353

Huertas Gerena A, 331

Huentemilla I, 177, 317

Hunter F, 217, 238

Hurtado Flores J, 394

I

Ibañez C, 386

Iglesias G, 491

Iglesias Sánchez L, 203

Ignación León Y, 443

Ilabaca C, 160

Ilabaca-Carrasco F, 549

Illicachi Romero L, 557

Insuasty Chamorro B, 557

Insuasty Delgado D, 557

Intiquilla A, 89

Iñiguez-Moreno M, 230

Iriarte A, 516

Irles P, 385

Islam K, 212

J

Jäckel C, 117

Jacobo-Cuevas H, 230

Jarama Soto B, 345

Jeison D, 124

Jesus D, 529

Jimenez-Edeza M, 154, 174, 239, 293, 307,
335, 371, 377, 411, 412, 428, 562



Jiménez Q J, 22, 195

Jiménez-Aliaga K, 89

Jiménez Cid V, 104

Jiménez-Vargas S, 109

Johnson N, 392

Jop Vidal A, 213

Juárez-Contreras S, 86, 147, 370

Juárez Hinojos D, 403

Juárez-Ramírez M, 503

Juárez Rodríguez M, 417

Junca H, 5, 87

Illicachi Romero L, 557

Insuasty Chamorro B, 557

Insuasty Delgado D, 557

Intiquilla A, 89

Iñiguez-Moreno M, 230

Iriarte A, 516

Irles P, 385

Islam K, 212

K

Kalergis A, 431

Kanjungo A, 30

Kawabata Inowe A, 234

Kegele F, 368

Khaleque H, 140

Kirchmayr M, 230, 520

Klein M, 489

Kollah Steinken D, 180

Komurian-Pradel F, 39

Kruger G, 35

Kusch C, 35

L

Labra-Lopez L, 199

Lagström S, 28

Lainez Arteaga I, 298

Lama-González E, 192, 333

Lamas-Maceiras M, 62

Lana U, 92, 300, 418

Landázuri P, 331

Laport M, 433

Lapponi M, 491

Lara-Moreno A, 162, 469

Lara-Ortega M, 536

Larama G, 379, 513



Laurenti M, 498

Lavecchia M, 408

Laviña M, 535

Leal A, 279

Leal R, 279

Leão R, 185, 364, 368, 372, 494

Lecorre N, 507

Leiva S, 361

Lemos P, 433

Léon Y, 132

Léon Ayala M, 234

Leopoldo G, 491

León-Tovar M, 370

Levaro Loquio D, 153, 451

Lezcano V, 406

Leyton B, 410, 458

Leyton-Carcaman B, 410, 553

Lima A, 105, 337

Lima C, 241

Lira-Velasquez D, 110

Llagostera M, 53

Llancaqueo A, 507

Llanes R, 225, 270

Llanos J, 135

Loango Chamorro N, 146, 263, 283, 291, 331, 474

Loera Piedra A, 448

Lopes E, 48

Lopez D, 128, 189, 379

Lopez M, 502

Lopez R, 298, 507

Lopez-Cantillo M, 118

López-Cruz L, 109, 199, 441, 511, 536

López-Goñi I, 8

López López H, 293

López Merino M, 322

López Pérez T, 120

Lopez Romero J, 166

Lora D, 91

Lora Suarez F, 128, 146, 263, 283, 291, 474, 486, 552

Lozano M, 491

Lozano-Zaraín P, 166, 302

Lucheta A, 205

Lucumí Moreno A, 453

Luna L, 443

Luna Herrera J, 448



Luna Espinoza L, 394

Luna-Landa I, 199

M

Machado H, 337, 352

Machado Zaldívar L, 375, 519

Machuca-Saavedra D, 277

Madrid R, 232

Mafla Andrade S, 480

Maldonado Pérez H, 440

Maldonado Guerrero E, 336

Mandakovic D, 232

Manríquez Cuadra I, 191, 241

Manta B, 112

Mantilla Moreno A, 294

Manuel G, 161

Manzano R, 207, 269

Manzano Villanueva R, 322

Marcoleta A, 78, 461

Mardones Verdugo V, 241

Marins M, 226, 418, 541, 559

Maroto L, 309

Marquez-Ortiz A, 99

Marques E, 185, 368, 372, 472, 494, 546

Marriel I, 92, 418, 541, 559

Martin Solano S, 189

Martínez C, 537

Martinez J, 385

Martinez O, 279

Martínez Carrera D, 463

Martínez Chavarría L, 446, 503

Martínez Díaz S, 448

Martinez Gomez M, 71

Martínez-Jarquín H, 503

Martínez Palacios C, 107

Martínez-Mártinez J, 62

Martínez-Revuelta S, 62

Martínez de la Peña C, 218, 253, 290

Martínez Ruiz F, 143

Martínez Rodríguez P, 437

Martínez Téllez M, 367

Mascarenhas M, 28

Mastzker G, 355

Mata-Sotres J, 86

Mataix Solera J, 81

Mateus de Jesus D, 529



Mathias A, 464, 518

Matos D, 228

Matos Caetano A, 324

Matute D, 180

Maturrano Hernández A, 394, 443

Matus Kohler M, 181, 191, 241, 305, 549

McNutt E, 112

Medders A, 213

Medina-Camacho E, 268

Medina-Vera I, 149

Mejia C, 484

Mejía D, 480

Mejía Maldonado C, 484

Melendez Musaurieta L, 237

Melet L, 392

Melgarejo A, 250

Melogno G, 164, 171

Mencia Monsanto Hernandez A, 90

Méndez H, 470

Méndez Morales I, 244

Méndez Rico J, 71

Méndez Tenorio A, 424

Mendina M, 429

Mendoza B, 330

Mendoza M, 501

Mendoza K, 308

Mendoza Torres F, 290

Meneguín A, 262

Meneses Jácome A, 387

Mera A, 328

Mera M, 480

Mera Ruano S, 183

Merchan Ignacio F, 162, 469

Merida-Vieyra J, 149, 188, 198, 403, 470

Merino C, 379

Merino Duque M, 408

Mesa-Marin J, 330

Mesquita J, 540

Meza L, 219

Meza R, 406

Meza Contreras J, 272

Meza Muñoz C, 169

Mideros Bastidas M, 501

Miguel I, 4, 26, 158

Miguez-Amil S, 64

Milagres A, 142



Milenkov M, 39

Miller J, 505

Molina A, 189, 402, 431

Molina B, 222

Molina S, 530

Molina V, 410

Molina Berrios A, 431

Molina Hidalgo C, 189

Molina Ramos B, 222

Molina-Salinas G, 440

Mondlhane C, 561

Monirul Islam K, 212

Monsanto Hernandez A, 90

Montalva C, 551

Montealegre J, 552

Montejo Gaitán F, 245, 273

Montenegro Ruiz L, 244

Montero-Vallejo R, 162

Montes K, 298

Mora D, 179, 391

Mora M, 399

Mora Rojas D, 179

Mora-Lagos B, 169

Morales Lopez L, 20

Morales-León F, 305

Morales Estrada A, 450

Morales-Álvarez E, 283

Moreira M, 102

Moreira Marrero L, 71

Morel M, 127, 187

Morel Revitria M, 127

Moreno A, 275, 497

Moreno J, 281

Moreno K, 526

Moreno Ulloa A, 275

Moreno González A, 497

Moreno Herrera C, 87, 183, 477

Moreno Morales G, 443

Morera G, 386

Mosqueda-Cejudo Y, 469

Mourglia G, 422

Munguía R, 207

Munguía Pérez R, 207, 269, 322

Muñoz C, 298

Muñoz G, 552

Muñoz J, 431



Muñoz Plaza M, 237

Muñoz Ramírez Z, 332

Muñoz-Hernández J, 101

Muñoz-Miranda L, 230, 365, 520

Muricy G, 433

Murin L, 213

Musleh S, 241

N

Nagai Oji C, 234

Naranjo Benavides H, 408

Nascimento C, 374, 546

Narváez Castillo W, 189

Nava-Valdivia C, 230, 365, 520

Navarro A, 367

Navarro-Torre S, 330

Navarro Martínez N, 105, 196

Navarrete F, 482

Negro R, 71

Neira G, 140

Neira H, 476

Nero L, 50, 427, 528

Ngando J, 529

Nieves F, 544

Nogueira-Prieto N, 68

Nole A, 319

Nossol A, 399

O

Obregon Alvarez D, 156

Ocaña-Mayorga S, 189

Ochoa S, 336, 551

Ochoa Ramírez S, 80, 151, 497

Ojeda González J, 275

Olarte Escobar N, 80, 151

Olea López K, 307, 335

Olivares J, 5, 110, 155, 476

Olivares-Cervantes A, 413

Olivares-Muñoz J, 96, 155

Oliveira C, 559

Oliveira F, 125, 442

Oliveira M, 28

Oliveira T, 243

Oliveira Moura Junior A, 341

Oliveira-Paiva C, 92, 226, 339, 405, 418, 473, 541, 559

Oliver J, 429

Oliveros Rojas J, 381



Oliveros Garavito D, 557

Olmedo P, 561

Ons S, 475

Opazo-Capurro A, 181, 191, 305, 549

Ordoñez A, 236

Orellana D, 561

Orellana O, 533

Orlando J, 379

Ormeño C, 169

Orozco S, 344, 523

Orozco Acosta A, 554

Orozco Lopez S, 344

Orrego V, 157

Orrego Miranda M, 234

Ortega A, 519

Ortega-García J, 166

Ortiz B, 161, 298, 308

Ortiz F, 157

Ortiz J, 135

Ortiz J, 391

Ortiz J, 419

Ortiz-Lazareno P, 230, 520

Ortíz García C, 463

Ortiz-Ríos S, 199

Oses R, 379

Osório N, 26, 158

Ostocchi F, 544

Otero J, 53

Othon Diaz E, 275

Ozuna G, 93

P

Pabón Figueroa L, 288, 343

Pacheco dos Reis D, 541

Pacheco Yépez J, 153, 301, 451, 500, 538

Packer M, 464

Padjondaka K, 30

Paino Perdomo O, 340

Pajuelo E, 330

Palacios García Y, 146, 474

Palisson-Kramer M, 177, 317

Palma A, 498

Palma-Fluxá P, 277

Palomino Huarcaya R, 215

Palop Herreros M, 313, 315

Pantano S, 112



Pantoja R, 286, 378

Parada J, 401

Parada Fabián J, 424

Parčina M, 353

Pardo L, 429

Paredes Esparza R, 389

Paredes-Páliz K, 330

Parra A, 542

Parra L, 267

Parra Ortega I, 413

Parra Florez L, 504

Partida-Martinez L, 276

Passos A, 324

Pastorini M, 491

Pavan F, 130, 539

Pavez M, 326, 437

Payano Medina S, 90

Pazos Moncayo A, 288, 343

Pedrosa J, 337, 352

Peña J, 439

Peña C, 217, 238

Peña-González E, 147

Peña Millán M, 245, 273

Peña-Raddatz C, 549

Peña C, 80

Peñailillo N, 561

Peñuelas Alvarez A, 377, 411

Peralta Perez M, 332

Perdomo A, 505

Perdomo C, 279

Pereira B, 164

Pereira G, 5, 258

Pereira J, 5, 11, 406

Pereira L, 265, 266

Pereira P, 431

Pérez C, 59

Pérez G, 429

Pérez J, 236

Pérez R, 71, 507, 561

Pérez-Atehortúa M, 115
(Acknowledgments)

Pérez-Mártinez J, 62

Pérez-Moncada U, 561

Pérez-Muñoz R, 344

Pérez-Ramos J, 510

Pérez-Villalobos V, 236, 471

Pérez Guevara M, 375, 519



Pérez Martínez A, 260

Petit H, 228, 309, 490

Pezoa Aros D, 542

Piccini C, 516

Pico Reyes J, 245, 273

Pico-Rodríguez J, 446, 503

Picolo B, 399

Piedra P, 165

Pieringer H, 24

Pillajo C, 467

Pineda A, 13, 157, 180, 252, 406

Pineda Díaz Y, 517

Pinchetti-Veas M, 277

Pino N, 177, 317

Pinos Y, 507

Pinto A, 200

Pinto Tokuda E, 211

Pinzón-Esquivel J, 440

Pires L, 243

Plasencia A, 225

Plaza V, 201

Poblete Ahumada G, 101

Poey M, 447, 535

Polveiro R, 399

Ponce de León I, 509

Pontes N, 240

Porta S, 321, 556

Portella D, 546

Posada J, 477

Possebon F, 528

Póvoa H, 341

Poveda Colado J, 313

Poveda Gabaldón A, 189, 408

Pradenas Mateluna J, 254, 356

Prado Y, 172, 210, 264, 514

Prado Galbarro F, 413

Pulecio Mendez C, 501

Pulgar R, 232

Q

Queiroz M, 364

Querol-Audi J, 281

Quijano Orejarena M, 294

Quintana M, 257

Quintana S, 452



R

Rabelo E, 185, 364, 368, 372, 494

Racedo Pulido C, 381

Radice M, 260

Raffaelli S, 422

Ramírez L, 225, 270

Ramírez Tixe E, 100

Ramírez Gomez F, 453

Ramírez-Riffo C, 507

Ramírez-Mata A, 334

Ramírez Roca P, 222

Ramos M, 98

Ramos R, 228, 309, 490

Ramos Acevedo H, 254, 356

Ramos Cabrera P, 80, 151

Ramos Gorbeña J, 211, 219, 237, 395, 554

Ramos Rodríguez N, 80

Randazzo C, 427

Rangel-Velázquez S, 230

Räpple R, 353

Reinoso T, 46

Reinoso Y, 563

Relvas Chaves C, 540

Remonsellez F, 35

Reyes F, 168

Reyes-Apodaca M, 413

Reyes Caldas P, 436

Reyes Cortés R, 107

Reyes García J, 432, 552

Reyes-Méndez F, 542

Reyes-Carmona S, 334

Reyna López L, 203

Reynoso G, 4, 5

Rezende A, 28

Rezende E, 101

Rivas M, 124

Rivas-Carrasco R, 305

Rivas Narrea J, 219

Rivera C, 122

Rivera D, 18, 481

Rivera L, 200, 308

Rivera-Rodriguez K, 222

Rivera Barreto J, 260

Rivera Vivanco M, 120

Riveros N, 247

Riveros Rodriguez B, 461



Rizik H, 388

Roa Angulo V, 223, 245, 273

Robino L, 105

Roberto I, 384

Rocha C, 84, 452

Rocha H, 185, 364, 368, 494

Rocha T, 546

Rocha-Gracia R, 253, 302

Rodríguez A, 84, 352

Rodríguez C, 104, 132, 212, 467

Rodríguez J, 450

Rodríguez M, 93

Rodríguez R, 379

Rodríguez S, 71, 278

Rodríguez X, 392

Rodríguez Bustos A, 223, 245, 273

Rodríguez-Belmonte E, 62

Rodríguez-Llorente I, 330

Rodríguez Mantilla C, 436

Rodríguez-Taveras C, 3, 8, 482, 563

Rodrigues L, 399

Rodrigues V, 92, 405, 473

Rogers Alcalde C, 254, 356

Rojas M, 511

Rojas Contreras L, 79, 419

Rojas León R, 329, 345

Rojas Perdomo L, 234

Rolón Rojas M, 294

Romano P, 205, 248, 396

Romero-García X, 199

Romero Vargas A, 215

Roque Borda C, 130, 539

Rosa H, 185, 364, 368, 494

Rosadio Alcántara R, 394, 443

Rosales-León J, 292

Rossi C, 433

Rubilar O, 401

Rubio J, 250

Rubio Vasquez S, 222

Rueda Forero N, 323

Rueda-Gordillo F, 192, 333

Ruiz L, 276

Ruiz P, 227

Ruiz Castillo E, 175

Ruiz De la Cruz M, 524

Ruiz-Rios L, 276



Russi F, 164, 171

Russomando G, 39

S

Sá P, 546

Saavedra C, 35

Sábio R, 539

Saegerman C, 408

Salas C, 201

Salazar L, 195

Salazar O, 259

Salazar Y, 28

Salazar Kuri U, 207, 322

Salazar Ríos A, 504

Salazar-Salas F, 542

Salazar Téllez C, 79

Saldaña Cruz A, 520

Sales-Salinas N, 431

Saldivar M, 379

Salinas J, 207, 269

Salinas Hernández J, 322

Sanches dos Santos Sant'Anna L, 341

Sanchez F, 490

Sanchez J, 498

Sanchez Z, 39

Sánchez K, 96, 476

Sánchez-Alonzo K, 96, 476

Sánchez Monroy V, 500

Sánchez Pérez L, 143

Sánchez Ramírez B, 332

Sánchez Rodríguez R, 193

Sánchez Sosa S, 417

Sandoval M, 257

Sanin M, 113

Santamaría Aguirre J, 408

Santander C, 561

Santelices J, 507

Santiviago C, 542

Santos A, 286, 378

Santos B, 405

Santos C, 493

Santos-Ebinuma V, 125, 442

Santos Pereira A, 158

Santos Ruiz P, 497

Sarkar S, 304

Sarrazin A, 385

Sasputa P, 30



Saucedo-Plascencia M, 271

Scalvenci L, 260

Scavone P, 33, 105, 196, 429

Schüller A, 254

Scialfa I, 491

Scotti F, 113

Seel W, 353

Sepúlveda B, 169

Sepulveda Galeano V, 291

Sepúlveda M, 135

Sepúlveda X, 475

Serna-Gallego A, 162, 469

Serrano Luna J, 500

Seseña Prieto S, 315

Sevilla Navarro C, 133

Silva C, 475

Silva D, 475, 534

Silva E, 528

Silva J, 364

Silva M, 205, 248, 396

Silva P, 205

Silva R, 205, 248, 396

Silva T, 433

Silva jaimes M, 376

Silva Moreira A, 399

Silva Sayago J, 294

Simaluiza Masabanda J, 336

Simari M, 491

Simão F, 185, 364, 368, 494

Simon F, 172, 210, 264, 514

Simon M, 353

Siqueira F, 398

Soares S, 163

Solarco M, 218

Solís Rentería A, 332

Solorzano P, 279

Soriano-Mora V, 542

Sosa W, 250

Sosa Del Castillo D, 547

Sosa-Ochoa W, 498

Sossai Possebon F, 528

Sotelo Torres P, 43

Soto Y, 236

Sousa e Cunha S, 337, 352

Sousa Marins M, 226, 418, 541, 559

Souza L, 427



Stowhas T, 561

Suarez Monroy M, 244

Suarez Suarez C, 156

Suárez Barrera M, 323

Sucari A, 5

Suero A, 91, 108

Sulbaran-Bracho Y, 385

Sustaita-Alcaráz S, 230

T

Tabata A, 4, 26, 67, 93, 158, 217, 238, 390, 522, 563

Takaki G, 102

Tapias Rivera J, 362

Tapia Manrique E, 215

Taucán Alarcón I, 277

Taveras D, 93, 94, 176

Tedilla-Beltrán H, 253

Thompson Sanhueza D, 382

Tibatá V, 5

Tinajero-Arteaga J, 276

Tinoco S, 92, 300, 418

Tinoco-Cabral C, 365, 520

Tisalema E, 319

Tobar J, 172, 210

Toledo J, 487

Toledo V, 542

Tomanik Packer M, 464, 518

Tomasco I, 447

Torres C, 236, 241, 549

Torres G, 353

Torres P, 482

Torres-Bustos C, 549

Torres Lucas J, 460

Tortella G, 401

Traverso L, 475

Trevizan C, 280, 489

Triviño Valencia J, 128

Trujillo S, 547

Tyski L, 205

U

Uc-Cachón A, 440

Ulloa M, 196

Umpierrez M, 164, 171

Undurraga E, 177, 317

Urbano Moreno Morales G, 443



Ureña-Carrasco D, 469

Uribe-Paredes R, 247

V

Vaca F, 402

Valdebenito H, 495, 530

Valdebenito I, 115

Valderrama Márquez I, 80, 151

Valdes J, 35

Valdés J, 140

Valdivia G, 35

Valdivia H, 498

Valdivia Contreras N, 208

Valdivia-Nava C, 230, 520

Valencia B, 236

Valencia D, 367

Valenciano F, (No encontrado en el texto)

Valenzuela A, 5

Valenzuela F, 169

Valera M, 544

Valiente F, 5, 35

Valiente-Echeverría F, 73

Valle D, 319

Valle Verdugo L, 412

Varela R, 478

Vargas C, 542

Vargas M, 475, 534

Vargas López C, 261

Vargas Ossa J, 344, 523

Vargas A, 228

Vasquez C, 228

Vasquez G, 498

Vasquez J, 177, 317

Vasquez N, 422

Vásquez G, 161, 308

Vásquez de Díaz M, 294

Vásconez Noguera S, 193

Vaz Juari P, 127

Vazquez M, 535

Vega J, 278

Veiga M, 4, 5, 8, 26, 30, 158

Velasquez- Juarez G, 271

Velázquez-Martínez G, 301, 500

Velázquez Silva A, 290

Velasco Yopez E, 286

Velázquez Guadarrama N, 175, 413



Veloso C, 152

Ventura Ferreira B, 541

Vera E, 547

Vera-Otarola J, 254

Verástegui Vega J, 215

Vergara C, 208

Vergara E, 140

Vico P, 516

Vidal E, 392

Vidal J, 213, 227

Vidal-Veuthey B, 392

Vieira A, 221, 341

Vielma J, 547

Villeda Barahona A, 298

Villeda-Gabriel G, 413

Villegas D, 480

Villegas M, 326

Villegas Beltrán M, 335, 415

Villalona F, 91, 108

Villamizar Rivero L, 484

Villanelo F, 392

Villanueva-García D, 413

Villarreal J, 429

Vinent M, 270

Vinueza Burgos C, 408

Viser L, 323

Vivero-Gomez R, 87, 183

Vizoso Vazquez A, 5, 62, 67, 522

von Zeska Kress M, 84

W

Watkin E, 140

Weiler N, 157

Wolter-Salas S, 177, 317

X

Xavier T, 185, 364, 368, 494

Xifra Marchuk S, 113

Xiqui-Vazquez M, 334

Y

Yamatogi R, 50, 528

Yim L, 338

Yupangui Lucero J, 260

Z

Zabala Parreño A, 193

Zambrano A, 361



Zamorano A, 160

Zamudio Sainz M, 285, 371

Zamudio-Ojeda A, 271

Zapata M, 124

Zárate Riveira A, 410, 458

Zavaleta A, 89

Zavaleta Verde D, 203

Zegpi Delgado N, 495, 530

Zelaya C, 177, 317

Zimmerman B, 436

PATROCINADORES



SOCIEDADES CIENTÍFICAS



ALAM
2025



XXVII CONGRESO
LATINOAMERICANO
DE MICROBIOLOGÍA

SANTO DOMINGO - REPÚBLICA DOMINICANA

12-14 Noviembre 2025